

Universidad Miguel Hernández de Elche

**MASTER UNIVERSITARIO EN
ROBÓTICA**



**“ESTIMACION DE LA EVOLUCION
DEL COVID-19 MEDIANTE
ALGORITMOS GENETICOS”**

Trabajo de Fin de Máster

2022/2023

Autor: Óscar Rodríguez Mompeán
Tutor: Óscar Reinoso García
Tutor: José Luis Sainz-Pardo Auñón

INDICE GENERAL

1. Resumen
2. Estructura, Introducción, Objetivos y Motivación
 - 2.1. Estructura
 - 2.2. Introducción
 - 2.3. Objetivos
 - 2.4. Motivación
3. Antecedentes
 - 3.1. Estado del arte
 - 3.1.1. COVID-19
 - 3.1.2. Modelos Epidemiológicos
 - 3.1.3. Algoritmos de Optimización
4. Modelo SEIR
 - 4.1. Introducción al modelo SEIR
 - 4.2. Ecuaciones modelo SEIR
 - 4.2.1. Ecuación Susceptibles
 - 4.2.2. Ecuación Expuestos
 - 4.2.3. Ecuación Infectados
 - 4.2.4. Ecuación Recuperados
5. Algoritmos genéticos
 - 5.1. Introducción a los algoritmos genéticos
 - 5.2. Estructura de los algoritmos genéticos
6. Evolución diferencial
 - 6.1. Introducción a la Evolución diferencial
 - 6.2. Explicación Evolución diferencial
7. Adaptación propuesta del modelo SEIR y del algoritmo de Evolución Diferencial
 - 7.1. Codificación y generación de la población inicial
 - 7.2. Modelo SEIR
 - 7.3. Algoritmo Evolución Diferencial
8. Resultados
 - 8.1. Análisis Descriptivo
 - 8.2. Estimación de los parámetros del modelo SEIR
 - 8.3. Estimación de los parámetros del modelo SEIR por tramos
 - 8.4. Estimación de los parámetros del modelo SEIR fijando los valores de ϵ y según lo visto en la realidad
9. Conclusiones
10. Líneas futuras
11. Bibliografía
12. Anexos

INDICE DE FIGURAS

Figura 1. Estructura coronavirus	6
Figura 2. Modelo SIR	7
Figura 3. Modelo SIR con defunciones y nacimientos.....	7
Figura 4. Modelo SIS	7
Figura 5. Modelo SIRS	8
Figura 6. Modelo SEIS	8
Figura 7. Modelo SEIR.....	9
Figura 8. Modelo MSIR	9
Figura 9. Modelo MSEIR.....	9
Figura 10. Modelo SEIR básico	10
Figura 11. Modelo SEIR final	10
Figura 12. Modelo SEIR general.....	11
Figura 13. Ecuación diferencial individuos susceptibles.....	12
Figura 14. Ecuación diferencial individuos expuestos	12
Figura 15. Ecuación diferencial individuos infectados	12
Figura 16. Ecuación diferencial individuos recuperados.....	13
Figura 17. Ejemplo de reproducción	15
Figura 18. Ejemplo de mutación.....	16
Figura 19. Diagrama Evolución Diferencial.....	18
Figura 20. Composición de los individuos	21
Figura 21. Casos Activos de COVID-19 en España.....	23
Figura 22. Casos por día de COVID-19 en España.....	24
Figura 23. Casos totales de infectados por COVID-19 en España.....	24
Figura 24. Muertes por día de COVID-19 en España	25
Figura 25. Muertes totales por COVID-19 en España.....	25
Figura 26. Casos Activos reales de COVID-19 en España	27
Figura 27. Estimación de casos Activos de COVID-19 en España.....	28
Figura 28. Casos Activos reales y estimados de COVID-19 en España	28
Figura 29. Infectados primera parte.....	30

Figura 30. Estimación infectados primera parte	30
Figura 31. Infectados reales y estimados primera parte	30
Figura 32. Infectados segunda parte	31
Figura 33. Estimación infectados segunda parte	31
Figura 34. Infectados reales y estimados segunda parte.....	32
Figura 35. Infectados tercera parte	32
Figura 36. Estimación infectados tercera parte	33
Figura 37. Infectados reales y estimados tercera parte	33
Figura 38. Infectados cuarta parte	34
Figura 39. Estimación infectados cuarta parte.....	34
Figura 40. Infectados reales y estimados cuarta parte	35
Figura 41. Infectados reales de COVID-19 en España.....	36
Figura 42. Estimación de infectados reales de COVID-19 en España	36
Figura 43. Infectados reales y estimados de COVID-19 en España.....	37
Figura 44. Infectados reales primera parte	37
Figura 45. Estimación de infectados primera parte	38
Figura 46. Infectados reales y estimados primera parte	38
Figura 47. Infectados reales segunda parte.....	39
Figura 48. Estimación de infectados segunda parte	39
Figura 49. Infectados reales y estimados segunda parte.....	39
Figura 50. Infectados reales tercera parte	40
Figura 51. Estimación de infectados tercera parte.....	40
Figura 52. Infectados reales y estimados tercera parte	41
Figura 53. Infectados reales cuarta parte	41
Figura 54. Estimación de infectados cuarta parte.....	42
Figura 55. Infectados reales y estimados cuarta parte	42

INDICE TABLAS

Tabla 1. Resumen Muestral	26
Tabla 2. Resultados 1	27
Tabla 3. Resultados primera parte	29
Tabla 4. Resultados segunda parte	31
Tabla 5. Resultados tercera parte.....	32
Tabla 6. Resultados cuarta parte.....	33
Tabla 7. Resultado general	36
Tabla 8. Resultados primera parte	37
Tabla 9. Resultados segunda parte	38
Tabla 10. Resultados tercera parte.....	40
Tabla 11. Resultados cuarta parte.....	41

INDICE ALGORITMOS

Algoritmo 1. Modelo SEIR	21
Algoritmo 2. Evolución Diferencial	22

1.Resumen

En este documento vamos a calcular los parámetros de un modelo SEIR, el cual usaremos para predecir la evolución de la COVID-19 en España durante un periodo determinado que comprende desde el día 1 de noviembre de 2021 hasta el día 22 de marzo de 2022. Para ello, emplearemos el algoritmo de optimización conocido como Evolución diferencial. A lo largo de este documento vamos a analizar la historia de la pandemia reciente, provocada por la COVID-19, que tanto daño a causado en todo el mundo. Posteriormente, vamos a explicar los modelos epidemiológicos que se utilizan para analizar el comportamiento de este tipo de epidemias según las características que presentan, seguidamente, vamos a explicar en qué consisten los algoritmos genéticos y, entre ellos, el funcionamiento del algoritmo de evolución diferencial. Para comprobar el funcionamiento, tanto de los modelos epidemiológicos como de la evolución diferencial, vamos a realizar una estimación de los parámetros del modelo epidemiológico SEIR utilizando la técnica de evolución diferencial para, posteriormente usarlos en el cálculo del número de infectados por la enfermedad para cada día en el periodo de tiempo mencionado antes y, compararlo con el dato de infectados real.

2.Estructura, Introducción, Objetivos y Motivación

En este capítulo se van a abordar, en primer lugar, una estructura de la composición capítulo a capítulo de este TFM, posteriormente una introducción al tema propuesto, los objetivos a llevar a cabo durante este trabajo de fin de master y, la motivación personal para realizarlo.

2.1. Estructura

Antes de comenzar con el trabajo fin de master, vamos a ver en este apartado como va a ser la estructura de este. Este TFM va a estar desglosado en 11 apartados o capítulos.

Capítulo 1 (Resumen). En este capítulo se realiza un breve resumen del contenido de este TFM.

Capítulo 2 (Estructura, Introducción, Objetivos y Motivación). En este segundo capítulo, se realizará una pequeña introducción, para poner en contexto el pasado en cuanto a pandemias que han existido y la ventaja de las tecnologías al realizar cálculos complejos, también se expondrán los objetivos a cumplir en este TFM y las motivaciones para llevarlo a cabo.

Capítulo 3 (Antecedentes). En este capítulo se expondrá como se encuentra la situación actualmente, lo sucedido con la pandemia de la COVID-19, su funcionamiento a la hora de contagiar y reproducirse y los modelos epidemiológicos para analizar su funcionamiento.

Capítulo 4 (Modelo SEIR). Este capítulo trata de analizar el modelo epidemiológico escogido para la parte práctica del TFM, el modelo SEIR.

Capítulo 5 (Algoritmos genéticos). En este apartado introduciremos el concepto de algoritmos genético y explicaremos de que tratan.

Capítulo 6 (Evolución diferencial). Aquí veremos en profundidad el algoritmo Evolución diferencial, elegido para estimar los parámetros del modelo epidemiológico.

Capítulo 7 (Adaptación propuesta del modelo SEIR y del algoritmo de Evolución Diferencial).

En este apartado analizaremos el código utilizado en el apartado práctico, explicando su funcionamiento y algunas peculiaridades introducidas.

Capítulo 8 (Resultados). En este capítulo realizaremos la parte práctica del proyecto, explicando en profundidad de que se trata y analizando los resultados obtenidos.

Capítulo 9 (Conclusiones). En este punto expondremos las conclusiones basándonos en los resultados obtenidos en el capítulo 8.

Capítulo 10 (Líneas futuras). Se expondrán posibles proyectos posteriores a partir de este TFM.

Capítulo 11 (Bibliografía). Aquí se indican los documentos y páginas consultadas para extraer información o que han servido de apoyo en la realización de este TFM.

Capítulo 12 (Anexos). En este apartado, se muestran todas aquellas aportaciones que no tienen una clara ubicación en ningún apartado, pero, contribuyen a la realización de este TFM.

2.2. Introducción

A lo largo de la historia han surgido diversas pandemias que han puesto en peligro la continuidad de la especie humana, como fueron La peste negra a mediados del siglo XIV en Europa, para la que tardaron aproximadamente 500 años en descubrir su origen y que causo 50 millones de muertes o, La gripe española que surgió al mismo tiempo que se desarrollaba la Primera guerra mundial y, causo 20 millones de muertes, aunque podrían haber sido muchas más. Hoy en día, estamos viviendo la pandemia de la COVID-19, pero, a diferencia de las anteriores pandemias, esta cuenta con el apoyo de la tecnología.

Los avances tecnológicos han permitido aplicar cálculos en algoritmos recursivos que necesitan de una alta capacidad de computación. Esto permite que los modelos epidemiológicos puedan analizar el comportamiento de las enfermedades para un periodo de tiempo mucho mayor, sin tener que llevar a cabo grandes esperas en el cálculo.

2.3. Objetivos

En este apartado vamos a hablar de los objetivos a perseguir en el desarrollo de este trabajo fin de master. La pandemia mundial provocada por la COVID-19 ha generado multitud de documentos relacionados con los distintos aspectos del virus, su comportamiento, evolución, contagio, diferentes mutaciones o cepas, así como elementos matemáticos relacionados con este tipo de pandemias.

En este caso, vamos a utilizar un modelo epidemiológico conocido como Modelo SEIR, derivado del modelo SIR, que explicaremos en profundidad en el apartado 4, para predecir el comportamiento y la evolución de la pandemia de la COVID-19 en España. Este modelo, principalmente está compuesto por cuatro ecuaciones diferenciales, a su vez cuenta con cuatro parámetros que serán los que centren nuestra atención. Trataremos de estimar estos parámetros mediante la utilización de la evolución diferencial, que veremos en el apartado 6. Con esta técnica buscaremos distintas posibles soluciones que compararemos con los datos reales para un determinado periodo de días y, calculando el error entre los valores estimados y los reales elegiremos la opción que mejor se ajuste a lo que realmente ha sucedido.

En definitiva, los objetivos son:

- Programar las ecuaciones del modelo SEIR
- Programar el algoritmo de Evolución diferencial
- Estimar los parámetros del modelo que minimicen el error

2.4. Motivación

El año 2020 fue un año muy complicado para la humanidad, la vida tal y como la conocíamos cambio radicalmente, una nueva enfermedad surgió, para la que todavía no se conocía la forma de combatirla. Vivir con miedo a no contagiarte o a hacerlo levemente, es algo que va a afectar a muchas personas durante gran parte de su vida.

2. Estructura, Introducción, Objetivos y Motivación

Ver que no estábamos preparados para afrontar esta situación es algo que, a mí, me ha hecho interesarme y aprender sobre todo lo que está relacionado con la COVID-19. Indagar sobre los modelos matemáticos para tratar de identificar cómo se comporta una enfermedad en la población y, tratar de comprobar cuál de ellos se puede ajustar a los datos reales vividos con el coronavirus.

Una de las cosas que más me ha interesado y motivado para realizar este proyecto, es el hecho de ver cómo era muy importante y evitaba muchos contagios intentar adelantarse a lo que iba a suceder, las acciones que se iban tomando en todo el proceso de pandemia se veían reflejadas dos o tres semanas después de llevarlas a cabo. Por eso, me motiva tratar de predecir la evolución de una enfermedad en la población, utilizando los modelos epidemiológicos adecuados y, mezclarlos con algoritmos matemáticos para tratar de calcular los parámetros que se necesitan en este tipo de modelos.

También es importante tener en cuenta que, con la globalización, que ha ido invadiendo el mundo en los últimos tiempos, este tipo de situaciones y otras, es posible que se repitan más de lo que nos gustaría, por eso hay que estar prevenidos para reaccionar a ellas lo antes posible y que sus consecuencias sean mínimas.

3. Antecedentes

3.1. Estado del arte

En este capítulo vamos a resumir la parte más impactante de la pandemia de la COVID-19, también, explicaremos la estructura y composición del coronavirus y, como actúa dentro del cuerpo humano y, por último, hablaremos de los diferentes tipos de modelos epidemiológicos, concretamente los modelos deterministas.

3.1.1. COVID-19

Durante el mes de diciembre del año 2019 fueron identificados en la ciudad China de Wuhan, varios individuos con un tipo de neumonía desconocida hasta la fecha. El 30 de enero de 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró, debido a esta enfermedad desconocida, una situación de emergencia de salud pública de importancia internacional y, el 11 de febrero de ese mismo año, otorgó el nombre de COVID-19 (Coronavirus Disease 2019) a esta enfermedad. Para el 11 de marzo, la COVID-19, había hecho acto de presencia en 114 países, habiéndose contabilizado más de 100000 casos y más de 4000 muertes, la OMS, declaró una pandemia mundial.

A partir de ese momento comenzó una situación nunca vivida a nivel mundial. Sí que se habían dado casos similares, pero en países individuales o en un grupo de países, nunca a nivel global. El 14 de marzo de 2020 se decretó en España un estado de alarma, dando lugar a un confinamiento de la población española y, el 28 de marzo, toda actividad laboral que no fuera esencial era suspendida, pasando a teletrabajar para aquellos empleados que les fuera posible e impartir la educación online. A lo largo del año 2020 y durante 2021, las medidas impuestas para limitar los contagios por COVID-19, fueron actualizándose según la realidad reflejada en los datos de contagios, fallecimientos y pacientes en hospitales.

A finales de diciembre del año 2020 y principios de 2021, comenzaron a administrarse las primeras dosis de las vacunas contra la COVID-19, comenzando a aplicarse en primer lugar, a las personas ancianas o que presentaran mayor riesgo ante la presencia de la enfermedad en su organismo y a personas que pudieran estar, por su actividad laboral, en riesgo de contagio, como médicos, personas que trabajan en centros de ancianos, etc. A pesar de las dificultades ocurridas en todo el proceso de vacunación, con el abastecimiento de dosis, algunos efectos secundarios que generaron alarma y preocupación social, para abril del año 2022, el 85% de la población española tenía administradas las dos dosis necesarias de la vacuna y, el 51,9% la dosis de refuerzo pasado un tiempo de la administración de la segunda dosis. Con esto, la población española se protegía para volver a realizar una vida sin restricciones, tal y como se conocía durante 2019.

3.1.1.1. Estructura y Actuación COVID-19

La COVID-19 es un tipo de coronavirus compuesto por ARN en su genoma, este genoma codifica 4 tipos de proteínas, proteína E, proteína M, proteína S y proteína N (Figura 1) [1].

3. Antecedentes

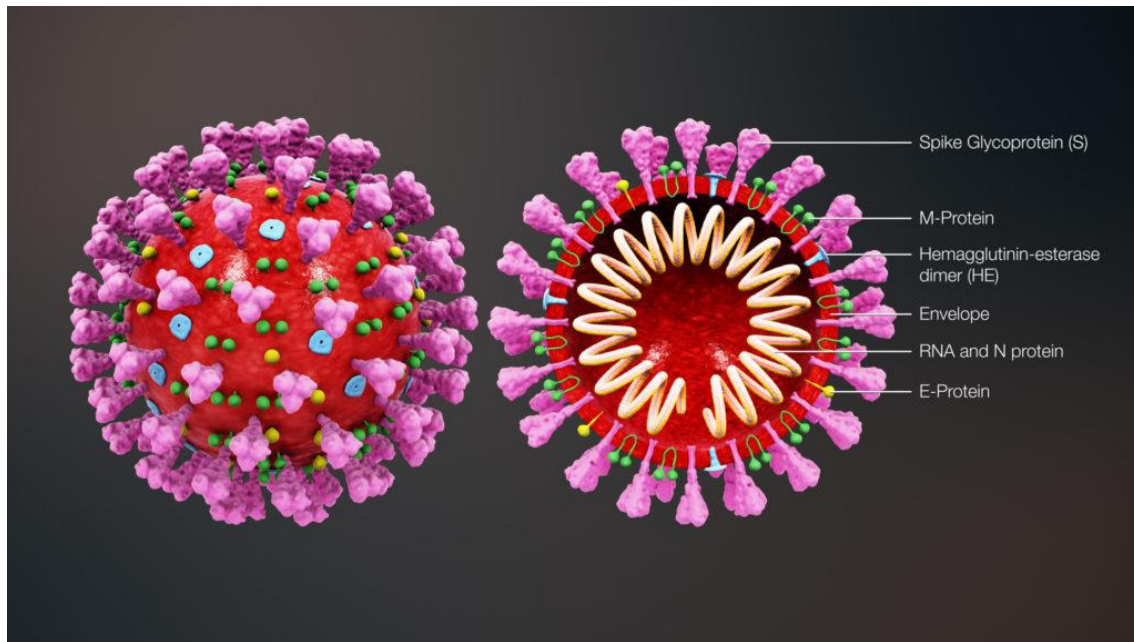


Figura 1. Estructura coronavirus

La transmisión del coronavirus se produce a través de las vías respiratorias mediante la secreción de pequeñas gotas que se transmiten entre individuos directa o indirectamente.

Una vez el coronavirus entra en el cuerpo humano, la proteína S se une a la proteína ECA-2, esta unión hace que se fusione la membrana del coronavirus con la membrana de la célula humana a la que está atacando, liberando el ARN del coronavirus en el citoplasma de la célula humana, una vez aquí, el ARN del coronavirus utiliza la célula para reproducirse, crear copias de ARN y las 4 proteínas que lo componen, formando nuevas copias del coronavirus. Mediante exocitosis las copias de coronavirus creadas salen de la célula humana para infectar otras células y repetir el proceso.

3.1.2. Modelos Epidemiológicos

Cada epidemia presenta unas características diferentes, el tipo de transmisión, la velocidad de transmisión, el tiempo de incubación de la enfermedad, el tamaño de la población a la que puede afectar, etc. Por este motivo, existen multitud de modelos matemáticos que modelan el comportamiento de una epidemia. Estos modelos pueden clasificarse en:

- **Deterministas.** Estos son modelos orientados a grandes tamaños de población y, se caracterizan porque son modelos en los que no está incluido el factor azar.
- **Estocásticos.** En estos modelos sí que se incluye un factor aleatorio, debido principalmente a que se utilizan cuando el tamaño de la población es pequeño.

En este caso, vamos a centrarnos en los modelos deterministas, ya que al tratarse de una enfermedad que puede afectar, en principio, a toda la población humana disponible y, en el apartado Resultados utilizaremos la población de España, que es de 47.350.000 habitantes, el factor aleatorio no debería añadirse al modelo.

3. Antecedentes

El primer modelo epidemiológico que vamos a ver es el **SIR**. Este es el modelo más simple que hay y, a partir del cual derivan el resto de los modelos deterministas.

Este es un modelo con tres ecuaciones diferenciales que representan la variación de individuos susceptibles a contraer la enfermedad, es decir, ciudadanos que pueden infectarse, también representa la variación de los individuos que son infectados y la variación de individuos recuperados, todos ellos con respecto a una unidad de tiempo (Figura 2).

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dT} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dT} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dT} &= \gamma I\end{aligned}$$

Figura 2. Modelo SIR

El modelo anterior (Figura 2), no tenía en cuenta dos factores importantes en la población, los nacimientos y las defunciones, por eso el modelo SIR evoluciona al modelo de la Figura 3, teniendo en cuenta la renovación de individuos.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI + \mu(N - S) \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Figura 3. Modelo SIR con defunciones y nacimientos

En los modelos anteriores, llegaba un momento temporal en el que el individuo infectado se recuperaba y generaba inmunidad a la enfermedad. Cabe la posibilidad de que cuando un individuo se recupere no genere inmunidad e inmediatamente pase a ser un miembro del grupo de susceptibles. En esos casos, se aplica el modelo **SIS** (Figura 4), el cual elimina la ecuación diferencial para la variación de individuos recuperados y los introduce en la ecuación para la variación de individuos susceptibles.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI + \mu(N - S) + \gamma I \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I\end{aligned}$$

Figura 4. Modelo SIS

3. Antecedentes

Pero, también es posible que un individuo que ha superado la enfermedad genere inmunidad hacia ella, aunque solo durante un periodo de tiempo, pasado este periodo vuelve a estar en el grupo de individuos con capacidad para volver a contraer la enfermedad. Con estas características, se utiliza el modelo **SIRS** (Figura 5), en el que se añade un parámetro f para el tiempo promedio durante el cual, el individuo es incapaz de contraer nuevamente la enfermedad.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI + fR \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R - fR\end{aligned}$$

Figura 5. Modelo SIRS

Una evolución del modelo SIR, es el modelo **SEIS** (Figura 6). Este modelo añade una nueva fase al proceso, que son los individuos que han contraído la enfermedad y, todavía no han presentado síntomas como para saber que están infectados, a este grupo se les llama expuestos. También considera que no existe inmunidad, una vez se supera la enfermedad se puede volver a contraer.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= B - \beta SI - \mu S + \gamma I \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - (\epsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \epsilon E - (\gamma + \mu)I\end{aligned}$$

Figura 6. Modelo SEIS

El modelo **SEIR** (Figura 7) es una versión del modelo SEIS, al que se le añade la población de recuperados, por lo que considera que existe inmunidad una vez se ha superado la enfermedad. Este es el modelo que usaremos en la parte práctica del apartado Resultados.

3. Antecedentes

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= B - \beta S \frac{I}{N} - \mu N - \mu S \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - (\epsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \epsilon E - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Figura 7. Modelo SEIR

En el siguiente modelo se introduce un grupo de individuos nuevo, individuos con inmunidad pasiva, es decir, individuos que poseen inmunidad hacia la enfermedad, pero pasado un periodo de tiempo la pierden y pasan al grupo de individuos capaces de contraer la enfermedad, este es el modelo **MSIR**. Figura 8.

$$\begin{aligned}\frac{dM}{dt} &= B - \delta MS - \mu M \\ \frac{dS}{dt} &= \delta MS - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Figura 8. Modelo MSIR

Por último, vamos a ver un modelo derivado del anterior, el modelo **MSEIR** (Figura 9), que, a diferencia del modelo MSIR, este incorpora el periodo de exposición, en el que los individuos están infectados, pero no presentan síntomas.

$$\begin{aligned}\frac{dM}{dt} &= B - \delta MS - \mu M \\ \frac{dS}{dt} &= \delta MS - \beta SI - \mu S \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - (\epsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \epsilon E - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Figura 9. Modelo MSEIR

3.1.3. Algoritmos de optimización

Con la irrupción de la COVID-19 en el mundo, se han realizado multitud de análisis y aplicaciones tratando de predecir como iba a evolucionar la pandemia para así tratar de anticiparse y tomar las medidas necesarias con la intención de reducir su impacto en la sociedad. Se han desarrollado muchas ideas y se han escrito muchos artículos en los últimos dos años sobre modelos epidemiológicos aplicados a la COVID-19, entre ellas, la desarrollada por José L. Sainz-Pardo y José Valero [2], en el que partiendo de un modelo SEIR básico, Figura 10, van ajustándolo, teniendo en cuenta las medidas que se fueron instaurando en España. Entre esos ajustes está el añadido de las pruebas de detección de la enfermedad y algunas variables relacionadas con estas, para acabar con el modelo SEIR de la Figura 11.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta}{N}SI, \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta}{N}SI - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I,\end{aligned}$$

Figura 10. Modelo SEIR básico

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta(t)}{N}S(t)((1-\rho(t))I(t) - T(t)), \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta(t)}{N}S(t)((1-\rho(t))I(t) - T(t)) - \sigma E(t), \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E(t) - (\gamma_1(t) + \gamma_2(t))I(t), \\ \frac{dT}{dt} &= \Delta(t) - (\gamma_1(t) + \gamma_2(t))T(t), \\ \frac{dF_1}{dt} &= \gamma_1(t)(\rho(t)I(t) + T(t)), \\ \frac{dR_1}{dt} &= \gamma_2(t)(\rho(t)I(t) + T(t)), \\ \frac{dL}{dt} &= (\gamma_1(t) + \gamma_2(t))((1-\rho(t))I(t) - T(t)).\end{aligned}$$

Figura 11. Modelo SEIR final

En ese estudio, tratan de analizar el impacto que tiene la distribución de test en la cantidad de individuos infectados, implementando, además, la evolución diferencial para estimar los parámetros del modelo.

4. Modelo SEIR

En este capítulo vamos a analizar en profundidad el modelo SEIR, ver una introducción general al modelo completo y, posteriormente, analizar ecuación a ecuación.

4.1. Introducción al modelo SEIR

Los modelos matemáticos epidemiológicos sirven para analizar y predecir el comportamiento de un agente infeccioso en la población con respecto al tiempo. Este modelo SEIR, Figura 12, es un derivado del modelo inicial SIR, a partir del cual derivan otros tipos de modelos. En el modelo SIR, la población se divide en 3 grupos, individuos susceptibles (S), que son aquellas personas que pueden contraer la enfermedad, individuos infectados (I), son las personas que poseen la enfermedad e individuos recuperados (R), personas que o bien han superado la enfermedad o, han fallecido. En el modelo SEIR, a estos tres grupos, se les añade un cuarto, individuos expuestos (E), que son aquellos que están incubando la enfermedad y, por lo tanto, todavía no presentan síntomas y pueden o no contagiar a otros individuos.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= B - \beta S \frac{I}{N} - \mu N - \mu S \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - (\epsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \epsilon E - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Figura 12. Modelo SEIR general

En el modelo SEIR, están involucrados 4 parámetros a estimar, β que es la tasa de contagios, μ , como la tasa promedio de defunciones, $1/\epsilon$, tiempo promedio de incubación y, por último, $1/\gamma$ que es el tiempo promedio de infección de un individuo. Estos cuatro parámetros son conocidos, aunque en este TFM trataremos de estimarlos mediante el uso del algoritmo Evolución Diferencial.

4.2. Ecuaciones modelo SEIR

En este apartado vamos a explicar las ecuaciones diferenciales empleadas en el modelo SEIR para, estimar la evolución de los cuatro grandes bloques de población, susceptibles, expuestos, infectados y recuperados.

4.2.1. Ecuación susceptibles

La primera de las ecuaciones, Figura 13, se emplea para obtener la evolución con respecto al tiempo (días) de los individuos susceptibles de contraer la enfermedad. Como hemos mencionado anteriormente, estos son aquellas personas que están en disposición de contraer la enfermedad. La variable B indica la tasa promedio de nacimientos, ya que al ser un modelo recursivo hay que inyectarle la parte proporcional para cada día de los

4. Modelo SEIR

nacimientos totales para un año. A **B** se le resta los nuevos infectados, todavía sin sintomatología, que vienen determinados por el parámetro β , tasa de contagios, multiplicado por el total de individuos susceptibles (**S**) y por los infectados (**I**) en el paso anterior, todo esto dividido por la población total (**N**), también hay que quitar las personas fallecidas por causas ajenas a la enfermedad, que vienen determinadas por el parámetro μ , tasa de defunción.

$$\frac{dS}{dt} = B - \beta S \frac{I}{N} - \mu N - \mu S$$

Figura 13. Ecuación diferencial individuos susceptibles

4.2.2. Ecuación expuestos

La segunda de las ecuaciones (Figura 14) trata de analizar el cambio en la población de individuos expuestos, aquellos que han contraído la enfermedad, pero todavía no presentan síntomas, para ello, al bloque de nuevos individuos que han contraído la enfermedad sin presentar todavía síntomas, se les eliminan aquellos individuos que, finalmente, han pasado a presentar síntomas y están contagiados y, aquellos que han fallecido, estos dos grupos vienen representados por los parámetros ϵ y μ , que son los que están relacionados con la tasa promedio de incubación y la tasa promedio de mortalidad.

$$\frac{dE}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - (\epsilon + \mu)E$$

Figura 14. Ecuación diferencial individuos expuestos

4.2.3. Ecuación infectados

La tercera ecuación diferencial (Figura 15) está relacionada con la evolución de individuos infectados con respecto al tiempo. Para calcular la evolución de individuos infectados, a aquellos que han presentado síntomas, se les resta los individuos que ya han superado la enfermedad, que vienen determinados por el parámetro γ y, aquellos que estando infectados han fallecido por causas ajenas a la enfermedad en cuestión.

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I$$

Figura 15. Ecuación diferencial individuos infectados

4.2.4. Ecuación recuperados

La última ecuación se encarga de predecir la evolución de individuos recuperados, ya hayan superado o no la enfermedad, para ello, a aquellos que han superado la enfermedad se les resta los individuos que ya habían superado la enfermedad, pero, han fallecido por otras causas. Figura 16.

4. Modelo SEIR

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

Figura 16. Ecuación diferencial individuos recuperados

5. Algoritmos genéticos

En esta sección se va a introducir el concepto de algoritmos genéticos [3], así como las fases que lo componen a la hora de aplicarlo.

5.1. Introducción a los algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos son aquellos que tratan de encontrar la solución a un problema imitando la evolución de las especies proporcionada por Darwin, por la que, los individuos de una especie generan descendientes que heredan algunas de sus características, para, después de muchas generaciones, obtener individuos genéticamente superiores que, mediante la selección natural, será más probable que transmitan sus genes a futuros descendientes.

“La selección natural obra solamente mediante la conservación y acumulación de pequeñas modificaciones heredadas, provechosas todas al ser conservado.” Esta frase fue mencionada por Charles Darwin para referirse a la evolución de las especies, que, a través de mutaciones evolucionan para adaptarse al medio, estas mutaciones pueden suponer una mejora o un empeoramiento, pero aquellas que poseen mejores cualidades acaban reproduciéndose para generar organismos con mejor capacidad para sobrevivir en las circunstancias en las que se encuentre, mientras que los organismos que sufren una mutación que empeora su capacidad para adaptarse al medio en el que vive, acaba desapareciendo sin reproducirse, en definitiva, los individuos más capaces tienen mayor probabilidad de reproducirse y, generar otro individuo que, herede parte de sus capacidades y que tenga una mayor capacidad de supervivencia que el individuo del que hereda una parte de sus características.

La idea de estos algoritmos genéticos es imitar el sistema de mutaciones de las especies, generando individuos codificados en bloques, como si de su ADN se tratara y, mediante iteraciones estos bloques se entremezclan generando otros individuos que compartan una parte de la codificación de varios individuos.

5.2. Estructura de los algoritmos genéticos

En este apartado vamos a explicar el funcionamiento de los algoritmos genéticos, como se escogen individuos que compartirán alguna de sus características para generar otros individuos nuevos, cuando un nuevo individuo reemplaza a uno anterior para generar una nueva población y, cuando se considera finalizado el proceso evolutivo y se obtiene la solución óptima.

Trasladando esta idea a la resolución de problemas, los algoritmos genéticos generan una población de individuos que se califican como posibles soluciones, esta población es generada al azar y, debe ser diversa, por lo que es poco probable que exista una solución para el problema entre los individuos de esa primera población.

El siguiente paso, será desarrollar una función de aptitud para evaluar a cada uno de los individuos de la población, esta función debe ajustarse a los requisitos del problema a resolver. Seguramente este sea el paso más complicado de todo el proceso ya que, no hay una estructura general para crear esta función, por lo tanto, debe ser un planteamiento único para cada situación. Cada individuo será evaluado por esta función de aptitud y, se le otorgará una valoración según lo valido que pueda ser como solución al problema.

5. Algoritmos genéticos

Ahora comienza la fase de selección, en la que los individuos serán seleccionados, con mayor probabilidad de selección para aquellos individuos que han obtenido una valoración más alta en su paso por la función de aptitud, con la finalidad de reproducirse y crear nuevos individuos.

Una vez se han seleccionado los individuos, se procede a la fase de reproducción. En esta fase, nos encontramos con dos posibles procedimientos, el primero de ellos es el de cruce, dos individuos comparten algunos de sus elementos, estos pueden ser escogidos de varias formas, ya sea dividir ambos individuos por la mitad y, formar dos nuevos uniendo cada mitad de un individuo con la mitad del otro. Otra opción puede ser, mezclar los elementos impares de un individuo con los elementos pares del otro. Hay muchas posibilidades, pero, en definitiva, el procedimiento de cruce consiste en mezclar elementos de un individuo con elementos de otro, para generar nuevos individuos que compartan elementos. Figura 17 [4].

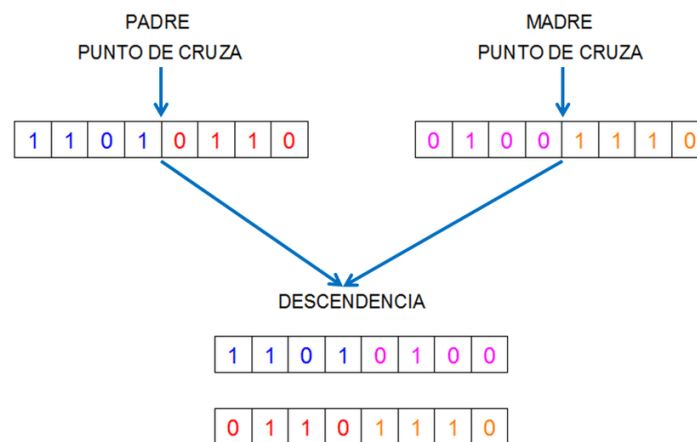


Figura 17. Ejemplo de reproducción

La siguiente fase es la de mutación, en esta fase los individuos tienen una probabilidad de sufrir algún cambio en su composición, esto se realiza para cada gen que tiene el individuo, aunque esta probabilidad será bastante baja, igual que ocurre en la evolución. Figura 18 [5].



Figura 18. Ejemplo de mutación

La última fase de este proceso consiste en el reemplazamiento, una vez se han generado los posibles nuevos individuos, si, posibles, ya que antes de decidir si continuamos con ellos o mantenemos los anteriores, debemos someterlos a la función de aptitud y, si el resultado en la valoración de los nuevos individuos es mejor que el de los individuos anteriores, se reemplazan, si por el contrario resultan ser peor valorados, mantenemos los individuos originales. Esta es una de las opciones para gestionar el reemplazo de individuos en la población, la otra opción es reemplazar toda la población de individuos antigua por la nueva.

Una vez hemos realizado el proceso de reemplazamiento, obtendremos una población de individuos que son una mejor solución para el problema que la población que teníamos anteriormente. Pero ¿es esta la solución del problema? La respuesta a esta pregunta es bastante ambigua, ya que como no sabemos cuál es la solución real del problema, no sabemos si esta solución que hemos alcanzado es la mejor a la que podemos obtener, por ello, se genera un proceso recursivo en el que intervienen la fase de selección, la fase de reproducción y la fase de reemplazo, hasta cumplir un criterio de parada que deberemos elegir. Este criterio puede ser que los individuos de la población no varíen varios ciclos consecutivos o simplemente cuando se alcancen un número determinados de ciclos.

Pero, aun habiendo cumplido el criterio de parada, no está garantizado que la solución obtenida sea la mejor solución del problema, ya que podemos estar ante un óptimo local.

Los algoritmos genéticos se utilizan sobre otros tipos de técnicas porque son fáciles de implementar y se obtienen grandes resultados, aunque dependiendo de la cantidad de iteraciones o del tamaño de la información genética de los individuos, puede llegar a requerir una gran potencia computacional.

6.Evolucion diferencial

Este capítulo se centra en el algoritmo de evolución diferencial, su inicio y, también veremos paso a paso en que consiste y como se opera con él.

6.1. Introducción a la evolución diferencial

La evolución diferencial es una técnica de optimización desarrollada por Rainer Storn y Kenneth Price en 1995 [6] [7], con la idea de crear un nuevo enfoque heurístico para resolver problemas que involucren funciones continuas no lineales y no diferenciables. Como bien comentan Storn y Price, en el artículo en el que proponen la evolución diferencial como método de optimización, los usuarios demandan tres requisitos en las técnicas que utilizan para resolver problemas de optimización, el primero de ellos es que el método debe encontrar el verdadero mínimo global, independientemente de los parámetros iniciales, el segundo es la velocidad de convergencia, todo algoritmo debe hallar la solución óptima lo más pronto posible y, el tercer requisito es que el método debe tener el menor número de parámetros de control posible para que sea fácil de utilizar.

6.2. Explicación Evolución diferencial

El procedimiento a seguir para aplicar la evolución diferencial en un problema de optimización es similar al que se utiliza en los algoritmos genéticos que hemos visto en el apartado 5.1, Figura 19 [8], al igual que en estos, iniciamos el proceso creando una población de individuos, primera generación, estos individuos serán creados aleatoriamente tratando de cubrir todo el espacio de soluciones posibles e irán evolucionando con el paso de las generaciones hacia una población de soluciones más óptima.

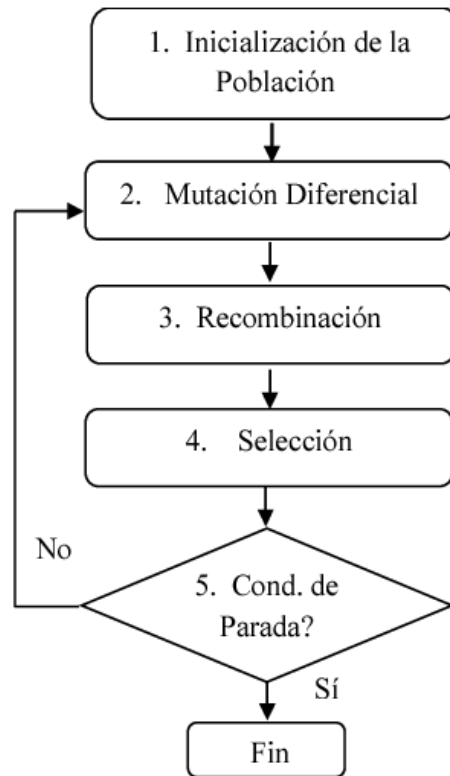


Figura 19. Diagrama Evolución Diferencial

El primer paso es la mutación. En este proceso existen principalmente dos opciones a utilizar como función de mutación. Para la primera de ellas se necesitan 3 individuos, diferentes entre ellos, de la población. A uno de los individuos se le suma la diferencia entre los otros dos multiplicada por F , un factor que controla la amplificación de la diferencia que suele estar comprendido en el intervalo $(0,2]$. La segunda opción para la función de mutación, además de los 3 individuos diferentes entre ellos, se necesita al mejor individuo de la población y, se generaría el nuevo individuo como la suma de la resta de dos de los individuos por un factor F al tercer individuo, además de sumarle la diferencia del mejor individuos con este tercer individuo multiplicada por una variable de control λ .

El segundo paso es el de cruce o recombinación, con la finalidad de aumentar la diversidad no seleccionamos como candidato para la nueva población de la siguiente generación al individuo que hemos creado en la fase de mutación, sino que para cada uno de los parámetros que contiene el individuo generamos un valor aleatorio entre 0 y 1 y, si ese valor es menor o igual a la constante de cruce (CR), generada por el usuario entre 0 y 1 también, mantendremos el parámetro del individuo que hemos obtenido en la mutación, si es al contrario, seleccionaremos el parámetro del individuo original. Para aumentar la diversidad, se pueden realizar más tipos de combinaciones como sea requerido.

El último paso de la evolución diferencial es la selección. En este punto, decidiremos si el individuo que hemos generado, después de aplicar la fase de mutación y la de cruce, va a formar parte de la población en la siguiente generación, o si por el contrario el individuo que formara parte de la próxima generación será el original de la generación actual. Para comprobar esto, se someten ambos individuos a la función que queremos minimizar, es decir, resolvemos el problema tomando a los dos individuos como posibles

6.Evolucion diferencial

soluciones. El individuo que pertenecerá a la próxima generación será aquel que obtenga menor valor al minimizar la función objetivo.

Estos tres pasos se ejecutan para cada individuo de la población y, después de hacerlo, obtendremos la población correspondiente a la generación i , para la que volveremos a aplicar el mismo proceso tratando de hallar la siguiente generación de individuos. Con este proceso obtendremos en cada generación una población de individuos que son mejor solución al problema que la generación anterior a la suya. Al igual que en los algoritmos genéticos, el criterio de parada será aquel en el que, tras varias generaciones, la población de individuos no varíe o, fijaremos un número determinado de iteraciones, que, tras cumplirse, tomaremos como mejor solución al mejor individuos de la población en ese instante.

7. Adaptación propuesta del modelo SEIR y del algoritmo de Evolución Diferencial

En este apartado vamos a analizar el código de programación utilizado en el desarrollo de la parte práctica de este TFM. También vamos a explicar el proceso de generación de individuos para la población de partida del algoritmo de evolución diferencial y, cual es la composición de estos. Por último, procederemos a explicar, tanto el modelo SEIR como el algoritmo de evolución diferencial que vamos a aplicar en el apartado práctico para estimar el número de infectados por COVID-19.

En este momento, vamos a comenzar a comentar parte a parte el contenido del código utilizado para realizar el proceso de estimación de los parámetros del modelo SEIR con la evolución diferencial. Este código lo tenemos al completo en el apartado 12, Anexos.

En el bloque de código 1 se indica cómo se genera la población inicial.

El bloque de código 2 es el algoritmo del modelo SEIR que se utiliza para calcular el error asociado a cada individuo una vez se le aplica el algoritmo del modelo.

El bloque de código 3 se indican las condiciones para aplicar el algoritmo de evolución diferencial, seleccionamos aleatoriamente el Factor F y la constante de cruce en las líneas 47 y 48 y, seleccionamos como condición de parada 1000 iteraciones, ya que, al llegar a ese número, comprobamos que el algoritmo convergía a su solución más óptima.

Los bloques de código 4 y 5 pertenecen a la aplicación del algoritmo de evolución diferencial junto con el modelo SEIR para buscar la mejor solución. Desde la línea 62 hasta la 109 se realiza la selección de candidatos y se genera un nuevo individuo tratando de añadirle diversidad a la creación de este. Posteriormente, desde la línea 111 hasta la 158, a ese individuo que hemos generado se le aplica el algoritmo del modelo SEIR y se calcula su error asociado y se reemplaza si su error es menor que el individuo originalmente seleccionado. Para evitar que el error de un individuo sea excesivamente grande que R nos proporcione valor nan, indicamos un valor de error muy elevado, que no se sustituya el individuo por error.

En el bloque de código 6, una vez se cumple la condición de parada, se selecciona el individuo que presenta un error asociado más bajo y, se realiza su estimación del modelo SEIR, comparando gráficamente el resultado de individuos infectados generado por ese conjunto de parámetros y el número de infectados real (Bloque de código 7).

7.1. Codificación y generación de la población inicial

Para obtener la población inicial, se generan los individuos iniciales aleatoriamente, dándole valor a ϵ , β , μ y γ , entre un mínimo y un máximo posible que puedan ser solución.

A continuación, vamos a explicar cómo se forman los individuos que componen la población de partida. La población inicial cuenta con 100 individuos, cada uno de ellos está formado por cuatro características que, corresponden a cada uno de los parámetros utilizados en el modelo SEIR, β , μ , ϵ y γ . Figura 20. Estos individuos irán cambiando a lo largo del desarrollo del algoritmo de evolución diferencial.



Figura 20. Composición de los individuos

7.2. Modelo SEIR

Para aplicar el algoritmo de evolución diferencial buscando estimar el número de infectados por COVID-19 durante un periodo determinado de tiempo, primero tenemos que codificar el modelo epidemiológico SEIR que, utilizaremos como función objetivo para valorar la continuidad o sustitución de los individuos en poblaciones futuras.

En el pseudocódigo de modelo SEIR (Algoritmo 1), vemos la programación del modelo SEIR, en la que realizamos un primer bucle para recorrer cada uno de los individuos pertenecientes a la población inicial, seguidamente inicializamos cada una de las cuatro variables, individuos susceptibles de contraer la enfermedad, individuos expuestos, individuos ya infectados e individuos recuperados o fallecidos. Por último, resolvemos las cuatro ecuaciones del modelo SEIR para cada uno de los 142 días que estamos estimando y, calculamos el error asociado a cada individuo de la población.

Algoritmo 1: Modelo SEIR

Bucle **for**:

 Inicializar variables (susceptibles, expuestos, infectados y recuperados);

 Bucle **for**:

 Resolver las ecuaciones del modelo SEIR;

 Bucle **for**:

 Sumar el error de cada día;

7.3. Algoritmo Evolución Diferencial

En este apartado del documento vamos a presentar y, comentar, la codificación utilizada para implementar y, realizar las estimaciones correspondientes del algoritmo de evolución diferencial.

La estructura básica del algoritmo de evolución diferencial ya la hemos explicado en el apartado 6.2, a partir de ella, añadiremos algunos criterios para generar una mayor diversidad e introduciremos el código del modelo SEIR explicado en el apartado 7.2.

La primera parte del pseudocódigo del algoritmo de evolución diferencial (Algoritmo 2) consiste en establecer los criterios iniciales, inicializar la población inicial de la forma que hemos explicado en el apartado 7.1 y, después definir el factor F y la constante de cruce, así como la condición de parada, en nuestro caso hemos seleccionado como factor

7. Adaptación propuesta del modelo SEIR y del algoritmo de Evolución Diferencial

F un valor aleatorio entre 0 y 2, para la constante de cruce, un valor aleatorio entre 0 y 1 y, como condición de parada 1000 iteraciones.

La segunda parte del algoritmo consiste en recorrer un bucle hasta que se cumpla la condición de parada que hemos fijados en la primera parte. Ahora creamos el bucle para aplicar la función objetivo (modelo SEIR) a cada individuo de la población inicial, este bucle es el mismo que hemos explicado en el pseudocódigo del modelo SEIR, seguidamente se seleccionan tres individuos de la población para combinarlos formando un nuevo individuo candidato a ser parte de la población y, se selecciona un individuo de la población inicial para compararlo con el nuevo que se ha creado. Para generar más diversidad, se selecciona un número al azar entre 1 y 4, que corresponde a la posición en el individuo, si se cumple una condición fijada, se sustituye el valor en esa posición del individuo nuevo por el valor del individuo original y, si no se cumple se mantiene el valor. Por último, se aplica la función objetivo y se calcula el error, si el error del individuo nuevo es menor que el del individuo original, se sustituye en la población y si no es así, sigue formando parte de la población el individuo original.

Una vez se cumpla la condición de parada, el individuo de la población que tenga asociado el menor error, será el individuo que consideraremos como solución final.

Algoritmo 2: Evolución Diferencial

Crear la población de individuos aleatoriamente;

Definir Factor F y cte de cruce;

Establecer condición de parada;

Bucle **while**: (Mientras no se cumpla la condición de parada se ejecuta)

 Bucle **for**:

 Seleccionar al azar tres individuos para combinarlos y crear un individuo nuevo;

 Seleccionar un individuo original que sea candidato a ser sustituido;

 Extraer un número al azar entre 1 y 4, si se cumple una condición, el parámetro del individuo nuevo en la posición del número al azar, se sustituye por el del individuo original;

 Se aplica el **modelo SEIR** al individuo nuevo;

 Si el error es menor que el del individuo original, se sustituye;

Cumplida la condición de parada, el individuo con menor error es el elegido como mejor solución.

8. Resultados

En el apartado de resultados vamos a analizar los valores que nos proporciona la aplicación del modelo epidemiológico SEIR junto con el uso del algoritmo de evolución diferencial para, estimar los valores de contagios desde el 1 de noviembre del año 2021, hasta el 22 de marzo de 2022 en España, para, posteriormente compararlos con los datos oficiales de contagios, obteniendo la suma de las distancias al cuadrado entre la estimación y el dato verídico. Todo esto tomando como referencia los valores proporcionados por las autoridades durante ese rango temporal. Se ha elegido este periodo de tiempo porque coincide con el periodo de mayor número de contagios de toda la pandemia, ocurrido durante los meses de diciembre y enero de 2021. Este periodo de tiempo se compone de 142 valores.

8.1. Análisis Descriptivo

Antes de comenzar a aplicar el modelo SEIR y la evolución diferencial, vamos a analizar descriptivamente los datos con los que compararemos las estimaciones posteriores.

En la Figura 21 podemos ver claramente el motivo por el cual hemos seleccionado este tramo de datos y es ese crecimiento de contagios detectados durante la época navideña del segundo año de existencia de la enfermedad. Se aprecia claramente que el número de contagiados por la enfermedad comienza a aumentar durante el mes de noviembre de 2021 y pasa a crecer rápidamente en el tramo final de diciembre de 2021. Durante el tramo final de enero de 2022 empieza a decrecer el número de casos activos de COVID-19, asemejándose a una campana de gauss.

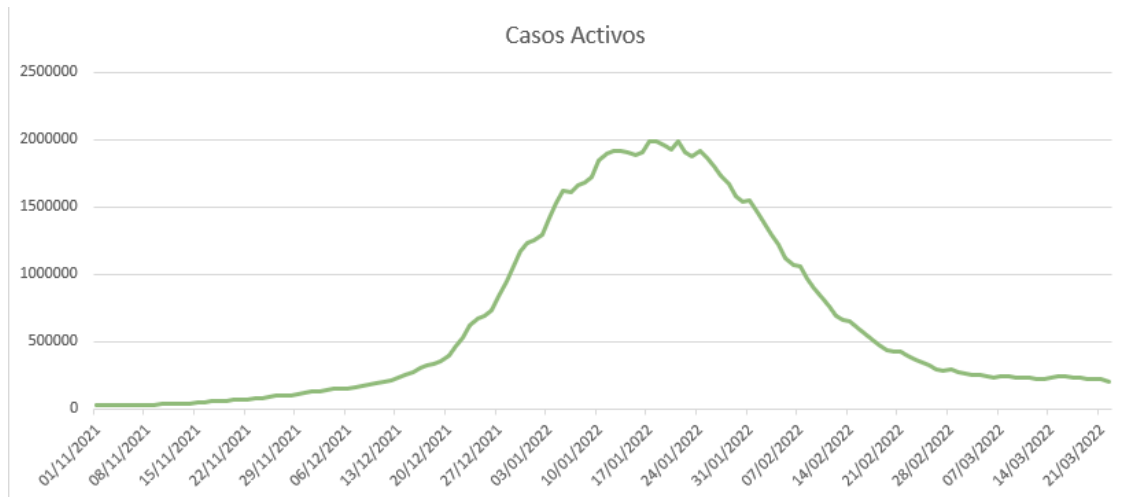


Figura 21. Casos Activos de COVID-19 en España

En la Figura 22 vemos desglosada por día la evolución de casos activos, podemos apreciar que el periodo en el que más casos de infección fueron notificados coincide con el periodo de mayor número de casos activos, también vemos como se aprecian periodos de varios días en los que aumentan mucho los casos notificados intercalados con varios días consecutivos en los que se notifican muchos menos infectados.

8.Resultados



Figura 22. Casos por día de COVID-19 en España

La Figura 23 muestra la evolución de infectados totales durante el periodo seleccionado, vemos como en cuestión de 60 días se duplica el número de casos respecto a todo el periodo anterior de la enfermedad. Esta función de casos totales se asemeja a una función sigmoide durante este periodo de estudio.

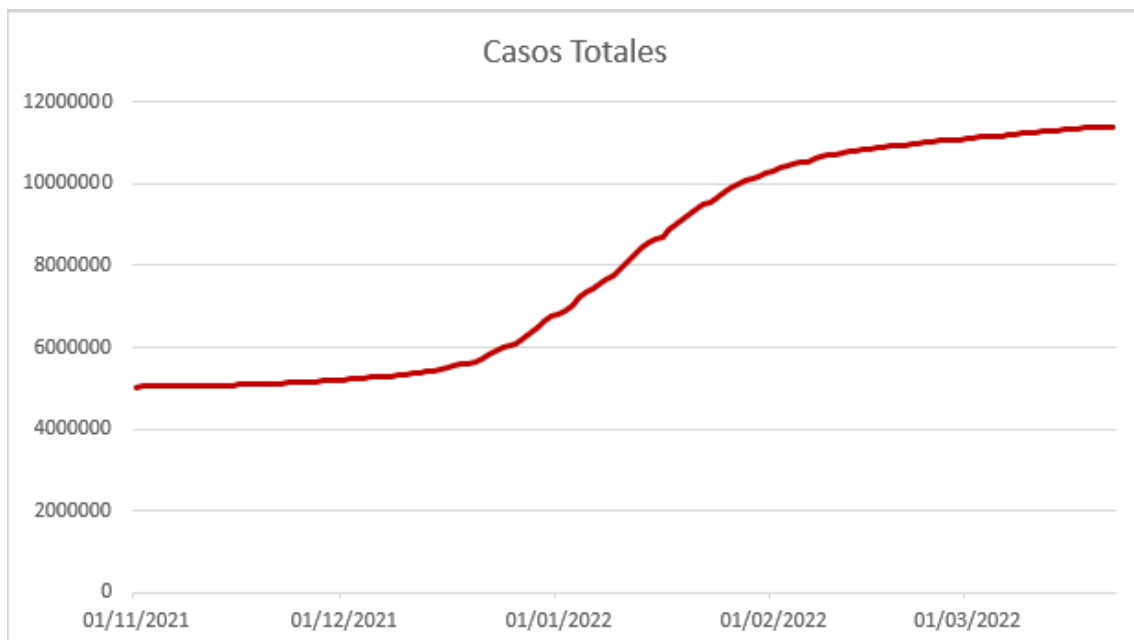


Figura 23. Casos totales de infectados por COVID-19 en España

Las Figuras 24 y 25 muestran la evolución de fallecidos durante el 1 de noviembre de 2021 hasta el 22 de marzo de 2022. En la Figura 24 se muestra el desglose de fallecidos por cada día, se aprecia un aumento de muertes durante el periodo de más casos activos, también se aprecia un desplazamiento del tramo de mayor número de fallecidos de aproximadamente 20 días con respecto al tramo de mayor número de infectados.

8.Resultados



Figura 24. Muertes por día de COVID-19 en España

En esta Figura 25, se muestran las defunciones totales durante el periodo que estamos analizando, a pesar de ser el tramo en el que más número de contagios se han detectado de toda la pandemia, hasta este instante, podemos ver como el número de fallecidos tan solo ha aumentado en poco más de 10000 unidades, cuando el de contagios se había duplicado. El motivo de esto seguramente se deba a la existencia de la vacuna contra la enfermedad y su aplicación, llegados a estas fechas, en la mayor parte de la población española.

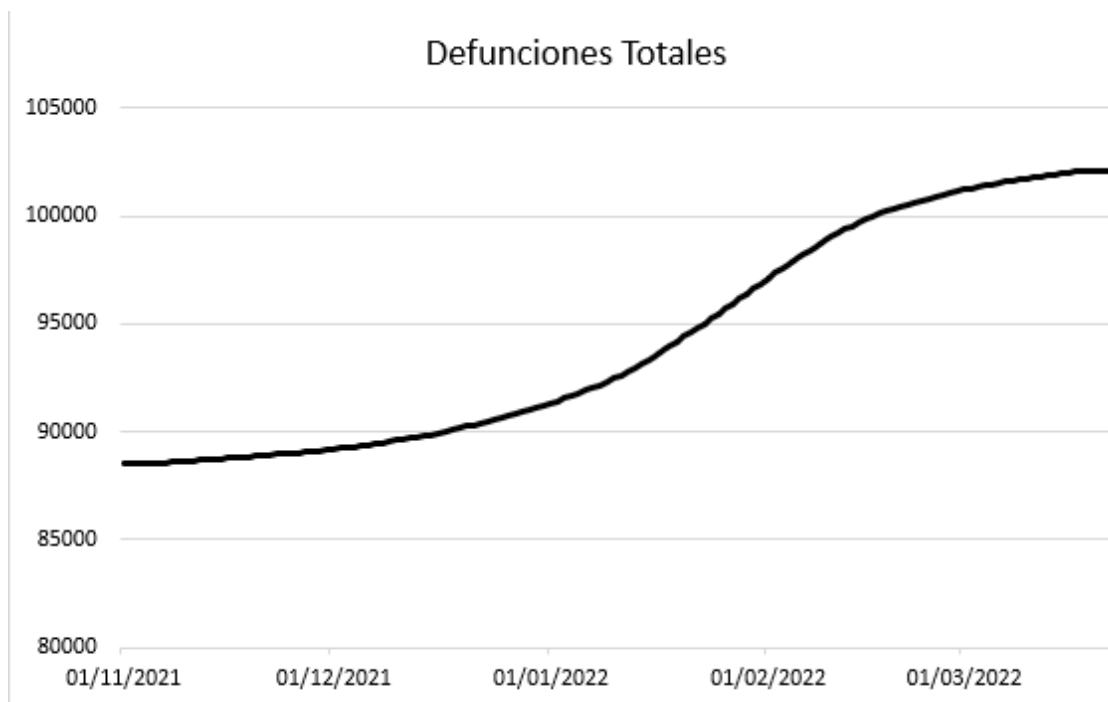


Figura 25. Muertes totales por COVID-19 en España

8.Resultados

Finalmente, en la Tabla 1 podemos ver un resumen estadístico de lo que se muestra en los 5 gráficos que hemos visto anteriormente. Vemos como la media de infectados por día es de 44.923 y, su mediana es de 20.468, esto es debido al gran pico de contagios durante los meses de diciembre y enero que, en el caso de la media adquieren demasiado peso en el valor. También, vemos como en el número de casos activos pasa algo similar, aunque los valores son mucho más elevados ya que la enfermedad tiene una duración aproximada de entre 15 y 20 días.

Por otro lado, en el apartado de fallecidos por día obtenemos una media de 96 muertes diarias, siendo 256 la cifra de fallecidos más alta en único día.

	Casos por día	Casos activos	Casos totales	Fallecidos por día	Fallecidos totales
Media	44.923	666.529	8.087.923	96,08	94.272
Mediana	20.468	310.720	8.025.512	74,50	92.555
Mínimo	55	26.836	5.032.752	0	88.491
Máximo	175.012	1.989.088	11.410.843	256	102.119

Tabla 1. Resumen Muestral

8.2. Estimación de los parámetros del modelo SEIR

En este apartado, vamos a estimar los parámetros β (tasa de contagios), μ (tasa promedio de defunciones), ϵ (tiempo promedio de incubación) y γ (tiempo promedio de infección de un individuo) del modelo epidemiológico SEIR, centrándonos únicamente en los casos activos.

En este primer caso, vamos a utilizar 1000 iteraciones para encontrar la solución que minimice la distancia euclídea entre el valor real y el estimado. Para hacer la primera estimación necesitamos un punto de partida, que será el mismo que utilizaremos en el resto de las estimaciones que haremos más adelante. Seleccionaremos como nivel de inicio de infectados o casos activos, el valor correspondiente al 1 de noviembre de 2021, que es de 26836. El punto de partida para la variable recuperados lo consideraremos como el total de fallecidos a 1 de noviembre de 2021. En este caso, consideraremos que, en este punto, ningún individuo ha superado todavía la enfermedad, ya que en los datos que disponemos no se ofrece el conteo de individuos que superan con éxito la enfermedad. En cuanto al nivel de expuestos, consideraremos que no hay ningún individuo que este contagiado y, todavía no ha mostrado síntomas de contagio. El nivel inicial de susceptibles, individuos que pueden contagiarse, viene dado por el total de la población española, 47.500.000, a los que se descuentan los individuos infectados en esta fase inicial y los fallecidos. Por último, la tasa de natalidad (B) escogida es la correspondiente al año 2021 en España, que es de 336.247 al año.

Bajo las condiciones elegidas en el párrafo anterior, obtenemos los resultados de la Tabla 2. Después de 1000 iteraciones utilizando el algoritmo de evolución diferencial, obtenemos como la solución que menor distancia euclídea presenta con un valor de 6,595E+11 que, aunque es un valor muy elevado, hay que tener en cuenta que estamos hablando de que el tamaño poblacional utilizado es de más de 47 millones con lo que cualquier pequeño error puede ser un número de individuos elevado. Vemos que la tasa

8.Resultados

de contagio es de 0.9948, es decir, una persona infectaría de media a otra persona. La tasa de mortalidad en este resultado es prácticamente 0, el tiempo promedio de incubación es de 1/0.1081 y el de infección es de 1/0.4317.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.9948	6.205E-11	0.1081	0.4317	6,595E+11

Tabla 2. Resultados 1

En la Figura 26 vemos la gráfica de la evolución diaria de infectados y, en la Figura 27 vemos la estimación, con los valores obtenidos en la tabla anterior, de infectados. Si superponemos ambas gráficas, Figura 28, podemos apreciar a simple vista que la estimación es parecida a la serie original, aunque vemos entre el dato 40 y el 60 como se sobreestima puesto que el crecimiento en los valores de la estimación es más progresivo que en el original que es algo más brusco, también vemos que en el descenso de los valores ocurre lo mismo, pero un poco menos marcado. En la parte final de la serie, se estima por debajo de los valores reales, que llegados al valor 120 se vuelven casi constantes mientras que en la estimación continúan descendiendo, buscando el mínimo.

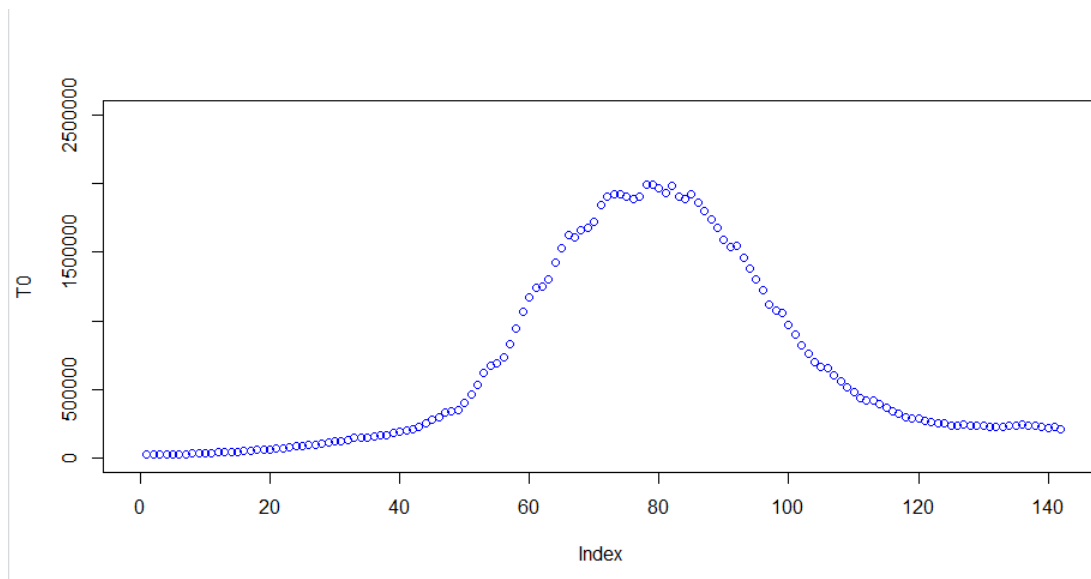


Figura 26. Casos Activos reales de COVID-19 en España

8.Resultados

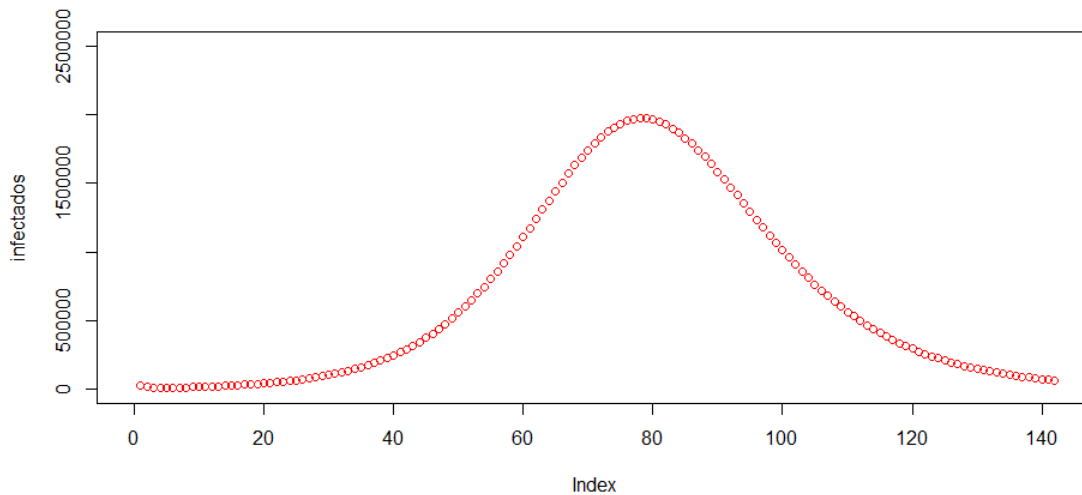


Figura 27. Estimación de casos Activos de COVID-19 en España

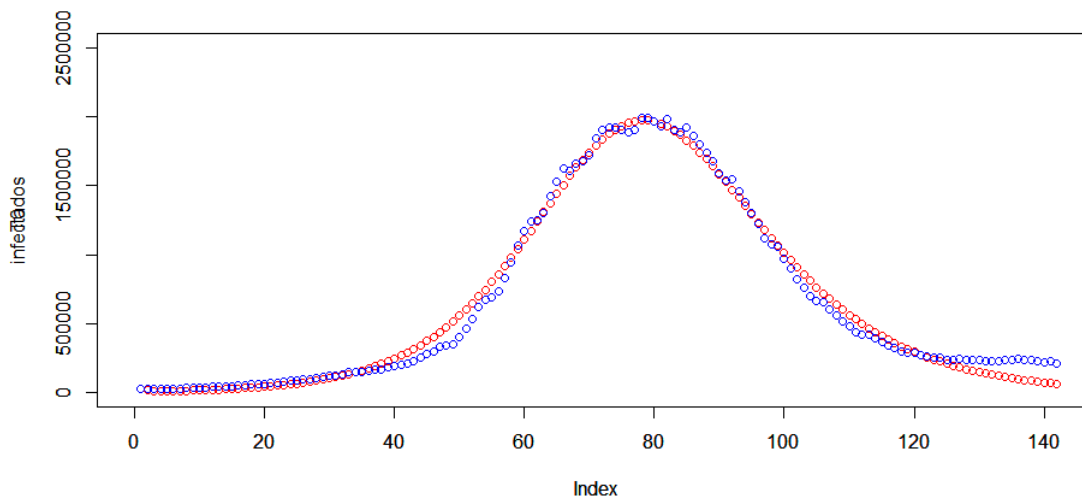


Figura 28. Casos Activos reales y estimados de COVID-19 en España

8.3. Estimación de los parámetros del modelo SEIR por tramos

En el caso anterior, hemos considerado que las condiciones a lo largo de los 142 días se mantienen constantes, pero, en la práctica esto no sucede así, ya que a lo largo de toda la pandemia se ha repetido el mismo patrón, cuando los contagios aumentaban, el gobierno de España, apoyado por los expertos en este tipo de enfermedades, imponían medidas a la población para reducir los contagios, ya fuera limitar la movilidad, el uso de mascarillas en algunos lugares o limitar el número de personas que podían estar en el mismo domicilio a la vez.

Por eso, en este apartado vamos a dividir la serie en 4 partes y, para cada una de estas partes calcularemos los parámetros β , μ , ϵ y γ . Para elegir cada una de las 4 partes vamos a seleccionar aproximadamente los puntos en los que la serie cambia notablemente su

8.Resultados

tendencia, es decir, un punto perteneciente a una zona en la que se aprecia un aumento o un descenso claro de los valores de infectados.

La primera parte va a comprender desde el inicio hasta el día 40, que es un tramo en el que vemos un aumento progresivo del número de infectados, con lo que podemos afirmar que durante ese tramo las medidas de contención del contagio de la enfermedad debieron ser livianas.

La segunda parte va desde el día 41 hasta el 80, que es el tramo en el que los contagios se descontrolan y, seguramente durante este periodo se implantaron varias medidas de contención que se verán sus resultados el tercer y cuarto tramo.

Desde el día 81 hasta el 120 es el tramo para la tercera parte, este es el tramo en el que se empiezan a notar los resultados de las medidas que se tomarían en la segunda parte y, en nivel de contagios de COVID-19 caen en picado con la misma rapidez con la que ascendieron hasta el máximo valor en esos 142 días.

La última parte es desde el día 121 hasta el final, que es el periodo en el que el número de contagios se estabiliza en valores bajos y a partir de aquí se suavizan las medidas de contención de los contagios.

Manteniendo las condiciones iniciales del apartado 8.2, vamos a realizar el mismo número de iteraciones en la búsqueda de la solución que menor distancia euclídea posea para la primera parte de la serie. El resultado que obtenemos es el que se muestra en la Tabla 3. Analizando los resultados de esta primera parte vemos como la tasa de contagios se reduce a una cuarta parte respecto a la tasa global. La tasa de mortalidad, aunque sigue siendo un valor bajo, ha aumentado con respecto al global, en cuanto al tiempo promedio de incubación y de infección, podemos ver como el de incubación aumenta, tomando un valor de 0.4185 y, el de infección toma un valor de 0.1229. En cuanto al error obtenido para esta primera parte, vemos que, aun siendo un valor alto, es bastante menor que el error global, aunque el error lo compararemos al final de la cuarta parte, cuando sumemos el error de las cuatro divisiones.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.2496	0.006	0.4185	0.1229	5.634E+8

Tabla 3. Resultados primera parte

En las Figuras 29 y 30, vemos la serie de 40 días real y la estimada y, en la Figura 31 se muestran ambas superpuestas, a simple vista, podemos ver que la mayoría de los valores estimados encajan con el valor real, por lo que, comparándola con la parte inicial de la estimación para la serie completa, Figura 28, podemos apreciar un ajuste más preciso al estimar los parámetros para este periodo individualmente.

8.Resultados

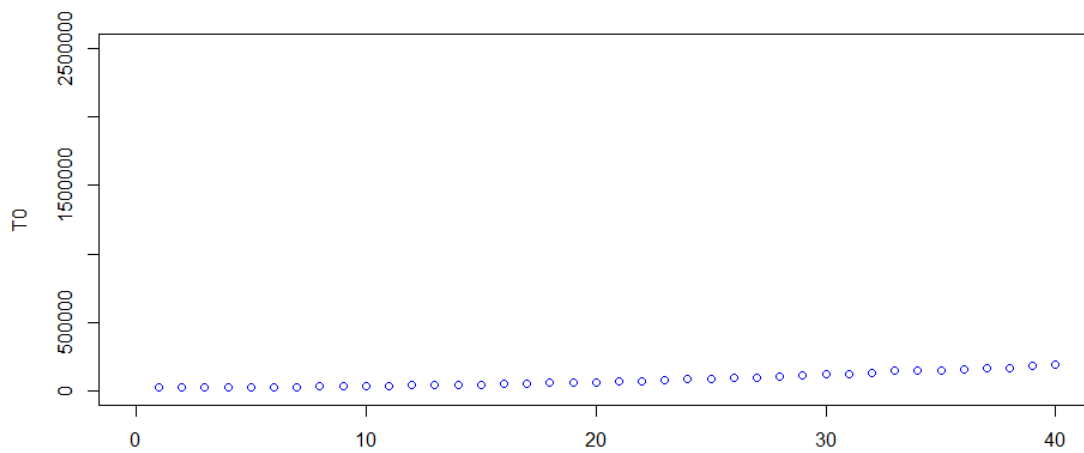


Figura 29. Infectados primera parte

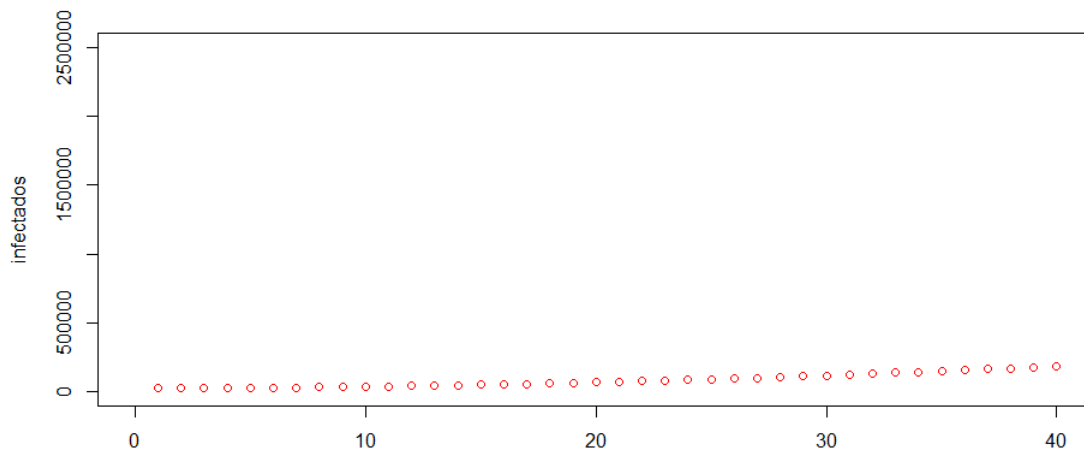


Figura 30. Estimación infectados primera parte

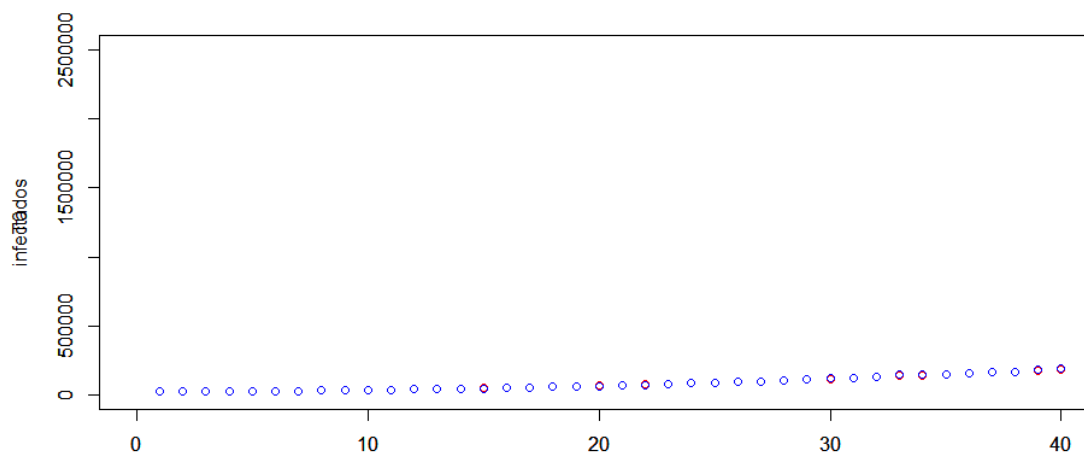


Figura 31. Infectados reales y estimados primera parte

8.Resultados

Los resultados de los parámetros de los días 41 a 80 se muestran en la Tabla 4. Con respecto a los resultados de la primera parte de la serie se puede apreciar un claro aumento de la tasa de contagio y de la tasa de mortalidad, algo entendible ya que es el tramo en el que los infectados crecen hasta alcanzar su punto máximo. En cambio, el tiempo de incubación y el de infección disminuyen.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.9381	0.0547	0.0742	5.4727E-9	5.601E+10

Tabla 4. Resultados segunda parte

Al igual que en la parte anterior, las Figuras 32 y 33 muestran la serie real y la estimación en este segundo tramo y la Figura 34 ambas juntas. En esta última figura podemos ver que la estimación es más imprecisa que en el primer tramo, como vemos en el dato del error 5.601E+10. También vemos que la estimación genera una curva más limpia, no como la figura de los valores reales que presentan algunas ondulaciones que no se estiman.

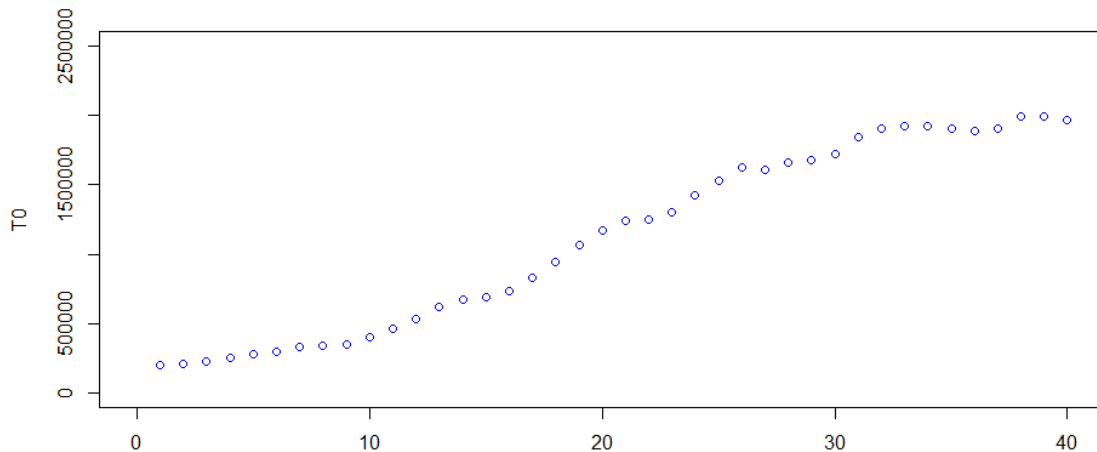


Figura 32. Infectados segunda parte

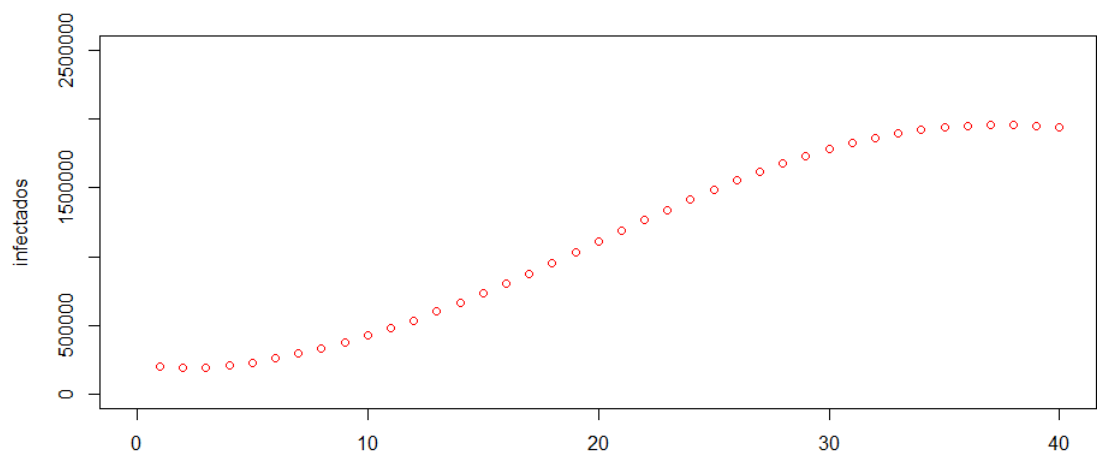


Figura 33. Estimación infectados segunda parte

8.Resultados

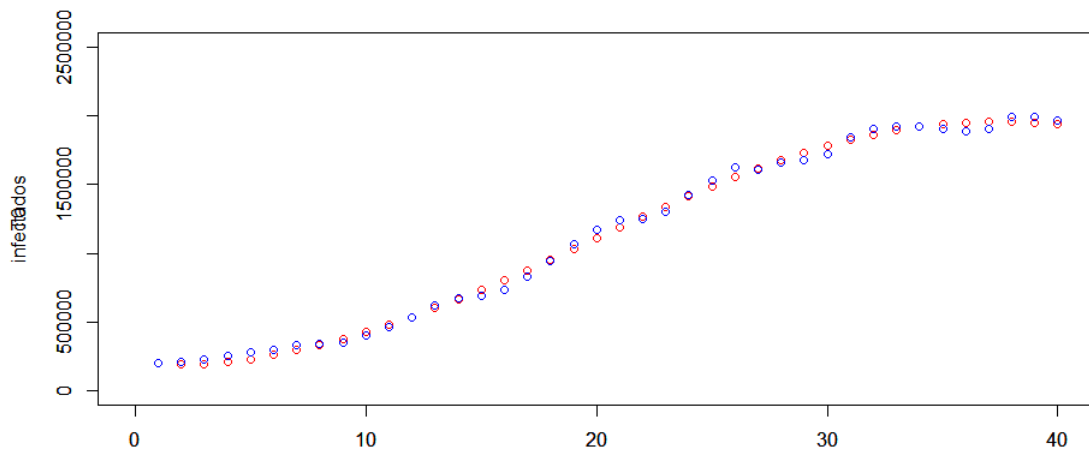


Figura 34. Infectados reales y estimados segunda parte

Para el tercer tramo, que lo compone desde el día 81 hasta el 120 obtenemos los resultados de la Tabla 5. Observamos que la tasa de contagios ha disminuido, lógico y evidente, ya que este tercer tramo es el correspondiente al descenso en el número de infectados, también vemos que la tasa de mortalidad ha aumentado con respecto a los tramos anteriores, esto tiene el sentido de cómo se comporta la enfermedad, puesto que la mortalidad por la enfermedad suele verse reflejada entre 2 y 3 semanas después del contagio, por lo tanto, coincidiría con este tramo. En cuanto al tiempo de incubación vemos que ha aumentado con respecto a los dos tramos anteriores y el tiempo de infección disminuye hasta niveles casi inapreciables.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.0952	0.0796	1.54	2.9872E-17	8.415E+10

Tabla 5. Resultados tercera parte

El error en esta tercera parte ha aumentado con respecto a las anteriores, podemos ver en la Figura 37 como el ajuste de las Figuras 35 y 36 es impreciso, parecido a la segunda parte, que presentan un error parecido.

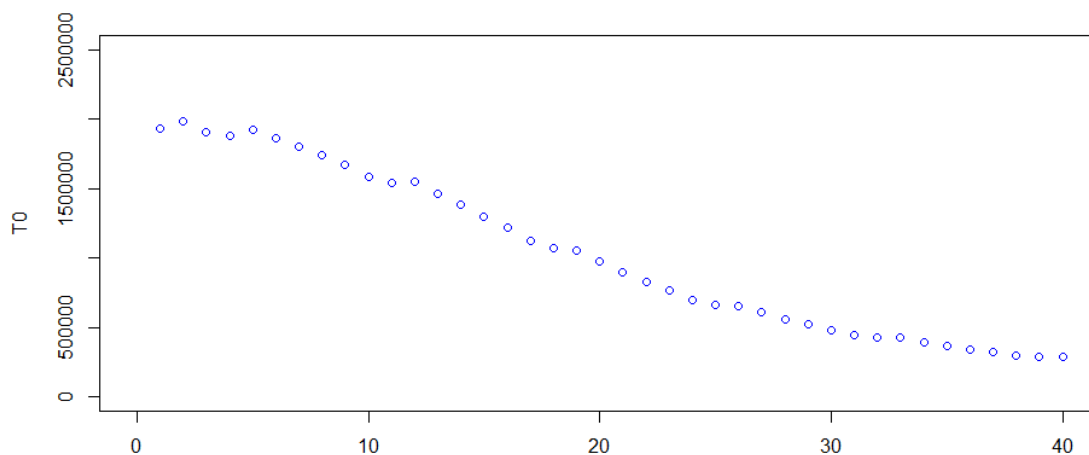


Figura 35. Infectados tercera parte

8.Resultados

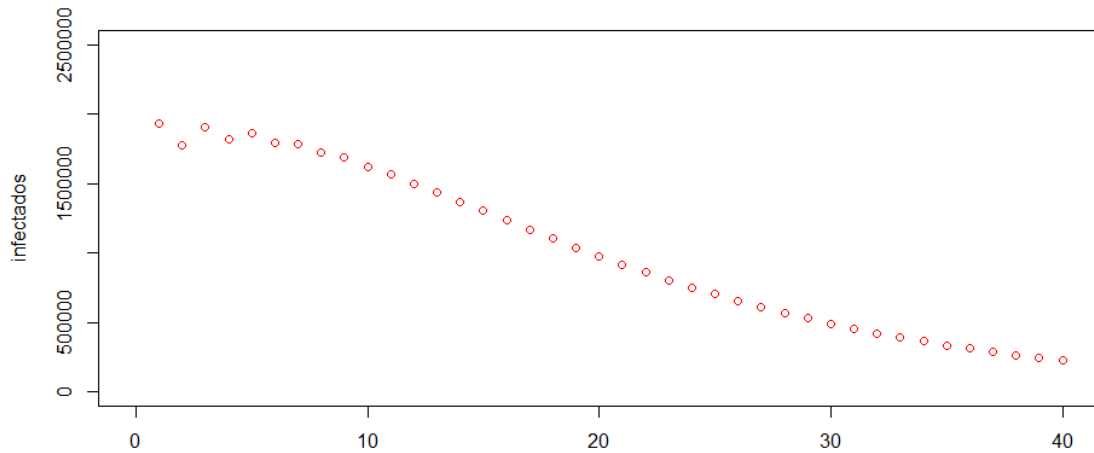


Figura 36. Estimación infectados tercera parte

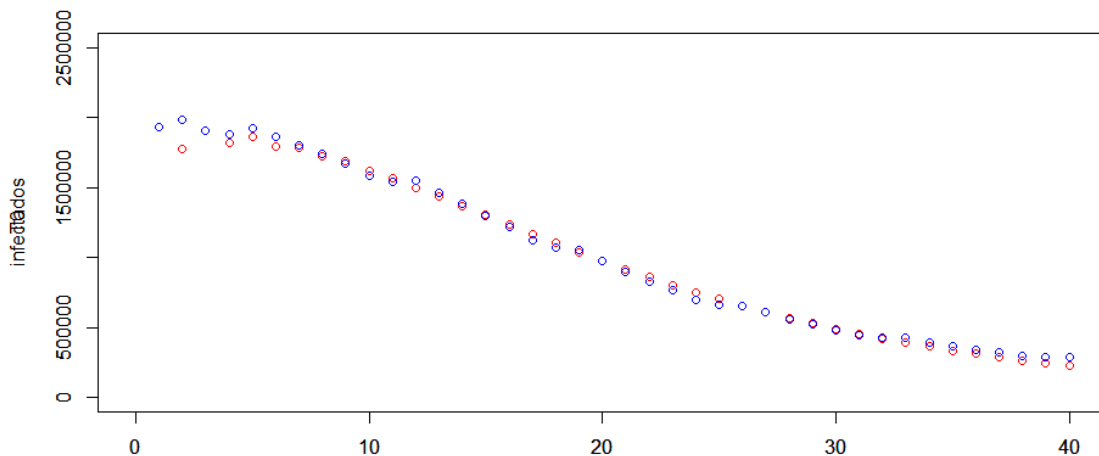


Figura 37. Infectados reales y estimados tercera parte

La Tabla 6 muestra los resultados de los parámetros de la cuarta parte de la serie. En ella vemos como la tasa de contagios ha descendido un poco más que en la tercera parte y la tasa de mortalidad también, el tiempo promedio de incubación también ha descendido bastante en comparación al último que hemos visto en la parte tres y, el tiempo promedio de infección ha aumentado bastante, aunque al igual que en las partes dos y tres, sigue siendo un valor muy pequeño que no afecta casi nada a los resultados obtenidos para los cuatro tipos poblacionales del modelo.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.0892	0.0465	0.1363	3.295E-7	8.289E+8

Tabla 6. Resultados cuarta parte

En este segmento de la serie obtenemos un error similar al del primer tramo y, si nos fijamos en la Figura 40, vemos como el ajuste de la estimación (Figura 39) y el real

8.Resultados

(Figura 38) es bastante apropiado, al ser los dos tramos de la serie que presentan una pendiente casi plana la estimación es más sencilla.

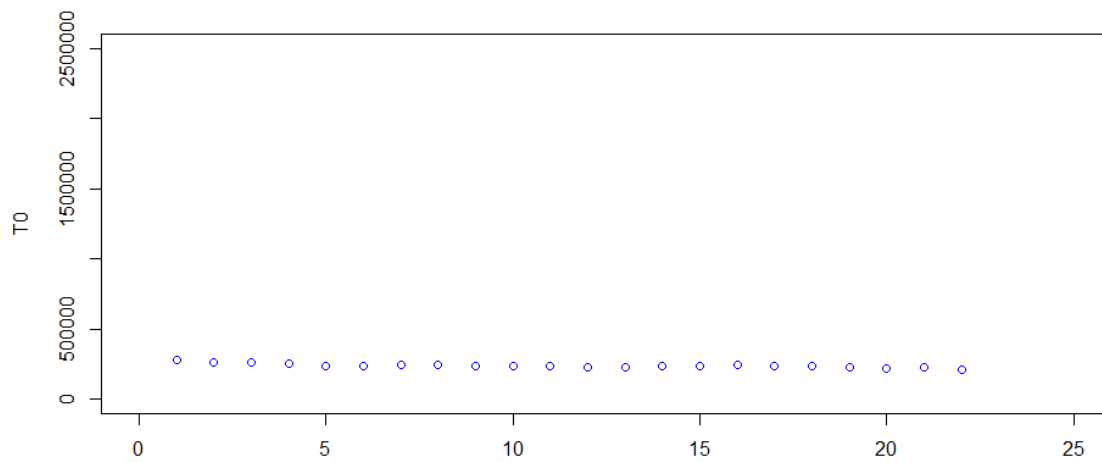


Figura 38. Infectados cuarta parte

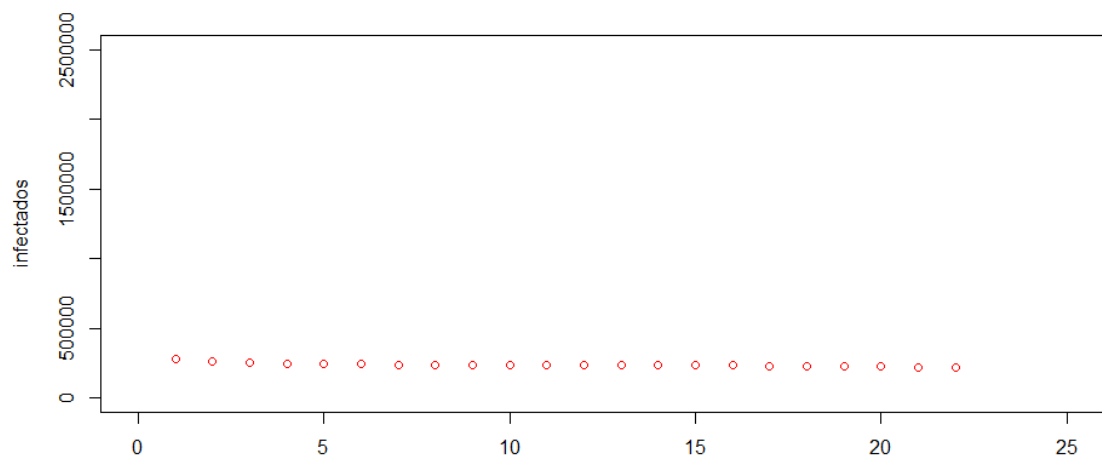


Figura 39. Estimación infectados cuarta parte

8.Resultados

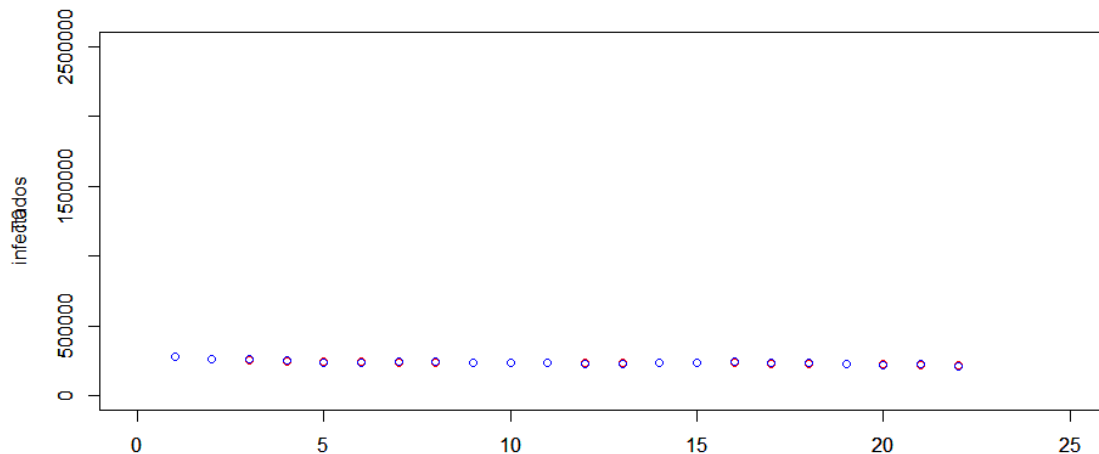


Figura 40. Infectados reales y estimados cuarta parte

Una vez hecho el análisis de los cuatro tramos en los que hemos dividido la serie, vamos a comprobar mediante el error, medido por la distancia euclídea, si el hecho de segmentar la serie supone un cambio en la estimación. Para ello, tenemos el valor de error que obtuvimos en el apartado 8.2 fue de $6,595E+11$ sobre la totalidad de la serie. Para calcular el error en la serie dividida en cuatro partes, vamos a sumar el error obtenido en cada una de ellas, esto hace un error global de $1,415E+11$, lo que supone casi una quinta parte del error obtenido al calcular los parámetros para la totalidad de la serie.

Como suponíamos, calcular los parámetros dividiendo la serie en tramos, considerando que se aplican medidas externas, tanto para evitar que los contagios por la enfermedad se disparen, como para volver a una vida normal cuando se han controlado las infecciones, hace que estos generen unos valores de individuos afectados por la enfermedad más ajustado a lo que ocurrió realmente.

8.4. Estimación de los parámetros del modelo SEIR fijando los valores de ϵ y γ según lo visto en la realidad

En los apartados anteriores, hemos estimado todos los parámetros del modelo SEIR, como si no tuviéramos constancia de sus valores, pero, la realidad es que, hoy en día, sí que se conocen algunos de ellos, o se sabe una estimación de entre que dos valores podría encontrarse.

Este es el caso del tiempo promedio de incubación ($1/\epsilon$) y del tiempo promedio de infección ($1/\gamma$). Según información obtenida de [9], el valor del tiempo promedio de incubación sería de 5,1 días y, el tiempo promedio de infección estaría comprendido entre 2 y 7 días.

En este apartado vamos a estimar los valores de β (Tasa de contagios) y μ (Tasa promedio de defunciones) manteniendo fijo la tasa promedio de incubación y estimando, aunque dentro de un rango definido, el valor del tiempo promedio de incubación. Para ello, respetaremos el mismo código utilizado en los apartados anteriores y, que veremos en el **apartado 7.5**.

8.Resultados

En la Tabla 7 vemos los resultados obtenidos con el método de evolución diferencial para el total de los datos de la serie. Comparando estos resultados con los de su equivalente, Tabla 2, podemos apreciar como el error global ha aumentado, pero teniendo en cuenta que estamos tratando una serie con valores muy elevados, este aumento supone un 23% más que el error en la Tabla 2. Al igual que en el apartado 7.2, la Figura 41 corresponde a los infectados reales y la Figura 42 a la estimación. Comparando ambas juntas, Figura 43, con la correspondiente al apartado 8.2, vemos que no se aprecian diferencias visuales, esto es debido a, como hemos mencionado anteriormente, el error total no ha aumentado demasiado y los valores que estamos tratando son muy elevados, por lo que haría falta un aumento de error mucho más pronunciado para apreciarlo visualmente en las figuras.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.6715	1.6307E-18	0.1961	0.3723	8.142E+11

Tabla 7. Resultado general

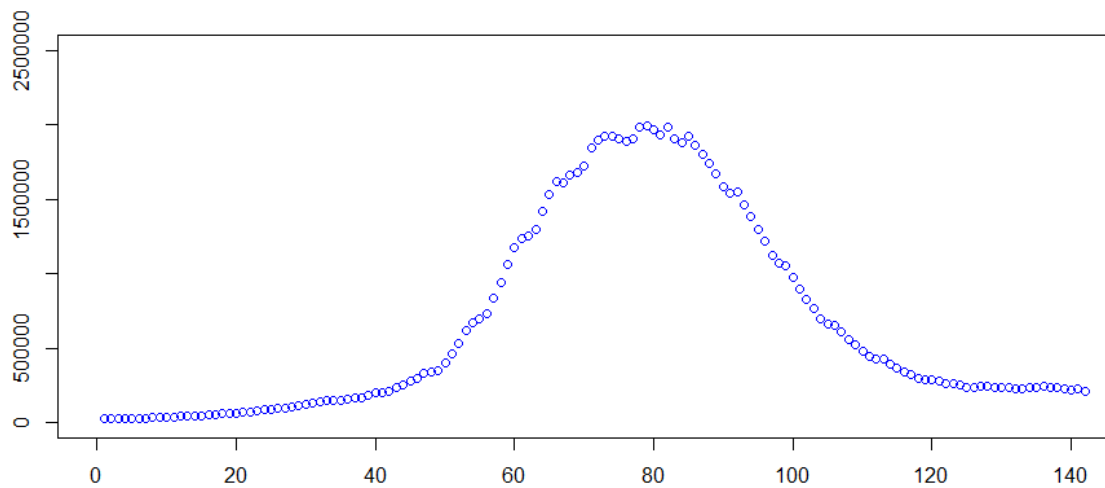


Figura 41. Infectados reales de COVID-19 en España

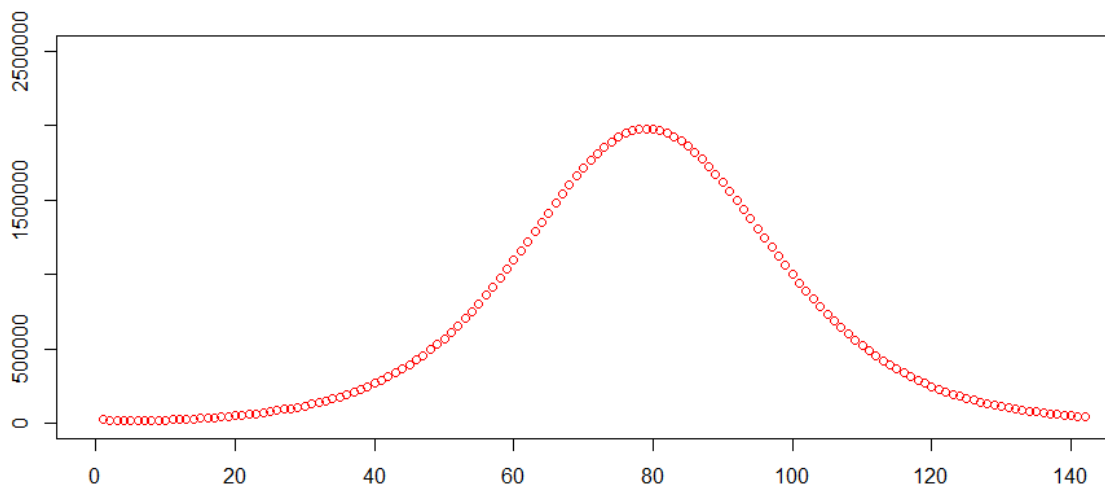


Figura 42. Estimación de infectados reales de COVID-19 en España

8.Resultados

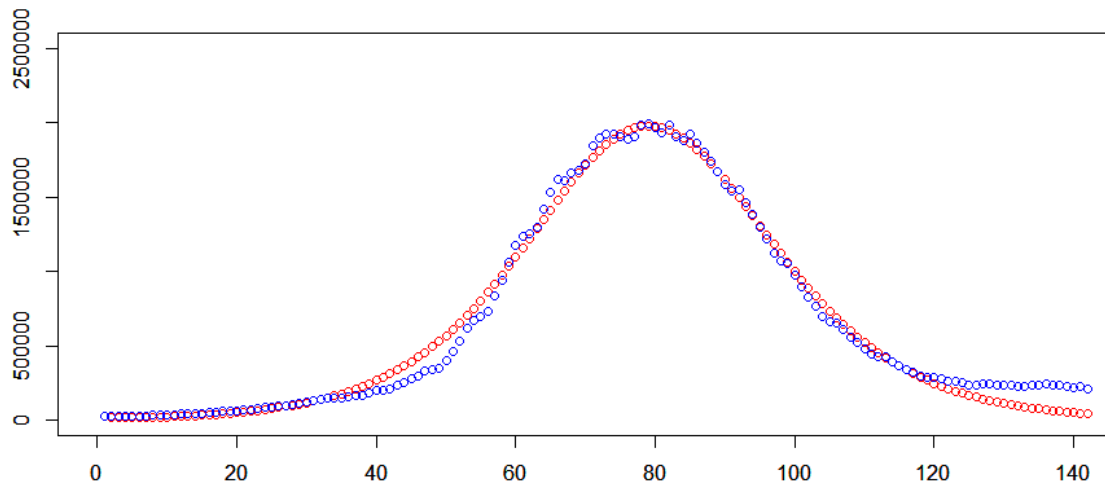


Figura 43. Infectados reales y estimados de COVID-19 en España

Al igual que hicimos en el apartado 8.3, vamos a dividir la serie en cuatro periodos. En la Tabla 8 obtenemos el mejor resultado para el primer tramo. Si la comparamos con la correspondiente al mismo tramo, pero sin fijar ningún valor, Tabla 3, vemos que el error ha aumentado mucho, concretamente un 264%. La Figura 46 muestra la superposición de las Figuras 44, infectados reales para el primer tramo y, 45, estimación de infectados en el primer tramo, comparándola con la Figura 31, se aprecia una estimación más imprecisa, sobre todo en la parte inicial.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.9401	0.0129	0.1961	0.4149	2.054E+9

Tabla 8. Resultados primera parte

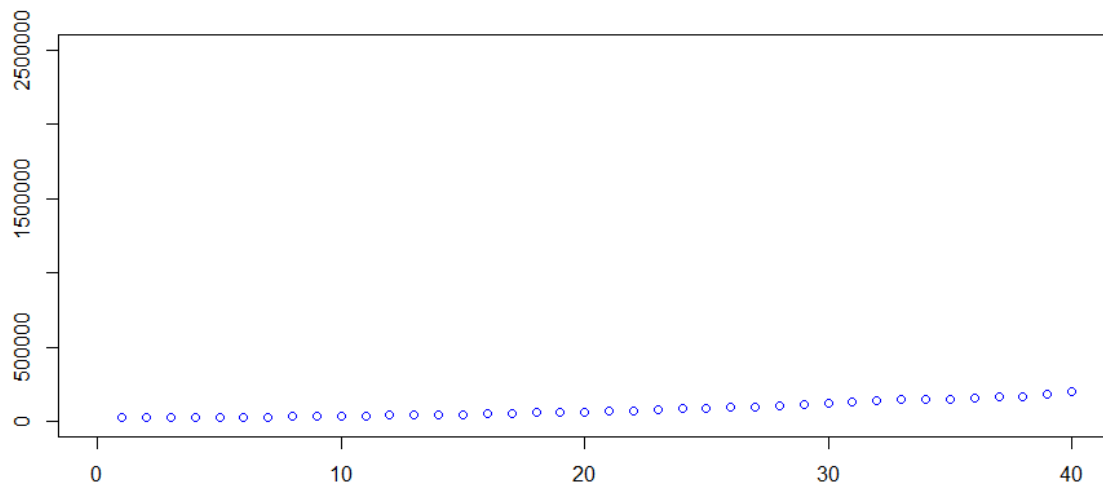


Figura 44. Infectados reales primera parte

8.Resultados

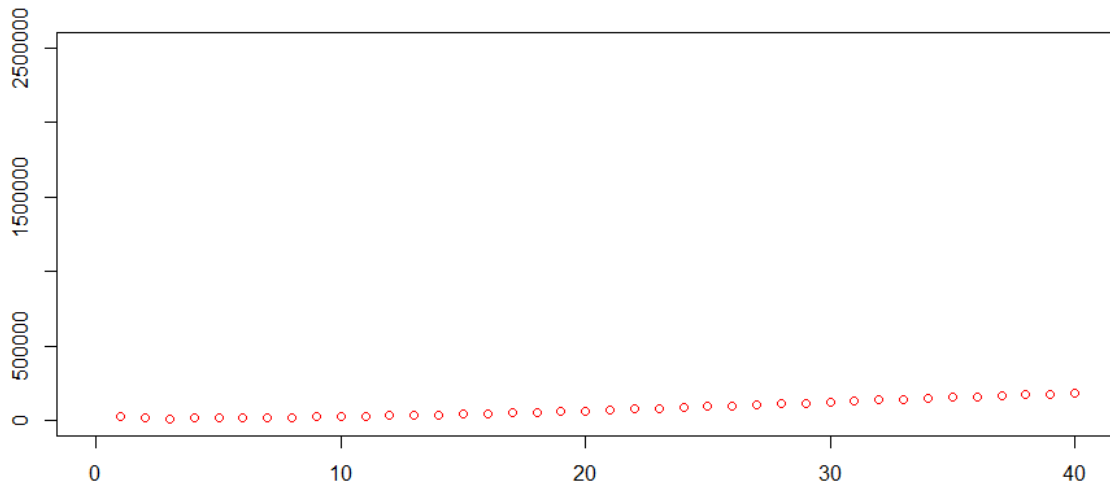


Figura 45. Estimación de infectados primera parte

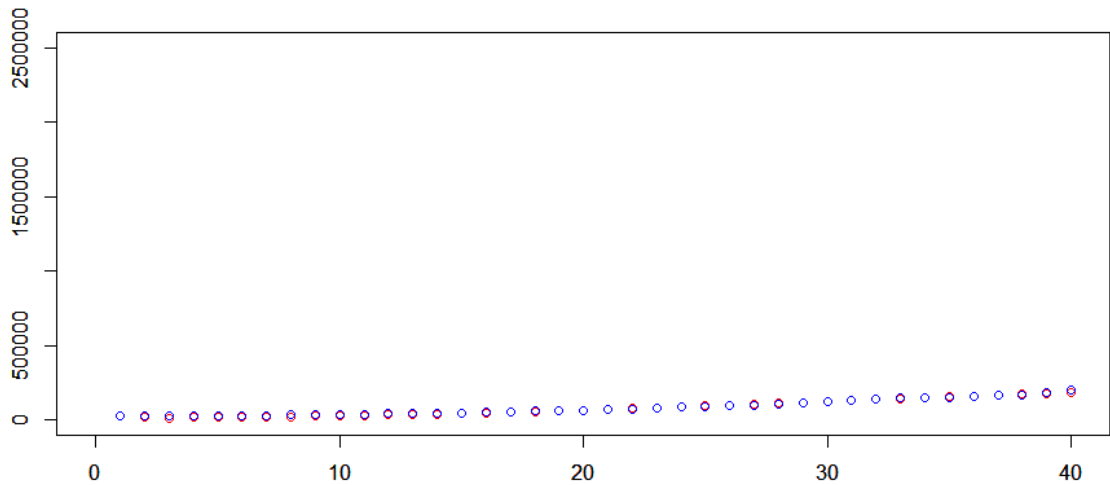


Figura 46. Infectados reales y estimados primera parte

La Tabla 9 muestra los valores obtenidos para el segundo tramo de los cuatro en los que hemos dividido la serie, comparado con su equivalente, Tabla 4, apreciamos que el error aumenta bastante, al igual que en el primer tramo, en este caso el aumento es de 116% respecto al error de la Tabla 4. Uno de los aspectos que llama la atención es el valor de γ , ya que en la Tabla 4 era tan pequeño que era prácticamente cero, en este caso, como hemos fijado un rango de valores, obtiene el valor mínimo posible en ese rango. Igual que en el tramo anterior, la Figura 47 muestra los casos de infectados reales y la Figura 48 la estimación obtenida en este segundo tramo. Al comparar la Figura 49 con la Figura 34, se aprecia sutilmente un ajuste más impreciso en este caso, principalmente en la parte final del tramo que comienza a descender el número de infectados estimados unos cuantos días antes.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.6704	0.0265	0.1961	0.1428	1.2145E+11

Tabla 9. Resultados segunda parte

8.Resultados

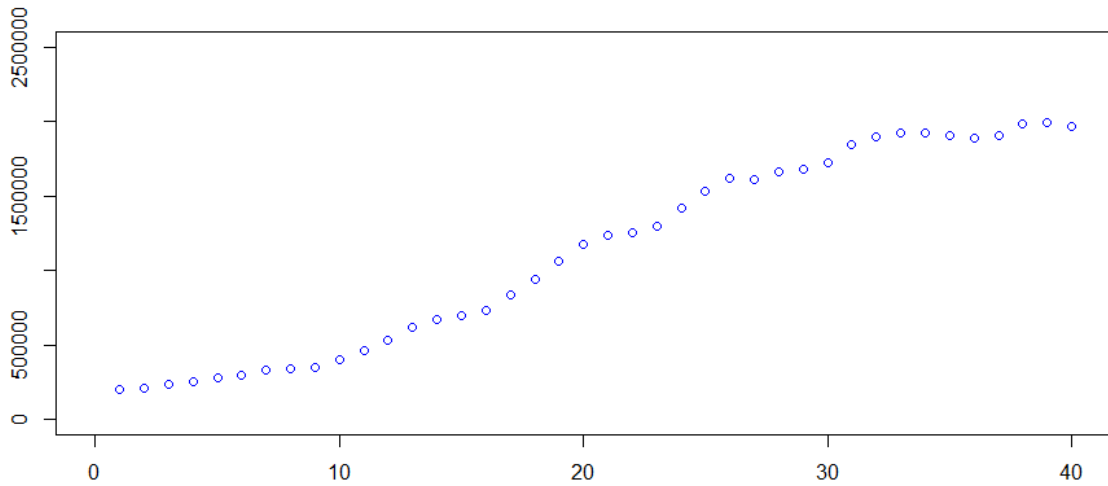


Figura 47. Infectados reales segunda parte

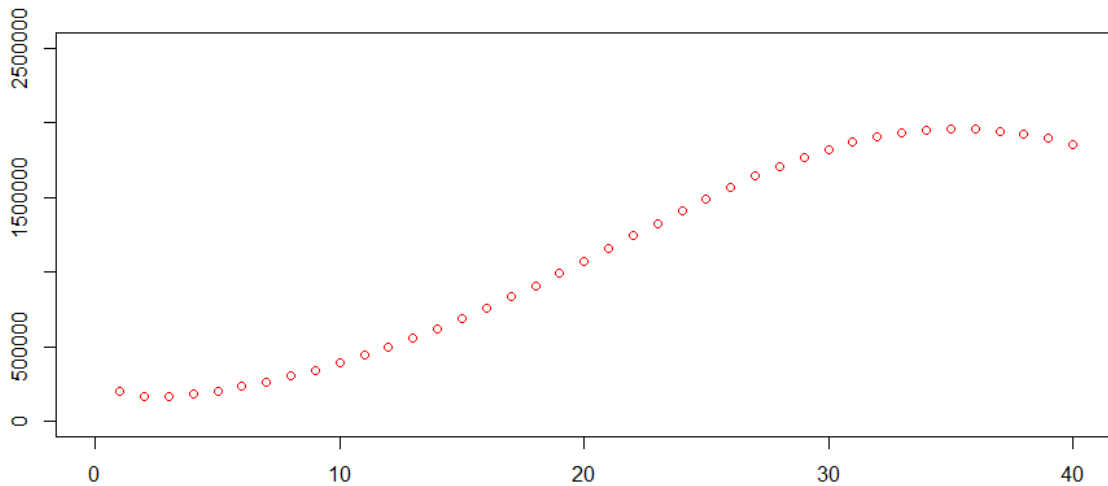


Figura 48. Estimación de infectados segunda parte

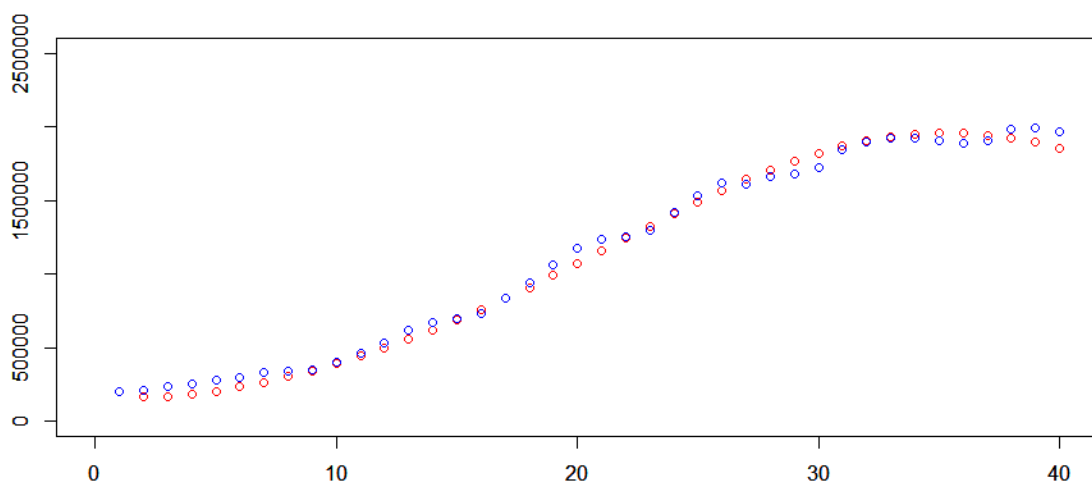


Figura 49. Infectados reales y estimados segunda parte

La Tabla 10 muestra los valores obtenidos en la tercera subdivisión de los datos, comparando el error de esta estimación con el de la Tabla 5, vemos que ha aumentado un 1980%. También podemos apreciar como el valor que hemos fijado para ϵ es mucho

8.Resultados

más pequeño que el que obtuvimos en la Tabla 5, cuando aceptábamos cualquier valor. Hasta ahora, se podía apreciar cierto error entre los valores reales y los estimados fijándonos en la figura que superpone ambas funciones, pero, en este tercer tramo, Figura 52 (superposición de la Figura 50 (infectados reales) y la Figura 51 (estimación de infectados), se aprecia claramente un gran error al inicio del tramos, estimando muy por debajo del valor real, pasando a estimar por encima en el tramo central y, volviendo a estimar menos de lo debido en la parte final.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.5076	0.0639	0.1961	0.1428	1.7511E+12

Tabla 10. Resultados tercera parte

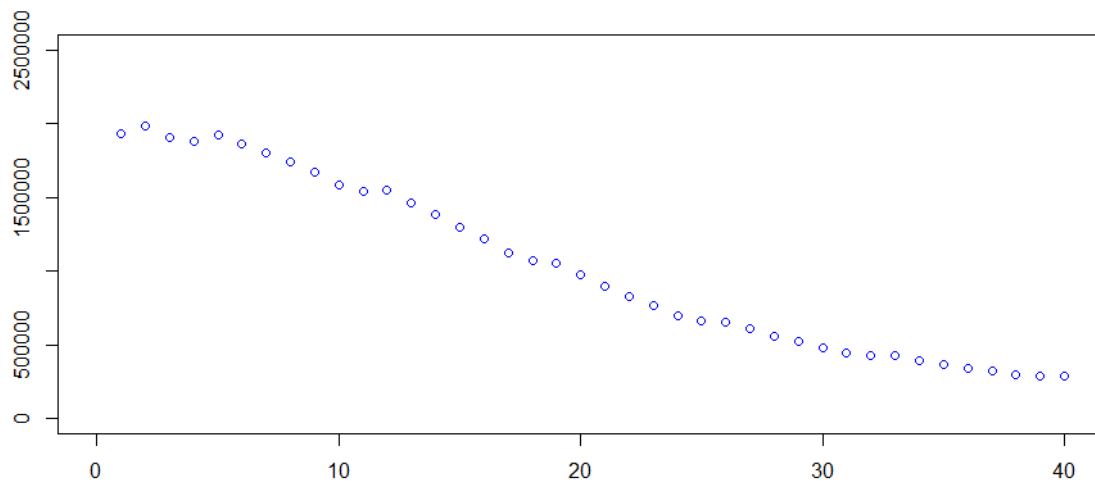


Figura 50. Infectados reales tercera parte

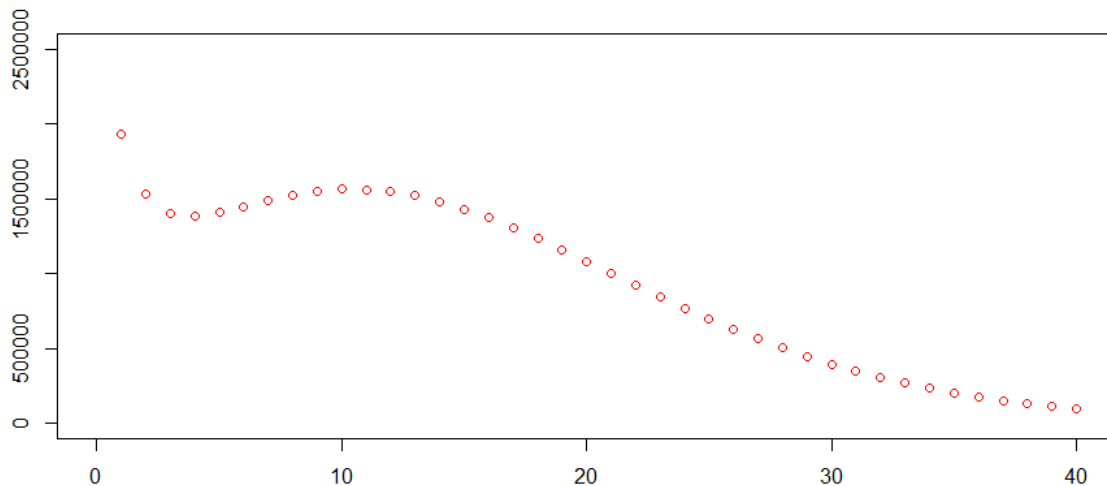


Figura 51. Estimación de infectados tercera parte

8.Resultados

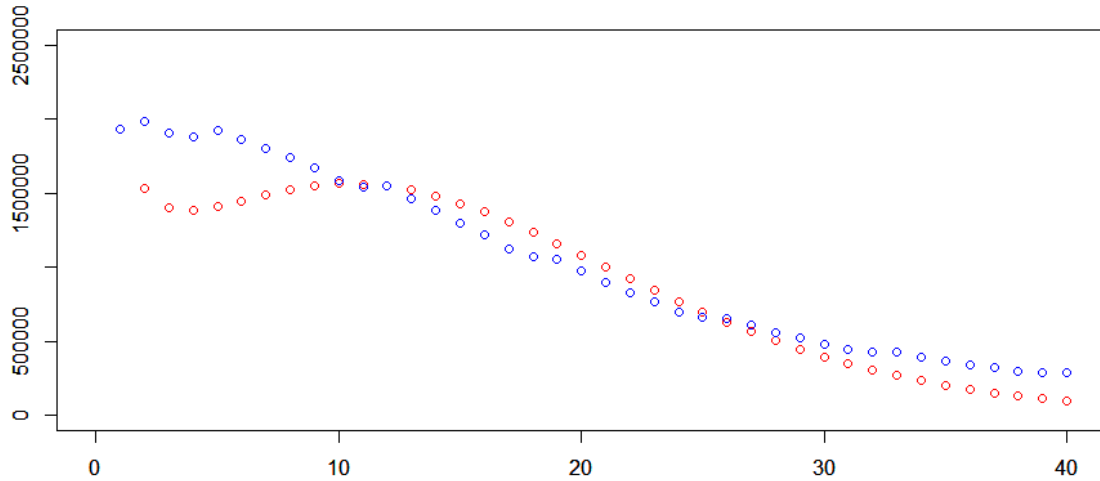


Figura 52. Infectados reales y estimados tercera parte

El error para este cuarto tramo, Tabla 11, aumenta un 5088% con respecto al cuarto tramo anterior, Tabla 6. Uno de los resultados llamativos es el valor de γ en el segundo, tercero y cuarto tramo de la serie al segmentarla, ya que en estos tres resultados siempre toma el mínimo valor posible del rango de valores que le hemos asignado. Por último, si comparamos la Figura 55, infectados reales (Figura 53) y estimación de infectados (Figura 54), con la correspondiente al último tramos del apartado 8.3, Figura 40, vemos una diferencia notable en los valores estimados correspondientes a la primera parte del tramo.

β	μ	ϵ	γ	Error
0.4439	0.0531	0.1961	0.1428	1.271E+10

Tabla 11. Resultados cuarta parte

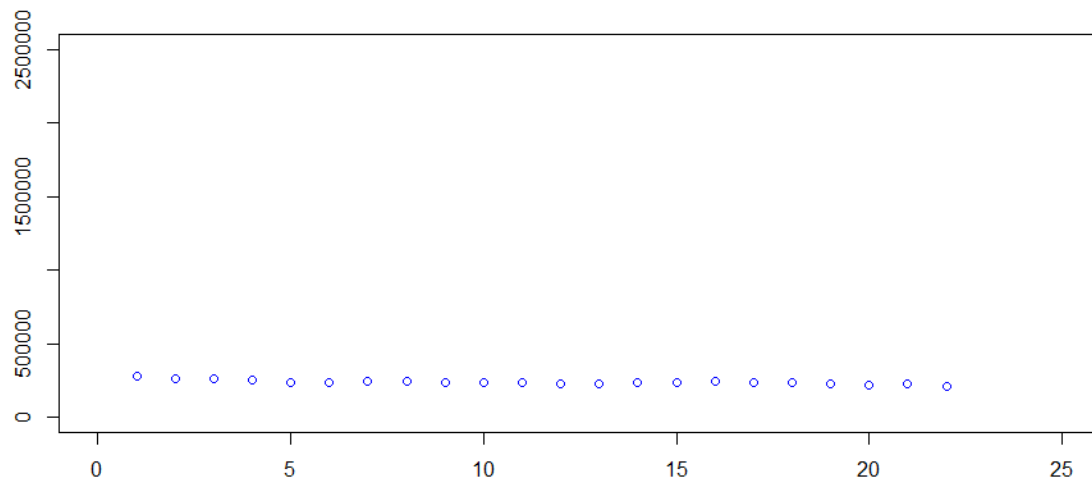


Figura 53. Infectados reales cuarta parte

8.Resultados

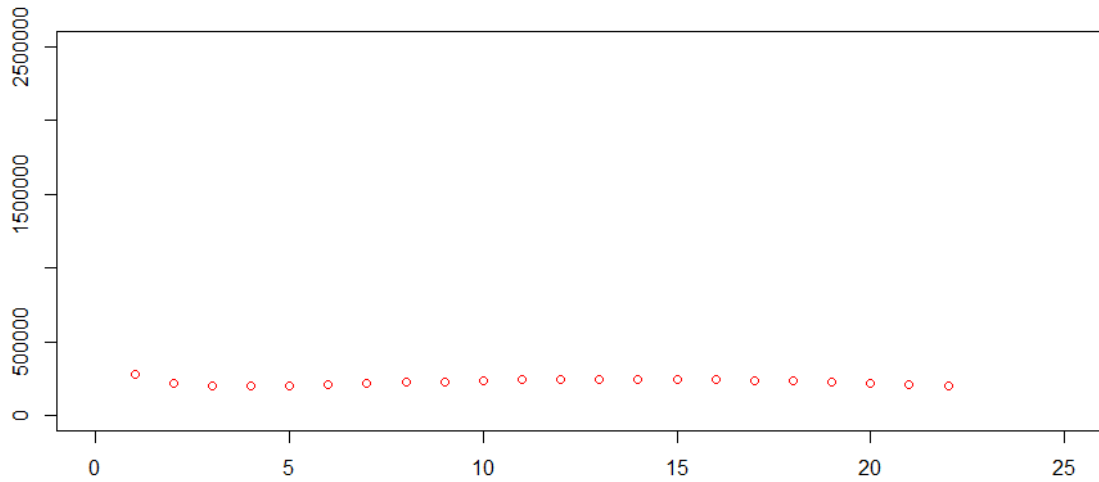


Figura 54. Estimación de infectados cuarta parte

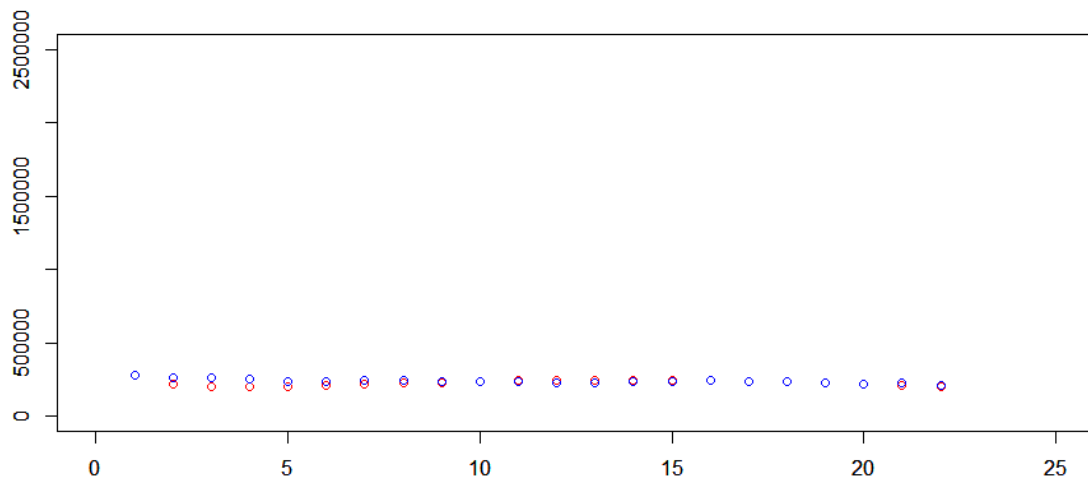


Figura 55. Infectados reales y estimados cuarta parte

Una vez hemos realizado todas las estimaciones, podemos apreciar que el error de estimación es mayor en el caso de fijar los valores de ϵ y γ , principalmente debido a que en varias ocasiones la evolución diferencial considera que γ debe ser un valor más pequeño que el mínimo que hemos fijado para obtener individuos que sean una solución más óptima al problema.

9.Conclusiones

En el apartado 8, hemos estimado mediante el algoritmo de evolución diferencial los parámetros β , μ , ϵ y γ del modelo epidemiológico SEIR para 142 días contenidos desde el 1 de noviembre de 2021 hasta el 22 de marzo de 2022, lo hemos hecho para el conjunto global de los datos y para la serie dividida en 4 periodos, suponiendo que durante este periodo se realizaban acciones para modificar el curso natural de infecciones.

Hemos comprobado que tener en cuenta acciones por parte de agentes externos al virus, es decir, contemplar las normativas con las que se controla el comportamiento de la población, nos proporciona una estimación con un error más pequeño que no tenerlo en cuenta y, asumir que el comportamiento durante todo el periodo es idéntico.

También hemos comprobado que al estimar el número de infectados sobre una población tan grande genera un valor para el error muy elevado, ya que, aun siendo una muestra pequeña de 142 datos, cualquier mínimo error de estimación, va a generar una distancia euclídea muy amplia.

10.Líneas futuras

Como hemos visto durante esta última pandemia de la COVID-19, el surgimiento de una nueva enfermedad en cualquier lugar del mundo acaba afectando a prácticamente la totalidad de este. Dicho esto, es evidente que intentar adelantarse al estado de este tipo de enfermedades supone evitar muchos contagios y salvar muchas vidas, por lo que comprender y mejorar los modelos epidemiológicos que hemos visto en el apartado 3.1.2 es fundamental para conseguirlo. También, hemos visto como estos modelos no contemplan las acciones que realizan los gobiernos de cada país, únicamente predicen sobre el comportamiento natural de las personas. Por eso, este sería uno de los factores a tratar en el futuro, es decir, poder añadir alguna variable o ecuación que derive en un nuevo modelo que pueda contemplar alguna de las acciones que han sido más comunes en la mayoría de los países, como pudiera ser el aislamiento, la distancia de seguridad entre personas o el uso de productos que ayudan a prevenir los contagios y, así, añadir la información obtenida y la experiencia adquirida en esta última pandemia.

11. Bibliografía

11. Bibliografía

[1] <https://cobcm.net/blogcobcm/2020/04/14/sars-cov-2-biologia-estructura/>

[2] José L. Sainz-Pardo, José Valero, COVID-19 and other viruses: Holding back its spreading by massive testing, *Expert Systems with Applications*, Volume 186, 2021, 115710, ISSN 0957-4174, <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2021.115710>.

[3] Autor, C., Ramón Garduño Juárez, Instituto de Ciencias Físicas, UNAM. Miembro de la Academia de Ciencia de Morelos (2018, 21 de Septiembre) Algoritmos genéticos. Conogasi, Conocimiento para la vida. Fecha de consulta: Junio 3, 2023 Autor Conogasi. (2018). Algoritmos genéticos. 2023, Junio 3, Conogasi.org Sitio web: <https://conogasi.org/articulos/algoritmos-geneticos/>.

[4] Diseño de algoritmos genéticos para la detección de daños en estructuras - Scientific Figure on ResearchGate. Available from: https://www.researchgate.net/figure/Figura-23-Operador-de-Combinacion-con-un-solo-punto-de-cruza_fig3_315074828 [accessed 3 Jun, 2023]

[5] Diseño de algoritmos genéticos para la detección de daños en estructuras - Scientific Figure on ResearchGate. Available from: https://www.researchgate.net/figure/Figura-24-Operador-de-Mutacion-Para-la-creacion-de-nuevas-soluciones-aplicando-el_fig4_315074828 [accessed 3 Jun, 2023].

[6] Storn, R., Price, K. Differential Evolution – A Simple and Efficient Heuristic for global Optimization over Continuous Spaces. *Journal of Global Optimization* **11**, 341–359 (1997).

[7] Storn, Rainer & Price, Kenneth. (1995). Differential Evolution: A Simple and Efficient Adaptive Scheme for Global Optimization Over Continuous Spaces. *Journal of Global Optimization*. 23.

[8] Esquema Adaptativo para el Manejo de Restricciones de Límite en Problemas de Optimización Numérica Restringida - Scientific Figure on ResearchGate. Available from: https://www.researchgate.net/figure/Figura-27-Diagrama-de-flujo-del-algoritmo-de-Evolucion-Diferencial_fig2_341220004 [accessed 3 Jun, 2023]

[9] Quesada JA, López-Pineda A, Gil-Guillén VF, Arriero-Marín JM, Gutiérrez F, Carratala-Munuera C. Período de incubación de la COVID-19: revisión sistemática y metaanálisis [Incubation period of COVID-19: A systematic review and meta-analysis]. *Rev Clin Esp (Barc)*. 2021 Feb;221(2):109-117. Spanish. doi: 10.1016/j.rce.2020.08.005. Epub 2020 Oct 1. PMID: 33024342; PMCID: PMC7528969.

12.Anexos

12.Anexos

Como información adicional, a continuación, se muestra el código utilizado en la elaboración de los resultados expuestos en el apartado 8 y que, hemos explicado en el 7.

```
1 #Definir los vectores con los individuos que son posibles candidatos
2 ep<-1/5.1
3 gp1<-1/2
4 gp2<-1/7
5 epsilon <- runif(100,min = ep,max=ep)
6 beta <- runif(100,min = 0.01,max=100)
7 mu <- runif(100,min = 0.01,max=1)
8 gamma <- runif(100,min = gp2,max=gp1)
9 matriz <- cbind(epsilon,beta,mu,gamma)
10 verror <- c()
```

Bloque de código 1

```
12 #calcular el error para cada uno de los individuos iniciales generados al azar
13 for (k in 1:length(matriz[,1])){
14   expuestos<-c(0)
15   infectados<-c(T0[1])
16   recuperados<-c(datos['Total.Fallecidos'][1,])
17   susceptibles<-c(N-expuestos[1]-infectados[1]-recuperados[1])
18   vfinal <- matriz[k,]
19   for (i in 1:length(T0)-1){
20     delta_susceptibles <- tas_nac - (vfinal[2]*susceptibles[i]*infectados[i]/N)-
21     vfinal[3]*susceptibles[i]
22     delta_expuestos <- (vfinal[2]*susceptibles[i]*infectados[i]/N) -
23     (vfinal[1]+vfinal[3])*expuestos[i]
24     delta_infectados <- vfinal[1]*expuestos[i] -
25     (vfinal[4]+vfinal[3])*infectados[i]
26     delta_recuperados <- vfinal[4]*infectados[i] -
27     vfinal[3]*recuperados[i]
28     nuevo_susceptibles <- susceptibles[i] + delta_susceptibles
29     nuevo_expuestos <- expuestos[i] + delta_expuestos
30     nuevo_infectados <- infectados[i] + delta_infectados
31     nuevo_recuperados <- recuperados[i] + delta_recuperados
32     susceptibles <- c(susceptibles, nuevo_susceptibles)
33     expuestos <- c(expuestos, nuevo_expuestos)
34     infectados <- c(infectados, nuevo_infectados)
35     recuperados <- c(recuperados, nuevo_recuperados)
36   }
37   plot(infectados)
38   error = 0
39   for (i in 1:length(T0)){
40     e <- (infectados[i] - T0[i])^2
41     error = error + e
42   }
43   verror <- c(verror,error)
44 }
```

Bloque de código 2

```
46 #Variables de Factor F y constante de cruce
47 FactorF <- runif(1,min=0,max=2)
48 CrossoverP <- runif(1,min=0,max=1)
49 #Inicio del bucle while
50 #Condicion de parada 1000 iteraciones
51 parada <- 1000
52 inicio <- 1
53 #Vector para guardar el mejor resultado
54 vectorfinal <- c()
55 #Variable para cuantificar el error
56 errorfinal <- 0
```

Bloque de código 3

12.Anexos

```
58 #Bucle para que se ejecute mientras no se alcance la condicion de parada
59 while (inicio < parada){
60 #Bucle para recorrer todos los posibles candidatos a solucion
61 for (h in 1:length(matriz[,1])){
62     tt <- TRUE
63     #Seleccionar un numero aleatorio entre 1 y 4
64     Jr <- sample(1:4,1)
65     #Seleccionar un numero aleatorio entre 0 y 1
66     ri <- runif(1,min=0,max=1)
67     #Seleccionar dos numeros aleatorios entre 1 y 100 y comprobar que sean
68     #diferentes
69     a1 <- sample(1:100,1)
70     a2 <- sample(1:100,1)#Tiene que ser distinto de a1
71 while (a2 == a1){
72     a2 <- sample(1:100,1)#Tiene que ser distinto de a1
73 }
74 #Seleccionar un tercer numero aleatorio que sea distinto a los otros dos
75 a3 <- sample(1:100,1)#Tiene que ser distinto de a1 y a2
76 while (a3 == a2 | a3 == a1){
77     a3 <- sample(1:100,1)#Tiene que ser distinto de a1 y a2
78 }
79 #Crear los tres vectores con los individuos que corresponden a los tres
80 #numeros aleatorios
81 v1 <- matriz[a1,]
82 v2 <- matriz[a2,]
83 v3 <- matriz[a3,]
84 #Individuo original que puede ser sustituido por el nuevo candidato
85 vo <- matriz[h,]#Vector i que puede ser sustituido
86 #Nuevo individuo candidato a formar parte de la poblacion
87 vfinal <- v1 + FactorF*(v2 - v3)
88 #Comprobar que los valores del nuevo individuo sean mayores a cero, si
89 #alguno no lo es se sustituye por el valor del individuo original
90 for (c in 1:length(vfinal)){
91     if (vfinal[c] < 0){
92         vfinal[c] <- vo[c]
93     }
94 }
95 #Para aumentar la diversidad comprobamos si el valor ri es mayor que el
96 #valor de cruce, si es asi se sustituye el valor j en el individuo nuevo
97 #por el del original
98 for (j in 1:Jr){
99     posA1 <- sample(1:4,1)
100     if (ri > CrossoverP){
101         vfinal[posA1] <- vo[posA1]
102     }
103 }
104 if(vfinal[4]<gp2){
105     vfinal[4] <- gp2
106 }else if(vfinal[4]>gp1){
107     vfinal[4] <- gp1
108 }
109 vfinal
```

Bloque de código 4

12.Anexos

```
110 #Se generan los valores de inicio del proceso para los individuos
111 expuestos<-c(0)
112 infectados<-c(T0[1])
113 recuperados<-c(datos['Total.Fallecidos'][1,])
114 susceptibles<-c(N-expuestos[1]-infectados[1]-recuperados[1])
115 #Se estiman los resultados para el individuo nuevo
116 for (i in 1:length(T0)-1){
117   delta_susceptibles <- tas_nac - (vfinal[2]*susceptibles[i]*
118     infectados[i]/N) - vfinal[3]*susceptibles[i]
119   delta_expuestos <- (vfinal[2]*susceptibles[i]*infectados[i]/N) -
120     (vfinal[1]+vfinal[3])*expuestos[i]
121   delta_infectados <- vfinal[1]*expuestos[i] - (vfinal[4]+vfinal[3])*
122     infectados[i]
123   delta_recuperados <- vfinal[4]*infectados[i] - vfinal[3]*recuperados[i]
124   nuevo_susceptibles <- susceptibles[i] + delta_susceptibles
125   nuevo_expuestos <- expuestos[i] + delta_expuestos
126   nuevo_infectados <- infectados[i] + delta_infectados
127   nuevo_recuperados <- recuperados[i] + delta_recuperados
128   susceptibles <- c(susceptibles, nuevo_susceptibles)
129   expuestos <- c(expuestos, nuevo_expuestos)
130   infectados <- c(infectados, nuevo_infectados)
131   recuperados <- c(recuperados, nuevo_recuperados)
132 }
133 plot(infectados)
134 #Se calcula el error y si es menor que el individuo original se sustituye
135 error = 0
136 errorrec = 0
137 for (i in 1:length(T0)){
138   e <- (infectados[i] - T0[i])^2
139   error = error + e
140 }
141 error
142 #Si el error en cualquiera de los casos es tan grande que acaba teniendo de
143 #valor nan, se sustituye por un valor muy elevado,asegurandose que ese
144 #individuo no se vaya a seleccionar
145 if (is.nan(verror[h])){
146   verror[h] <- 10000000000000000
147 }else if(is.nan(error)){
148   error <- 100000000000000001
149 }else if(error < verror[h]){
150   matriz[h,] <- vfinal
151   verror[h] <- error
152   #Obtener el individuo de menor error
153   vectorfinal <- c(vfinal[1],vfinal[2],vfinal[3],vfinal[4])
154   errorfinal <- error
155 }
156 }
157 inicio <- inicio + 1
158 }
```

Bloque de código 5

```
160 #Realizar la estimacion del modelo para el mejor resultado
161 expuestos<-c(0)
162 infectados<-c(datos['Casos.Activos'][1,])
163 infectados<-c(T0[1])
164 recuperados<-c(datos['Total.Fallecidos'][1,])
165 susceptibles<-c(N-expuestos[1]-infectados[1]-recuperados[1])
166 vfinal <- vectorfinal
```

Bloque de código 6

12.Anexos

```
168 ▾ for (i in 1:length(T0)-1){
169   delta_susceptibles <- tas_nac - (vfinal[2]*susceptibles[i]*infectados[i]/N) -
170     vfinal[3]*susceptibles[i]
171   delta_expuestos <- (vfinal[2]*susceptibles[i]*infectados[i]/N) -
172     (vfinal[1]+vfinal[3])*expuestos[i]
173   delta_infectados <- vfinal[1]*expuestos[i] - (vfinal[4]+vfinal[3])*
174     infectados[i]
175   delta_recuperados <- vfinal[4]*infectados[i] - vfinal[3]*recuperados[i]
176   nuevo_susceptibles <- susceptibles[i] + delta_susceptibles
177   nuevo_expuestos <- expuestos[i] + delta_expuestos
178   nuevo_infectados <- infectados[i] + delta_infectados
179   nuevo_recuperados <- recuperados[i] + delta_recuperados
180   susceptibles <- c(susceptibles, nuevo_susceptibles)
181   expuestos <- c(expuestos, nuevo_expuestos)
182   infectados <- c(infectados, nuevo_infectados)
183   recuperados <- c(recuperados, nuevo_recuperados)
184 ▸ }
185
186 #Realizar un grafico con la estimacion de infectados para el individuo con menor
187 #error y compararlo con los datos reales de infectados
188 vfinal
189 plot(infectados,ylim = c(0,2500000), xlim = c(0,140),col="red")
190 par(new=TRUE)
191 plot(T0,ylim = c(0,2500000), xlim = c(0,140),col="blue")
192 errorfinal
```

Bloque de código 7