



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE INGENIERÍA

**Observación y estimación
paramétrica en modelos SIR y SEIR
de orden fraccionario: Aplicación en
la variante Ómicron del SARS-COV-2
en México**

TESIS

Que para obtener el título de
Ingeniero Eléctrico-Electrónico

P R E S E N T A

Gustavo Chávez Peña

DIRECTOR DE TESIS

Dr. Marcos Ángel González Olvera



Ciudad Universitaria, Cd. Mx., 2025



**PROTESTA UNIVERSITARIA DE INTEGRIDAD Y
HONESTIDAD ACADÉMICA Y PROFESIONAL
(Titulación con trabajo escrito)**



De conformidad con lo dispuesto en los artículos 87, fracción V, del Estatuto General, 68, primer párrafo, del Reglamento General de Estudios Universitarios y 26, fracción I, y 35 del Reglamento General de Exámenes, me comprometo en todo tiempo a honrar a la institución y a cumplir con los principios establecidos en el Código de Ética de la Universidad Nacional Autónoma de México, especialmente con los de integridad y honestidad académica.

De acuerdo con lo anterior, manifiesto que el trabajo escrito titulado OBSERVACION Y ESTIMACION PARAMETRICA EN MODELOS SIR Y SEIR DE ORDEN FRACCIONARIO: APLICACION EN LA VARIANTE OMICRON DEL SARS-COV-2 EN MEXICO que presenté para obtener el título de INGENIERO ELÉCTRICO ELECTRÓNICO es original, de mi autoría y lo realicé con el rigor metodológico exigido por mi Entidad Académica, citando las fuentes de ideas, textos, imágenes, gráficos u otro tipo de obras empleadas para su desarrollo.

En consecuencia, acepto que la falta de cumplimiento de las disposiciones reglamentarias y normativas de la Universidad, en particular las ya referidas en el Código de Ética, llevará a la nulidad de los actos de carácter académico administrativo del proceso de titulación.

GUSTAVO CHAVEZ PEÑA
Número de cuenta: 309126544

Dedicatoria

A mis padres, que son las personas más importantes en mi vida, que se que siempre estarán ahí para apoyarme incondicionalmente y que no tengo palabras para expresar todo el amor que siento por ellos. A mi familia que me brindó su confianza y fuerza para seguir adelante sin importar las dificultades que se presentaran y que saben que siempre podrán contar conmigo.

A mi novia Melisa que siempre estuvo ahí para darme su amor, confianza y apoyo para seguir adelante. A mis amigos y regio-amigos que a pesar de la distancia siempre los tendré en mi memoria por los buenos momentos que pasamos.

Agradecimientos

Por su apoyo al “Capital Semilla de Apoyo para Proyectos de Investigación y Desarrollo Tecnológico (CAPSEMI+DT)”, con título “Identificación de modelos epidemiológicos de dimensión infinita para el estudio de la infección provocada por el virus SARS-COV-2 en México” a cargo de la Dra. Anahí Flores Pérez, DCB, Facultad de Ingeniería, UNAM. México.

A mi asesor de tesis, el Dr. Marcos A. González Olvera por su paciencia, confianza y apoyo brindado en conjunto con la Universidad Autónoma de la Ciudad de México (Colegio de Ciencia y Tecnología) a través de los proyectos de investigación UACM PI-CCyT-2022-13 y CCYT-2023-IMP-05.

Índice general

1. Introducción	7
1.1. Motivación	8
1.2. Descripción del documento	9
1.3. Planteamiento del problema	9
1.4. Hipótesis	11
1.5. Contribuciones	11
1.6. Objetivos	11
2. Antecedentes	13
2.1. Modelos Epidemiológicos	13
2.1.1. Modelo SIR	14
2.1.2. Modelo SEIR	18
2.2. Cálculo Fraccionario	22
2.2.1. La función Gamma	22
2.2.2. Definiciones de Derivadas Fraccionarias	23
2.2.3. Discretización de modelos enteros a orden fraccionario	27
2.2.4. Propiedades y aplicaciones	28
2.2.5. Modelos epidemiológicos de orden fraccionario	29
2.3. El filtro de Kalman	32
2.3.1. El filtro de Kalman para sistemas no-lineales	36
2.3.2. El Filtro de Kalman Extendido de Orden Fraccionario	43
3. Observación de estados	47
3.1. Modelo Fraccionario del Sistema	48
3.2. Modelo del sistema con ruido	50
3.3. Diseño del Observador	51
3.3.1. Estimación de Parámetros	51
4. Resultados	53
4.1. Observación de estados	53
4.1.1. Modelo SIR	54
4.1.2. Modelo SEIR	60
5. Discusión	67
6. Conclusiones	75
6.1. Trabajo futuro	76

Capítulo 1

Introducción

En diciembre del 2019, en China [1], se reportaron una serie de casos de pacientes hospitalizados con una nueva enfermedad caracterizada por provocar neumonía e insuficiencia respiratoria, esta a causa del virus denominado como SARS-CoV-2, por su similitud con el SARS-CoV descubierto en 2003 [2]. Después de 1 mes, esta ya había sido catalogada como Emergencia de Salud Pública de Alcance internacional. La Organización Mundial de la Salud (OMS) nombró a esta enfermedad COVID-19 (Coronavirus Disease, 2019). El 11 de marzo de 2020, la OMS declaró, en una rueda de prensa mundial, pandemia [3]. En México, el primer caso se detectó en febrero de 2020 [4] y hasta marzo de 2023 se cuenta con más de 7,500,000 de casos confirmados y 334,000 defunciones provocadas por este virus en todo el país [5].

Con el paso del tiempo todos los virus tienden a cambiar y de igual manera sucede con el SARS-CoV-2 [6]. En la mayoría de los casos estas mutaciones tienen un impacto escaso o nulo sobre las propiedades del virus [7]. Sin embargo, algunas mutaciones pueden dar lugar a cambios en características importantes del virus que pueden afectar su capacidad de propagación y/o su capacidad de causar una enfermedad más grave [8]. Cuando un virus presenta una o más mutaciones ya caracterizadas se denomina “variante” del virus original. La aparición de variantes del COVID-19, a finales de 2020 [9], hizo que la OMS empezara a caracterizar algunas de ellas como variantes de interés (VOI por las siglas en inglés de variant of interest) y variantes preocupantes (VOC por las siglas en inglés de variant of concern), con el fin de establecer prioridades en el seguimiento y la investigación de estas, así como orientar y adecuar la respuesta ante el virus [10]. A partir de mayo de 2021, la OMS empezó a asignar denominaciones sencillas y fáciles de pronunciar a las variantes clave [11].

Las primeras variantes de preocupación designadas fueron las variantes Alfa y Beta, siendo catalogadas así a finales de diciembre del 2020 por la OMS y los Centros de Control y Prevención de Enfermedades (CDC por sus siglas en inglés de Centers for Disease Control and Prevention) [12]. Posteriormente en junio del 2021 surgió la variante Delta [13]. El 24 de noviembre de 2021 se notificó sobre una nueva variante nombrada B.1.1.529 en Sudáfrica [14], la cual presentaba un gran número de mutaciones y se denominó a esta variante como Ómicron. En comparación con las variantes anteriores, Ómicron representa la variante de preocupación más divergente vista hasta ese momento, y sigue evolucionando en los planos genético y antigénico,

dando lugar a una gama cada vez mayor de sublinajes, los cuales se caracterizan por su capacidad de evadir la inmunidad existente en la población en comparación con las anteriores [15].

En México, el 3 de diciembre de 2021, se confirmó el primer caso de la variante Ómicron [16]. A finales de diciembre del 2021 y hasta marzo del 2022 se presentó la cuarta ola de coronavirus en México, siendo este período en el que se presentaron más casos de contagios simultáneos desde que se declaró la pandemia hasta julio del 2023, aumentando los casos confirmados acumulados en casi 1.9 millones de individuos en este periodo de tiempo [5].

A partir del 23 de diciembre del 2020 empezó a nivel nacional la estrategia de vacunación contra COVID-19 para disminuir la carga de enfermedad en la población general [17]. Para el 25 de enero del 2022 se tenían más de 200 millones de dosis aplicadas y 76 millones de mexicanos vacunados con esquema completo desde el inicio de la estrategia [18]. Dicho esto, durante la cuarta ola la variante predominante fue la Ómicron [19], esta se propagó con mayor rapidez, pero la gravedad de los casos fue menor en comparación con olas previas [20]. A comienzos de la pandemia, se previó que el COVID-19 presentara un número de reproducción básico R_0 de 2, es decir que cada paciente infectado tenía la capacidad para infectar a 2 personas susceptibles a contraer la enfermedad. Posteriormente, en abril del 2020, se descubrió que el número de reproducción básico R_0 era de casi 6, al menos para la variante Alpha. La variante Ómicron, durante su apogeo, presentó una R_0 aproximada de 10, lo cual no solo demostró la facilidad con la que podía ser transmitida, sino lo lejos que se estaba de poder controlar la propagación de la enfermedad [21].

Durante la pandemia, en lo que respecta al sector salud, se detectó una fuerte falta de insumos y equipos de trabajo indispensables para realizar sus funciones [22]. Es indispensable conocer el número de reproducción básico de una enfermedad para prever y planear de manera eficaz un plan de contingencia, así como preparar las herramientas necesarias en el sector salud para combatir y aminorar el impacto que esta pueda tener en la sociedad [23].

1.1. Motivación

A finales del año 2019 nadie se imaginó que iniciaría una emergencia sanitaria a escala mundial, lo que tomó a todos desprevenidos en México y en el resto del mundo. Las medidas sanitarias tomadas para evitar contagios se notaron escasas, dado que fue poco previsible que una enfermedad pudiera ser tan contagiosa y presentar unos índices de mortalidad tan altos. La epidemiología inició como un concepto del cual los mismos médicos se notaban incrédulos, pero con el paso del tiempo esta rama demostró ser importante para ayudar a la prevención y control de emergencias sanitarias.

Llegados a este punto, los modelos matemáticos son un apoyo importante para comprender y predecir el comportamiento de un sistema mecánico, eléctrico, químico, etc., así como aprender a identificar sus parámetros para poder estimar datos haciendo uso de observadores.

Por otro lado, el cálculo fraccionario aún se presenta como un área de estudio

relativamente joven, dado que su interpretación física aún se encuentra como un campo abierto de investigación. Sin embargo tiene gran relevancia en aplicaciones epidemiológicas ya que presenta distintos efectos que no dependen únicamente del estado presente, sino también de estados pasados.

1.2. Descripción del documento

Este trabajo presenta una aproximación basada en observadores para la identificación de parámetros y estimación de estados de los modelos SIR y SEIR de orden fraccionario, aplicado en el análisis de la propagación de la variante Omicrón del SARS-CoV-2 en México en el periodo del 26 de diciembre de 2021 al 6 de marzo del 2022. Al utilizar mediciones de los cambios en la población infectada, se propone un observador robusto para reconstruir la tasa de transmisión en el modelo fraccionario. Este método toma en cuenta casos de mediciones con ruido e incorpora reconstrucción paramétrica y observación de estados. La aproximación propuesta se demuestra a través de resultados numéricos, mostrando sus capacidades al estimar de manera efectiva parámetros y estados. Los resultados de este estudio tienen importancia para formular estrategias para prevenir, reducir y detener la propagación de enfermedades infecciosas, al ofrecer conocimiento para combatir brotes de enfermedades futuras.

1.3. Planteamiento del problema

El estudio de las dinámicas epidemiológicas es un método importante ya que permite conocer cómo se va a propagar una enfermedad infecciosa, estas toman en cuenta factores como el crecimiento de la población, factores sociales, así como las condiciones que pueden ser favorables para que una enfermedad se propague, etc. Estos resultados permiten predecir la tendencia de desarrollo de una enfermedad durante un periodo de tiempo, así como los factores clave para su propagación y el desarrollo de estrategias para el control y prevención de estas [24].

Existen múltiples modelos epidemiológicos que describen el ritmo de propagación de un virus [25], siendo uno de los fundamentales el *modelo SIR* [26, 27], en el cual se consideran tres compartimientos principales para dividir la población: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R). Si la enfermedad presenta un periodo de incubación especialmente largo, este modelo tiende a ser menos efectivo para modelar su comportamiento [28]. Para compensar esto se considera el modelo SEIR, el cual incluye a la población expuesta (E) como un nuevo compartimiento y son aquellos que contrajeron la enfermedad, pero aún no son infecciosos [29].

Durante una pandemia se conducen múltiples estudios para modelar la velocidad de propagación de una enfermedad y predecir los parámetros que conducen a esta [30]. Uno de los parámetros clave a estimar es la tasa de transmisión *per cápita* β , la cual es relevante para determinar la incidencia máxima, el tiempo para alcanzar la incidencia máxima, así como la duración de una epidemia [31]. También es posible determinar el número de reproducción básico R_0 , con el cual es posible conocer

la cantidad de infectados promedio que genera un infectado durante su periodo infeccioso [32].

Al modelar sistemas epidemiológicos es esencial identificar los parámetros de estos, los cuales pueden ser estimados haciendo uso de observadores [33]. En estos casos el filtro de Kalman ha sido reportado como una herramienta para generar estimaciones del proceso y las mediciones de un sistema dinámico lineal, al suponer que las perturbaciones del sistema son aditivas, con media cero y de distribución Gaussiana [34]. En el caso de que el sistema sea no lineal se hace uso del filtro de Kalman Extendido (EKF), en el cual el modelo es linealizado haciendo uso de la media y la covarianza [35]. Haciendo uso del EKF es posible analizar modelos epidemiológicos y estimar su ritmo de crecimiento a pesar de que este sea variante con el tiempo [36].

Al hacer uso del cálculo diferencial de orden entero en aplicaciones epidemiológicas, se ha demostrado en diferentes estudios [37, 38, 39, 40, 41, 42, 43], que para modelar cierto tipo de dinámicas que presentan comportamientos de larga memoria este no es del todo preciso, ya que el operador es local y depende únicamente de los estados actuales sin tomar en cuenta el historial de la operación en fenómenos de larga memoria. En este sentido, la aplicación de modelos fraccionarios adquiere relevancia, ya que permite describir mejor la propagación de una enfermedad, debido a que el umbral entre la extinción y la persistencia de una enfermedad se ve desplazado [44]. Esto puede ser de utilidad al momento de establecer medidas de control sanitario o para hacer un uso eficiente de recursos limitados. Se ha demostrado en distintos estudios, como lo son [45] y [46], que al emplear modelos fraccionarios SIR y SEIR con valores de derivada fraccionaria cercanos, pero no iguales a la unidad, representan de forma más adecuada la dinámica de persistencia que la que se presenta en el caso entero.

En el periodo de diciembre de 2021 al 26 de marzo del 2022, en México, se presentó la denominada cuarta ola de COVID-19 [18, 47]. La variante Ómicron presentó mutaciones importantes, en la que cabe destacar su capacidad para evadir la inmunidad existente en la población a pesar de presentar un esquema de vacunación avanzado [48]. Al mismo tiempo, en este periodo se presentó una crisis en el sector salud debido a que esta variante tuvo un impacto mucho mayor que sus variantes antecesoras, esto provocó que en distintas regiones se presentara una escasez de insumos y personal [22]. Una correcta estimación de parámetros puede ayudar a crear estrategias para controlar la propagación de enfermedades, así como estrategias para la distribución de insumos.

En este trabajo, se presenta un enfoque diferente para mejorar la estimación de parámetros y predicción de comportamiento de los modelos epidemiológicos compartimentales al proponer un sistema de identificación y observación basado en una extensión de un observador robusto para los modelos SIR y SEIR de orden fraccionario, empleando únicamente los cambios hechos en las mediciones de infectados para reconstruir la constante β de transmisión *per cápita*, y un filtro de Kalman Extendido de Orden Fraccionario (FKEOF) adaptado de [49], y por lo tanto ayudar a prevenir y controlar la propagación de una enfermedad. También, se consideró una reconstrucción paramétrica usando mediciones con el ruido e incertidumbre inherente a las mediciones.

1.4. Hipótesis

Hacer uso del cálculo fraccionario aplicado a modelos epidemiológicos permite describir el comportamiento de la propagación de la variante Ómicron durante la cuarta ola de la epidemia de COVID-19 en México de mejor manera. Para prevenir de forma eficiente la propagación de enfermedades, así como desarrollar estrategias óptimas para prevenir epidemias es necesario hacer uso de observadores para estimar en los modelos. La estimación de parámetros del sistema de orden fraccionario para el caso de la ola Ómicron con base en el modelo no lineal de orden fraccionario puede hacerse mediante un observador óptimo de orden fraccionario.

1.5. Contribuciones

Como resultado de este trabajo, en conjunto con Marcos A. González Olvera el artículo “Robust Observer-Based Parameter Identification and State Estimation for COVID-19 Modeling: Analyzing the Omicron Variant in Mexico using Fractional-Order SIR and SEIR Models” para el Congreso de Control Automático del año 2023 y en conjunto con Anahí Flores Pérez y Marcos A. González Olvera el artículo “Numerical Exploration of the Parametric Identification and Delay Reconstruction Problem on Epidemiological Models using Evolutionary Algorithms” para el Congreso de Control Automático del año 2024.

1.6. Objetivos

- Proponer un observador robusto para la identificación y estimación de parámetros de la variante Ómicron del SARS-CoV-2 en México en el periodo que abarca del 26 de Diciembre del 2021 al 6 de Marzo del 2022.
- Aplicar el observador a los modelos SIR y SEIR de orden fraccionario para identificar y estimar parámetros de estos.
- Reconstruir un parámetro haciendo uso del observador, los datos reales recabados por el CONACyT y los modelos propuestos.
- Comparar la efectividad del observador aplicado a los modelos de orden entero y los modelos de orden fraccionario para determinar las ventajas y desventajas que se presentan en cada caso.

Capítulo 2

Antecedentes

2.1. Modelos Epidemiológicos

Las dinámicas epidemiológicas son un método importante para estudiar cómo se propagan las enfermedades infecciosas, sea de forma cualitativa o cuantitativa. Se basa en la propiedad específica del crecimiento poblacional, las reglas de propagación de enfermedades, factores sociales, etc., para construir modelos matemáticos que reflejen las dinámicas de estas, analizar su comportamiento y realizar simulaciones [50].

Los resultados ayudan a predecir la tendencia sobre la cual se van a desarrollar las enfermedades, determinar sus factores clave de transmisión y buscar las estrategias óptimas para la prevención y control de propagación de enfermedades [50].

A pesar de que la epidemiología tiene una historia larga, el estudio matemático de enfermedades y su propagación tiene únicamente 350 años. El primer estudio estadístico de enfermedades infecciosas es atribuido a John Graunt (1620-1674), quien en 1663 a través del libro “Natural and Political Observations Made upon the Bills of Mortality” mostró interés por las estadísticas en los métodos de salud pública. Un siglo después, Daniel Bernoulli usó métodos matemáticos para analizar la mortalidad de la viruela [51].

A mediados del siglo XIX, Louis Pasteur hizo avances importantes en la prevención de enfermedades. Redujo la mortalidad de la fiebre puerperal y creó las primeras vacunas para rabia y ántrax. Casi al mismo tiempo, el fundador de la bacteriología moderna, Robert Koch, identificó los agentes causantes de la tuberculosis, cólera y ántrax, dando apoyo experimental a el concepto de enfermedad infecciosa. Más tarde en ese mismo siglo se dio a conocer el concepto de contagiar una enfermedad bacteriana a través del contacto entre un individuo infectado y uno sano, lo cual abrió el camino para el modelado matemático de enfermedades infecciosas [52].

A principios del siglo XX apareció Sir Ronald Ross, quien es considerado el padre de las matemáticas epidemiológicas modernas, descubrió que la malaria se transmite entre humanos y mosquitos. Por este trabajo recibió el premio Nobel en 1902. A pesar de sus contribuciones, no logró convencer a sus colegas que la malaria podía ser erradicada al reducir la población de mosquitos. En 1911, en su libro “La prevención de la Malaria”, desarrolló modelos matemáticos de la transmisión de la malaria, derivando en un límite cuantitativo, conocido hoy en día como el número

de reproducción básico [52].

En 1927 la matemática epidemiológica se elevó a un nuevo nivel por el modelo de propagación de enfermedades infecciosas publicado por William Ogilvy Kermack y Anderson Gray McKendrick en su artículo “A contribution to the mathematical theory of epidemics”, donde publicaron por primera vez un modelo epidémico determinístico que incluía individuos susceptibles, infectados y recuperados, que no incluían tasa de natalidad ni mortalidad y, en consecuencia, modelaban únicamente brotes de enfermedades. En 1932 y 1933 publicaron la parte 2 y parte 3 de su artículo, para capturar los modelos de enfermedades que pueden aparecer en una población y persistir [52].

Los modelos matemáticos de enfermedades infecciosas ganaron importancia en 1980 con la aparición de la epidemia provocada por el virus de inmunodeficiencia humana (VIH). A partir de ahí, se han creado, analizado y empleado un gran número de modelos para el estudio de su propagación. Hoy en día, los modelos matemáticos, así como las matemáticas epidemiológicas están haciendo contribuciones significativas a las matemáticas y salud pública [52].

2.1.1. Modelo SIR

Es un modelo matemático propuesto por Kermack-McKendrick que explica la evolución de una enfermedad infecciosa creada por un virus o una bacteria. Es bien sabido que la propagación de una enfermedad contagiosa no solamente involucra los factores relacionados tales como el agente infeccioso, modos de transmisión, períodos de incubación, etc. También incluye factores sociales, culturales, económicos, demográficos y geográficos. Los modelos matemáticos se han vuelto herramientas importantes en analizar la propagación y controlar las enfermedades infecciosas [53]. Cuando una enfermedad se propaga en una población, se separa a la población en clases. En el más simple de los escenarios, se tendrán 3 clases:

- La clase de los individuos que están sanos, pero pueden contraer la enfermedad. Se les conoce como individuos susceptibles. Denotados por la letra **S**.
- La clase de los individuos que han contraído la enfermedad y ahora están infectados con esta, los llamamos individuos infectados. También se considera que estos individuos son infecciosos. Denotados por la letra **I**.
- La clase de los individuos que se han recuperado y no pueden contraer la enfermedad o contagiarla por un lapso de tiempo, llamados individuos recuperados. Denotados por la letra **R**.

El número de individuos en cada clase cambia con el tiempo, esto es, $\mathbf{S}(t)$, $\mathbf{I}(t)$ y $\mathbf{R}(t)$ son funciones del tiempo t . La población total de tamaño \mathbf{N} es la suma de los tamaños de las 3 clases mencionadas:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (2.1)$$

Este modelo se conoce como el modelo epidemiológico SIR, fue propuesto por Kermack y McKendrick en 1927 y fue uno de los primeros modelos epidémicos propuestos [52].

En este modelo, la población N es siempre un valor constante dado que el modelo no toma en cuenta nacimientos o muertes. Para desarrollar e implementar un modelo matemático realista, Roy Malcolm Anderson y Robert McCredie May investigaron el uso de dinámicas vitales para que el tamaño de la población fuera variable. Al asumir que existe una tasa de natalidad “ a ” y una tasa de mortalidad “ μ ”, los modelos con dinámica vital presentan una población variante con el tiempo que modelan apropiadamente la propagación de una enfermedad. La población incrementa a un ritmo “ a ” y se reduce a un ritmo “ μ ” [54, 55].

El modelo SIR de Kermack-McKendrick era gobernado por una ecuación integral no lineal, la cual da forma al siguiente modelo conocido como el modelo SIR Kermack-McKendrick sin dinámica vital:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (2.2a)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (2.2b)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.2c)$$

En este modelo se asume que no hay nacimientos ni muertes en la población y que el número total de la población es constante. Un promedio de la población hace contacto suficiente para transmitir la infección a otros a un ritmo de βN por unidad de tiempo. Los infectados abandonan la clase de infectados a un ritmo de γI por unidad de tiempo.

La constante positiva β es la tasa *per cápita* de transmisión de la enfermedad y γ es la tasa de recuperación diaria (por lo cual el período de recuperación es $\frac{1}{\gamma}$). En este modelo se asume que cuando un sujeto susceptible es infectado, este pasa a ser inmediatamente infeccioso, sin un período de incubación.

Por ejemplo, si se realiza una simulación del modelo mencionado asignando valores con una población total $N = 10000$, susceptibles iniciales $S(0) = 8000$, infectados iniciales $I(0) = 50$, una tasa de transmisión $\beta = 1,5$ y una tasa de recuperación de $\gamma = \frac{1}{5}$ días. La simulación resultante se muestra en la figura 2.1.

En la figura 2.1 se observa que la población de susceptibles e infectados tiende a 0, mientras que la cantidad de recuperados tiende al valor de los susceptibles iniciales.

Al extender el modelo SIR para incluir la llamada dinámica vital, es decir nacimientos y muertes provocadas por la enfermedad y causas naturales es necesario agregar los términos de tasa de natalidad “ a ” por unidad de tiempo y tasa de mortalidad “ μ ” (*per cápita*), entonces el sistema de ecuaciones toma la forma:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \quad (2.3a)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \quad (2.3b)$$

$$\frac{dR}{dt} = -\gamma I - \mu R \quad (2.3c)$$

Al agregar el valor de la natalidad, aún es posible decir que la población total es constante, debido a que la escala de tiempo para cambios sustanciales en nacimientos es mayor que la mortalidad provocada por una enfermedad [56].

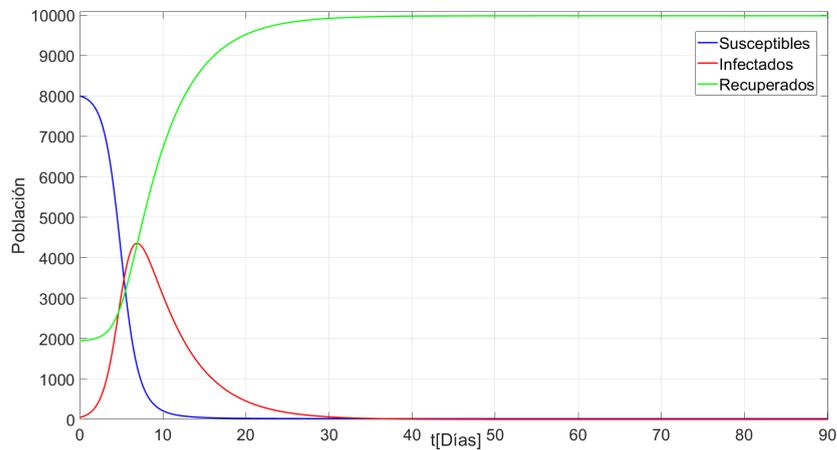


Figura 2.1: Simulación del modelo SIR de orden entero sin dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$.

Tomando los valores del modelo sin dinámica vital de la figura 2.1, considerando los valores de tasa mortalidad $\mu = 0,005$ y tasa de natalidad $a = 0,001$ es posible simular nuevamente el modelo resultando en la figura 2.2.

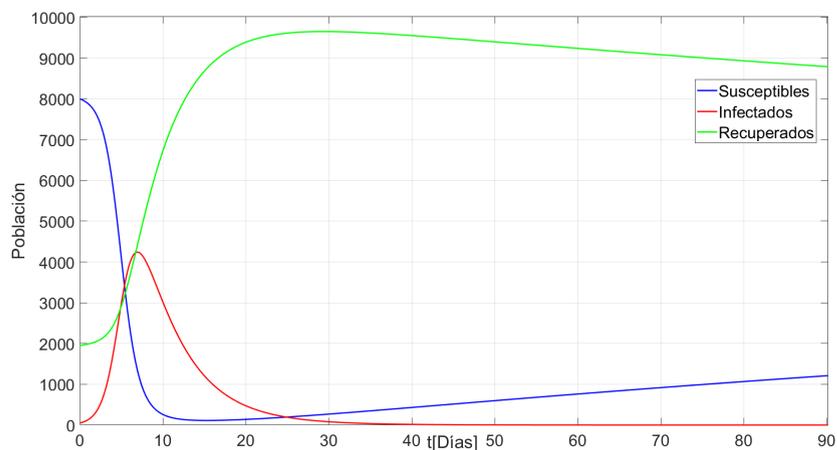


Figura 2.2: Simulación del modelo SIR de orden entero con dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,001$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$.

Con las nuevas variables de mortalidad y natalidad agregadas al sistema, la población pasa a ser variante en el tiempo; a pesar de esto, la cantidad de infectados aún tiende a cero con el paso del tiempo. Esto se debe a que la natalidad requiere de un plazo de tiempo amplio para que tenga un impacto en la población.

Puntos de equilibrio

Dado que la variable R no está presente en las primeras dos ecuaciones y que el comportamiento de interés se encuentra en cómo se propaga la enfermedad, se puede reducir el sistema a las primeras dos ecuaciones:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (2.4)$$

La matriz Jacobiana del sistema de ecuaciones es:

$$J(eq_1) = \begin{pmatrix} -\mu & -\frac{\beta a}{\mu} \\ 0 & \frac{\beta a}{\mu} - \mu - \gamma \end{pmatrix} \quad (2.5)$$

Los puntos de equilibrio se obtendrán cuando no se halle población infectada, es decir cuando $I = 0$ y cuando se tenga población infectada, es decir $I > 0$.

Si “ $I = 0$ ”:

$$(S_{eq_1}, I_{eq_1}) = \left(\frac{a}{\mu}, 0\right) \quad (2.6)$$

El punto de equilibrio Eq_1 es localmente asintóticamente estable. Por lo tanto, no habrá población infectada, la epidemia no puede suceder.

Es fácil notar que $J(eq_1)$ tiene dos eigenvalores en $\lambda_1 = -\mu$ y $\lambda_2 = \frac{\beta a}{\mu} - \mu - \gamma$, de estos valores se puede decir que $\lambda_1 < 0$ ya que $\mu \in R^+$. Al desarrollar el valor λ_2 , se tiene:

$$\begin{aligned} \frac{\beta a}{\mu} - \mu - \gamma &< 0 \\ \frac{\beta a}{\mu} &< \mu + \gamma \\ \frac{\beta a}{\mu\gamma + \mu^2} &< 1 \end{aligned} \quad (2.7)$$

El valor $\frac{\beta a}{\mu\gamma + \mu^2}$ es el número promedio de infectados producido por un solo individuo infectado durante el período en el cual es contagioso en una población susceptible, y se le conoce como el número de reproducción básico R_0 .

Al punto (2.6) se le conoce como el punto de equilibrio libre de enfermedad (Disease Free Equilibrium), que es cuando “ $R_0 < 1$ ” como se muestra en la figura 2.3.

Cuando $I > 0$ se tendrá que:

$$(S_{eq_2}, I_{eq_2}) = \left[\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu}{\beta} [R_0 - 1]\right], \quad (2.8)$$

dado que $(R_0 - 1) > 0$ entonces $R_0 > 1$, el patógeno es capaz de infectar a más de una persona por cada período de tiempo y la población se infectará.

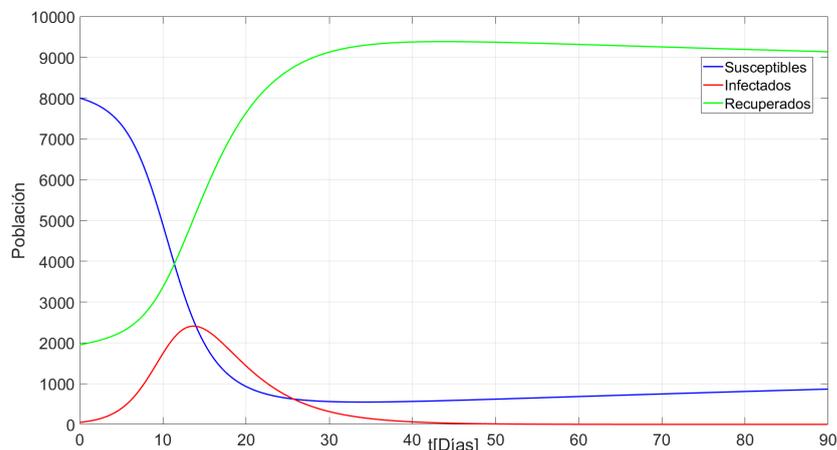


Figura 2.3: Simulación del modelo SIR de orden entero con dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\kappa = 3$, $\beta = 0,8$ y $\gamma = \frac{1}{5}$. Al tener $R_0 = 0,78$ el sistema se encuentra en el punto de equilibrio libre de enfermedad y la cantidad de infectados tiende a desaparecer.

2.1.2. Modelo SEIR

En muchas enfermedades infecciosas existe un período de exposición posterior a la transmisión de la infección desde miembros susceptibles a aquellos que son potencialmente infecciosos pero antes de que estos individuos desarrollen síntomas y puedan transmitir la enfermedad [57]. Al buscar un modelo más generalizado que el modelo SIR, el modelo SEIR asume que los individuos susceptibles, pasan por un período latente como individuos expuestos, la duración de este período de incubación depende de la enfermedad, para posteriormente volverse infectados y eventualmente recuperados. Esto tiene como resultado el modelo SEIR, en el cual la E denota el compartimiento de individuos expuestos. Esto quiere decir que será añadido un compartimiento donde habrá individuos que se encuentran contagiados con la enfermedad, pero dado que se encuentran en un período de incubación, no muestran ningún síntoma y no pueden infectar a otros [55].

El modelo SEIR está gobernado por las siguientes ecuaciones[56]:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (2.9a)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \kappa E \quad (2.9b)$$

$$\frac{dI}{dt} = \kappa E - \gamma I \quad (2.9c)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.9d)$$

Similar al modelo SIR sin dinámica vital, en este modelo también se asume que no hay nacimientos ni muertes en la población, por lo cual el número total es constante.

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) \quad (2.10)$$

A diferencia del modelo SIR, en el modelo SEIR se manejan 3 parámetros: β y γ proporcionan la misma información que en el modelo SIR, la constante κ es la tasa de incubación, por lo tanto $\frac{1}{\kappa}$ representa el período de incubación.

Al simular el modelo mencionado asignando valores de con una población total $N = 10000$, susceptibles iniciales $S(0) = 8000$, expuestos iniciales $E(0) = 200$, infectados iniciales $I(0) = 50$, tasa de transmisión $\beta = 1,5$, tasa de recuperación de $\gamma = 5$ días y una tasa de incubación $\kappa = 3$ días, se tendrá un resultado como el mostrado en la figura 2.4, donde se puede observar que al igual que en el modelo SIR sin dinámica vital, la cantidad de susceptibles, expuestos e infectados tienden a desaparecer, así mismo los recuperados tienden al valor inicial de los susceptibles.

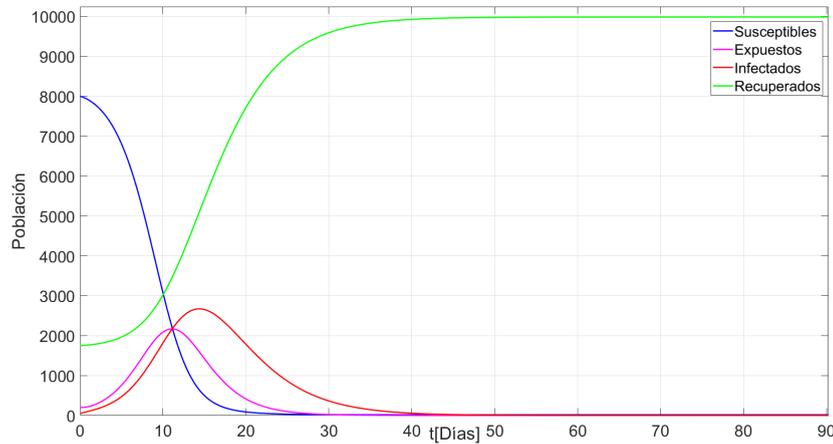


Figura 2.4: Simulación del modelo SEIR de orden entero sin dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $E(0) = 200$, $I(0) = 50$, $\kappa = 3$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = 5$.

Al incluir una tasa de natalidad “ a ” por unidad de tiempo y una tasa de mortalidad “ μ ” *per capita*, entonces el modelo pasa a tener dinámica vital y la población se describe mediante:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \quad (2.11a)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \kappa)E \quad (2.11b)$$

$$\frac{dI}{dt} = \kappa E - (\gamma + \mu)I \quad (2.11c)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (2.11d)$$

Debido a que la escala de tiempo para cambios sustanciales en nacimientos es mucho más pequeña que la mortalidad provocada por una enfermedad, es posible asumir que el tamaño de la población es constante [56].

Al simular con los valores tomados anteriormente en el modelo sin dinámica vital y agregando los valores de mortalidad $\mu = 0,005$ y de natalidad $a = 0,001$ se obtiene un modelo cuya respuesta se muestra en la figura 2.5.

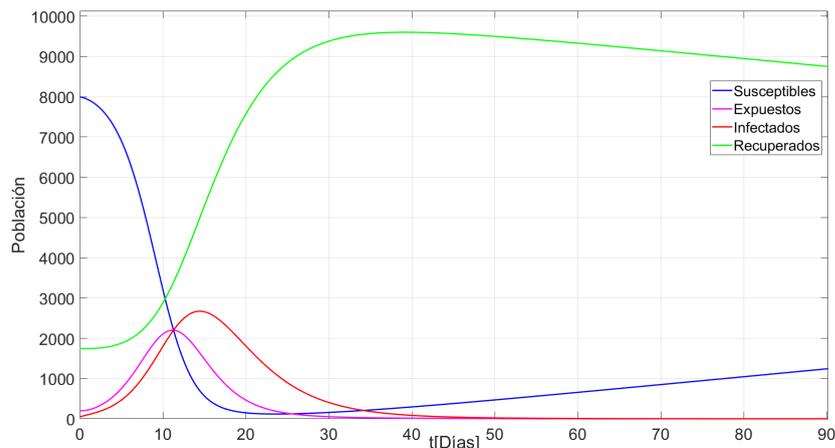


Figura 2.5: Simulación del modelo SEIR de orden entero con dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $E(0) = 200$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,001$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = 5$.

Con la dinámica vital agregada el modelo se vuelve variante en el tiempo, se puede apreciar cómo la cantidad de infectados y expuestos son los únicos que tienden a 0, los recuperados y susceptibles cambiarán con respecto al tiempo debido a la población variable.

Puntos de equilibrio

Ya que la variable “ R ” no se encuentra incluida en las primeras 3 ecuaciones y que el punto de interés se encuentra en como se propaga la enfermedad, es posible reducir el sistema a las primeras 3 ecuaciones:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \kappa)E \\ \frac{dI}{dt} = \kappa E - (\gamma + \mu)I \end{cases} \quad (2.12)$$

La matriz Jacobiana del sistema de ecuaciones será:

$$J = \begin{pmatrix} -\beta I - \mu & 0 & -\beta S \\ \beta I & -(\mu + \kappa) & \beta S \\ 0 & \kappa & -(\gamma + \mu) \end{pmatrix} \quad (2.13)$$

Al igual que con el modelo SIR, se tienen 2 puntos de equilibrio, cuando “ $I = 0$ ” y cuando “ $I > 0$ ”.

Cuando “ $I = 0$ ” se tiene que:

$$(S_{eq_1}, E_{eq_1}, I_{eq_1}) = \left(\frac{a}{\mu}, 0, 0\right) \quad (2.14)$$

Al sustituir los valores en la matriz Jacobiana:

$$J = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & -\frac{\beta a}{\mu} \\ 0 & -(\mu + \kappa) & \frac{\beta a}{\mu} \\ 0 & \kappa & -(\gamma + \mu) \end{pmatrix} \quad (2.15)$$

Al obtener los eigenvalores de $J(e_{q_1})$:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\mu \\ \lambda_2 &= -\frac{k}{2} - \frac{\gamma}{2} - \mu - \frac{\sqrt{\mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa}}{2} \\ \lambda_3 &= -\frac{k}{2} - \frac{\gamma}{2} - \mu + \frac{\sqrt{\mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa}}{2} \end{aligned}$$

Ya que el valor de $\mu \in R^+$ en todo momento, entonces se sabe que $\lambda_1 < 0$, al desarrollar $\lambda_{2,3}$:

$$\begin{aligned} \lambda_2 &= -\frac{k}{2} - \frac{\gamma}{2} - \mu - \frac{\sqrt{\mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa}}{2} < 0 \\ &\quad - \frac{\sqrt{\mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa}}{2} < \frac{\kappa}{2} + \frac{\gamma}{2} + \mu \end{aligned}$$

Multiplicando ambos lados por 2 y elevando ambos lados al cuadrado:

$$\frac{\mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa}{\mu} < (\kappa + \gamma + 2\mu)^2$$

En este punto es posible notar que λ_2 y λ_3 llegan al mismo resultado:

$$\begin{aligned} \mu\gamma^2 - 2\mu\gamma\kappa + \mu\kappa^2 + 4a\beta\kappa &< \mu[(\kappa + \gamma + 2\mu)^2], \\ 4a\beta\kappa &< \mu[(\kappa + \gamma + 2\mu)^2 + (-\gamma^2 + 2\gamma\kappa - \kappa^2)], \\ 4a\beta k &< \mu[4\gamma\kappa + 4\gamma\mu + 4\mu^2 + 4\kappa\mu] \\ a\beta k &< \mu[\gamma\kappa + \gamma\mu + \mu^2 + \kappa\mu] \\ a\beta k &< \mu(\mu + \kappa)(\mu + \gamma) \end{aligned}$$

$$\frac{a\beta k}{\mu(\mu + \gamma)(\mu + \kappa)} < 1 \quad (2.16)$$

De esta última expresión es posible definir el número de reproducción básico del modelo SEIR que resulta en:

$$R_0 = \frac{a\beta k}{\mu(\mu + \gamma)(\mu + \kappa)} \quad (2.17)$$

Cabe destacar que el punto de equilibrio E_{q_1} es localmente asintóticamente estable, la población infectada tiende a desaparecer y no podrá ocurrir una epidemia, este es el punto libre de enfermedad donde $R_0 < 1$.

Por otro lado, si “ $I > 0$ ” el punto de equilibrio es:

$$(S_{eq_2}, E_{eq_2}, I_{eq_2}) = \left[\frac{(\gamma+\mu)(\gamma+\mu)}{\beta\kappa}, \frac{\mu(\gamma+\mu)(R_0-1)}{\beta\kappa}, \frac{\mu(R_0-1)}{\beta} \right] \quad (2.18)$$

Es forzoso que $R_0 > 1$ para que se cumpla la condición $I > 0$, por lo tanto al tener una R_0 mayor que 1, el patógeno se contagiará con una tasa de más de una persona por cada infectado y con el tiempo más población será infectada.

2.2. Cálculo Fraccionario

El cálculo fraccionario ha ganado una cantidad considerable de popularidad e importancia durante las últimas décadas, se debe principalmente a que se ha demostrado que tiene diversas y amplias aplicaciones en diversos campos de las ciencias e ingenierías.

Se cree que el concepto del cálculo fraccionario nació de una pregunta hecha en 1695 por el marqués de l'Hôpital (Guillaume François Antoine) a Gottfried Wilhelm von Leibniz, el cual le buscaba sentido a la notación “ $\frac{d^n y}{dx^n}$ ” de Leibniz para toda derivada de orden $n \in N_0 := \{0, 1, 2, \dots\}$ cuando $n = \frac{1}{2}$. En su respuesta, que data del 30 de septiembre de 1695, Leibniz escribió lo siguiente “...Esta es una paradoja aparente de la cual, algún día, se obtendrán consecuencias útiles. ...” [58].

Más adelante se hicieron algunas menciones de las derivadas fraccionarias, por ejemplo, en 1730 por Euler, en 1772 por Lagrange, en 1812 por Laplace, en 1822 por Fourier, en 1867 por Grünwald, en 1968 por Letnikov, etc. [59].

A continuación, se presentarán las principales definiciones del cálculo fraccionario propuestas en 1832 por Joseph Liouville y Bernard Riemann, posteriormente en 1868 por Anton Karl Grünwald y Alekséi V. Létnikov y finalmente en 1967 por Michele Caputo. También se presentará la definición de la función Gamma la cual es una herramienta muy útil para el cálculo fraccionario.

2.2.1. La función Gamma

La función Gamma es una de las funciones básicas del cálculo fraccionario ya que permite generalizar la función factorial para que esta pueda tomar valores no enteros. La definición de la función gamma está dada por la integral:

$$\Gamma(z) = \int_0^{\infty} e^{-t} t^{z-1} dt \quad (2.19)$$

Al graficar la función de la ecuación 2.19 resulta en:

Donde el dominio en el que converge es en todo el plano complejo excepto para los enteros negativos [60, 58].

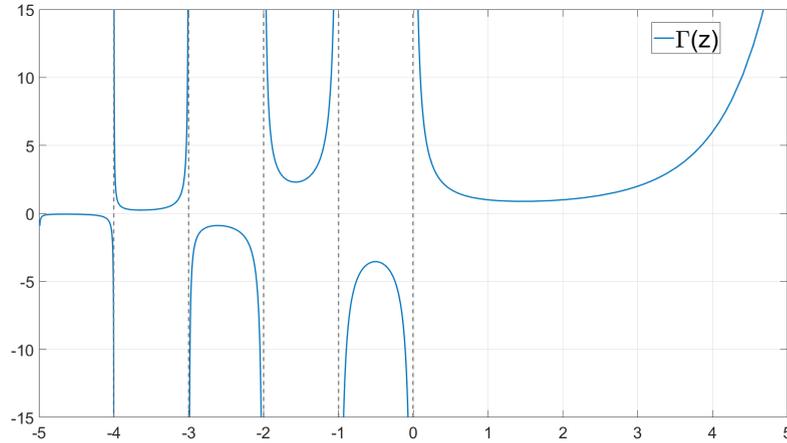


Figura 2.6: Gráfica de la función Gamma.

2.2.2. Definiciones de Derivadas Fraccionarias

Existen distintas definiciones para las derivadas e integrales fraccionarias, en este caso se pueden destacar 3 definiciones, Grünwald-Letnikov, Riemann-Liouville y Caputo.

Para el caso de condición inicial igual a cero, las definiciones de Grünwald-Letnikov y Riemann-Liouville pueden ser aplicadas para modelar la dinámica del sistema de orden fraccionario. Por otro lado, la definición propuesta por Caputo es más útil si la aplicación tiene condiciones iniciales distintas de cero.

Derivada Fraccionaria de Riemann-Liouville

El primer estudio sistemático en cálculo fraccionario fue hecho en 1832 por Joseph Liouville, quien formuló una definición en la cual él podía obtener la derivada fraccionaria de x^{-a} , siempre que x, a y n fueran positivas. Así mismo fue el primer científico que intentó resolver ecuaciones diferenciales usando operaciones fraccionarias.

Después de Liouville, Bernhard Riemann desarrolló una teoría diferente, usando una generalización de la serie de Taylor para derivar una fórmula para la integración de un orden arbitrario como se mostrará a continuación [59].

Las integrales fraccionarias de Riemann-Liouville para un intervalo finito $[a, b]$ donde $(-\infty < a < b < \infty)$ sobre el eje real \mathbb{R} . Las integrales de Riemann-Liouville de orden $\alpha \in \mathbb{R}$ se definen por:

$${}^{RL}I_{a+}^{\alpha} f(t) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_a^t (t - \tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau \quad , \quad (t > a; \alpha > 0) \quad (2.20)$$

y

$${}^{RL}I_{b-}^{\alpha} f(t) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_t^b (t - \tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau \quad , \quad (t < b; \alpha > 0) \quad (2.21)$$

estas integrales se llaman integrales fraccionarias por el lado izquierdo y por el lado derecho respectivamente.

Las derivadas fraccionarias de Riemann-Liouville de orden $\alpha \in \mathbb{R}$ se definen mediante las fórmulas:

$$\begin{aligned} {}^{RL}D_t^\alpha f(t) &= \left(\frac{d}{dx}\right)^n \left({}^{RL}I_{a+}^{n-\alpha} f(t)\right) \\ {}^{RL}D_t^\alpha f(t) &= \frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \left(\frac{d}{dx}\right)^n \int_a^t (t-\tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau \quad , \quad (t > a) \end{aligned} \quad (2.22)$$

y

$$\begin{aligned} {}^{RL}D_{b-}^\alpha f(t) &= -\left(\frac{d}{dx}\right)^n \left({}^{RL}I_{b-}^{n-\alpha} f(t)\right) \\ {}^{RL}D_{b-}^\alpha f(t) &= -\frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \left(\frac{d}{dx}\right)^n \int_t^b (t-\tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau \quad , \quad (t < b) \end{aligned} \quad (2.23)$$

donde $n \in \mathbb{Z}^+$.

Para el caso particular en el que $a = 0$ comúnmente se hace uso del caso de la integral y derivada fraccionaria por el lado izquierdo, resultando en:

$${}^{RL}I_0^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^t (t-\tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau \quad , \quad (\alpha > 0) \quad (2.24)$$

Finalmente la derivada fraccionaria de Riemann-Liouville de orden $\alpha \in (0, 1)$ con $a = 0$ se define por:

$${}^{RL}D_t^\alpha f(t) = \left(\frac{d}{dt}\right) \left({}^{RL}I_0^{1-\alpha} f(t)\right) \quad (2.25)$$

Cabe destacar que la ecuación (2.24) se conoce como la fórmula de Riemann y si se cambiara el límite de integración inferior 0 a $-\infty$ entonces esta se convertiría a la Formula de Liouville [59].

Comúnmente se usa el caso en particular cuando el límite inferior de la integral es igual a 0, debido a que en este caso los operadores fraccionarios tienen una transformada de Laplace directa [61].

Derivada Fraccionaria de Grünwald-Letnikov

En 1867, Anton Karl Grünwald propuso una de las más difíciles, y de cierta manera la más natural, aproximación para los diferenciales fraccionarios. Su método se basaba en la generalización de la diferenciación finita de cocientes para derivadas fraccionarias. Desafortunadamente, aunque esta era correcta, no era matemáticamente rigurosa.

La primera demostración rigurosa de su fórmula fue dada por Alekséi V. Létnikov en 1868, solamente un año después de la aparición del artículo de Grünwald. Cabe destacar que, a diferencia de la aproximación de Riemann-Liouville, la formulación

de Grünwald-Letnikov enfrenta el problema desde una perspectiva derivativa como se mostrará a continuación [59].

La definición de la derivada fraccionaria de Grünwald-Letnikov se basa en una generalización de una función $f(t)$ de orden $n \in \mathbb{N}$ a partir de cocientes diferenciales,

$$f^n(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{D^n f(t)}{h^n}, \quad (2.26)$$

donde $D^n f(t)$ es un diferencial finito de orden $n \in \mathbb{N}_0$ de una función $f(t)$ con un paso $h \in \mathbb{R}$ y centrado en el punto $t \in \mathbb{R}$ definido por:

$$D^n f(t) = \sum_{k=0}^n (-1)^k \binom{n}{k} f(t - kh) \quad , \quad (x, h \in \mathbb{R}; n \in \mathbb{N}) \quad (2.27)$$

y

$$D_h^0 f(t) = f(t) \quad (2.28)$$

De (2.26) se define una derivada fraccionaria, al reemplazar $n \in \mathbb{N}$ en (2.27) por $\alpha > 0$. Resultando en:

$$D^\alpha f(t) = \sum_{k=0}^{\infty} (-1)^k \binom{\alpha}{k} f(t - kh) \quad , \quad (x, h \in \mathbb{R}; \alpha > 0), \quad (2.29)$$

donde $\binom{\alpha}{k}$ son coeficientes binomiales y se calculan de la forma:

$$\binom{\alpha}{k} = \frac{\alpha(\alpha - 1) \dots (\alpha - k + 1)}{k(k - 1) \dots 1} = \frac{\Gamma(\alpha + 1)}{\Gamma(k + 1)\Gamma(\alpha - k + 1)} \quad (2.30)$$

con toda $k > 0$.

Las series de (2.29) convergen de forma absoluta y uniforme para cada $\alpha > 0$.

Con lo anteriormente expuesto es posible decir que la derivada fraccionaria de Grünwald-Letnikov en un intervalo finito $[t, a]$ se define por:

$${}^GL_a D_t^\alpha f(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{1}{h^\alpha} \sum_{k=0}^{[(t-a)/h]} (-1)^k \binom{\alpha}{k} f(t - kh) \quad (2.31)$$

para toda $\alpha > 0$ [61].

Otra forma en la cual se puede encontrar la derivada de Grünwald-Letnikov y que es equivalente sería:

$${}^GL_0 D_t^\alpha f(t) = \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{h_N^\alpha} \sum_{k=0}^N c(\alpha, k) \times (t - kh_N) \quad (2.32)$$

donde $h_N = \frac{t}{N}$, $v(\alpha, k) = \frac{\Gamma(\alpha+1)}{\Gamma(\alpha-k+1)\Gamma(k+1)}$ y $c(\alpha, k) = (-1)^k v(\alpha, k)$. [62]

Derivada Fraccionaria de Caputo

Para los casos en los cuales las definiciones fraccionarias de Grünwald-Letnikov o Riemann-Liouville son utilizadas, la condición inicial ${}^{RL}D_t^\alpha]_{t=a}$ es complicada de medir haciendo uso de sensores, y esta limitante raras veces resulta en el uso de los operadores fraccionarios de Grünwald-Letnikov y Riemann-Liouville en modelado de sistemas reales de orden fraccionario, dado que la mayoría de los sistemas poseen condiciones iniciales distintas de cero. De forma alternativa se definió la derivada fraccionaria de Caputo, que probó ser una herramienta útil al momento de enfrentar problemas con valores iniciales distintos de cero [60].

En 1867 se presentaron las llamadas derivadas fraccionarias de Caputo, las cuales están estrechamente relacionadas con las derivadas fraccionarias de Riemann-Liouville. Al tener un intervalo de tiempo finito sobre la línea de los números reales \mathbb{R} , para una $\alpha \geq 0$ entonces las derivadas de Caputo se definen como:

$${}^C_{a+}D_t^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \int_a^t \frac{f^{(n)}(\tau)}{(t-\tau)^{\alpha-n+1}} d\tau = \left({}^{RL}I_{a+}^{n-\alpha} \left(\frac{d}{dt} \right)^n f(t) \right) \quad (2.33)$$

y

$${}^C_tD_{b-}^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \int_t^b \frac{f^{(n)}(\tau)}{(t-\tau)^{\alpha-n+1}} d\tau = \left({}^{RL}I_{b-}^{n-\alpha} \left(\frac{d}{dt} \right)^n f(t) \right), \quad (2.34)$$

estas derivadas se conocen como las derivadas fraccionarias de Caputo de orden α por la izquierda y por la derecha respectivamente.

Un caso particular se presenta cuando $0 < \alpha < 1$, entonces:

$${}^C_{a+}D_t^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(1-\alpha)} \int_a^t \frac{f'(\tau)}{(t-\tau)^\alpha} d\tau = \left({}^{RL}I_{a+}^{1-\alpha} \left(\frac{d}{dt} \right) f(t) \right) \quad (2.35)$$

y

$${}^C_tD_{b-}^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(1-\alpha)} \int_t^b \frac{f'(\tau)}{(t-\tau)^\alpha} d\tau = \left({}^{RL}I_{b-}^{1-\alpha} \left(\frac{d}{dt} \right) f(t) \right) \quad (2.36)$$

Las ecuaciones que relacionan las derivadas de Caputo y Riemann-Liouville son:

$${}^C_{a+}D_t^\alpha f(t) = \left({}^{RL}D_t^\alpha \left[f(\tau) - \sum_{k=0}^{n-1} \frac{f^{(k)}(a)}{k!} (t-a)^k \right] \right) \quad (2.37)$$

y

$${}^C_tD_{b-}^\alpha f(t) = \left({}^{RL}D_{b-}^\alpha \left[f(\tau) - \sum_{k=0}^{n-1} \frac{f^{(k)}(b)}{k!} (b-t)^k \right] \right) \quad (2.38)$$

respectivamente.

Un caso particular que será usado posteriormente es cuando $0 < \alpha < 1$, entonces las relaciones de las ecuaciones (2.37) y (2.38) toman las formas:

$${}^C_{a+}D_t^\alpha f(t) = ({}^{RL}D_t^\alpha [f(\tau) - f(a)]) \quad (2.39)$$

$${}^C_tD_{b+}^\alpha f(t) = ({}^{RL}D_{b+}^\alpha [f(\tau) - f(b)]) \quad (2.40)$$

Finalmente, si se tiene que $a = 0$, la ecuación de (2.39) tendrá la forma:

$${}^C_0D_t^\alpha f(t) = {}^{RL}_0D_t^\alpha f(t) - \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)} f(0) \quad (2.41)$$

De forma alternativa, la derivada fraccionaria de Caputo se define como:

$${}^C_aD_t^\alpha f(t) = \frac{1}{\Gamma(m+1-\alpha)} \int_a^t \frac{f^{(m+1)}(\tau)}{(t-\tau)^{\alpha-m}} d\tau \quad (2.42)$$

Donde $0 \leq m \leq \alpha < m+1$, esta ecuación esta definida de tal manera que es posible atacar los problemas que presentan condiciones iniciales distintas de cero.

Haciendo uso de la ecuación anterior se puede definir la siguiente relación entre el operador fraccionario de Caputo y el de Riemann-Liouville:

$${}^{RL}_aD_t^\alpha f(t) = \sum_{k=0}^m \frac{f^{(k)}(a)(t-a)^{-\alpha+k}}{\Gamma(-\alpha+k+1)} + {}^C_aD_t^\alpha f(t) \quad (2.43)$$

Así mismo, el operador de fraccionario de Caputo y de Grünwald-Letnikov presentan la siguiente relación:

$${}^C_aD_t^\alpha f(t) = {}^{GL}_aD_t^\alpha f(t) - \sum_{k=0}^{n-1} \frac{f^{(k)}(a)}{\Gamma(k-a+1)} (t-a)^{n-\alpha} \quad (2.44)$$

Se puede concluir en base a las ecuaciones (2.43) y (2.44) que las derivadas fraccionarias de Caputo, Grünwald-Letnikov y Riemann-Liouville pueden ser tratadas como la interpolación de dos derivadas consecutivas de orden entero [60].

2.2.3. Discretización de modelos enteros a orden fraccionario

Un problema fraccionario de valor inicial en el sentido de la definición de Caputo esta dado por:

$$\begin{cases} {}^C_aD_0^\alpha x = f(x) \\ x_0 = x(0) \\ x_a^k = x^k(a), k = 0, \dots, \alpha - 1 \end{cases} \quad (2.45)$$

donde $x^k(a) = \left. \frac{d^k x}{dt^k} \right|_{x=a}$ [63].

Como se mencionó anteriormente, la ecuación (2.44) puede ser usada para determinar una solución para un problema fraccionario con condición inicial. Estas soluciones numéricas sobre un intervalo $[a, b]$ se pueden dar por la siguiente relación:

$$x_{i+1} = h^\alpha \left(f(t_i, x_i) + \sum_{k=0}^{\alpha-1} \frac{x_a^k t_i^{k-\alpha}}{\Gamma(k+1-\alpha)} \right) - \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k) x_{i-k+1}, \quad i > j \quad (2.46)$$

de un conjunto de soluciones iniciales $C = (x_0, x_1, \dots, x_j)$ conocidas del sistema de la ecuación (2.45). Así mismo con $h = (b-a)/N$, $t_0 = a$, $t_i = t_0 + ih$, $i = 0, \dots, N$, donde N es el número de particiones en $[a, b]$. Ahora bien, dicho lo anterior, es necesario definir un método que pueda ser usado cuando una sola condición inicial es conocida y esta no sea necesariamente cero.

Dado un $\alpha > 0$ y la discretización dada por la ecuación (2.46), es posible establecer un método para resolver:

$$\begin{cases} {}^C D_0^\alpha x = F(x) \\ x_0 = x(0) \\ x_0^k = 0, k = 1, \dots, \alpha - 1, \quad \text{si } \alpha > 1, \end{cases} \quad (2.47)$$

sin un conjunto de condiciones iniciales $C = (x_0, x_1, \dots, x_j)$. La única condición inicial necesaria de C es x_0 , la cual es una condición inicial de (2.47).

Al tener un problema fraccionario con valor inicial como el que se presenta en (2.47), una discretización para obtener una solución numérica con un paso de tamaño h con un efecto de memoria infinita y con una condición inicial x_0 está dada por:

$$x_{i+1} = h^\alpha (f(x_i, ih)) - \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k) x_{i-k+1} + x(0) \left(1 + \sum_{k=1}^{[i+1]} c(\alpha, k)\right) \quad (2.48)$$

Donde i indica el tiempo de muestreo, $x_i = x(ih)$, h es el paso de integración de la solución numérica ($t = ih$), $c(\alpha, k) = (-1)^k v(\alpha, k)$ con $v(\alpha, k) = \frac{\Gamma(\alpha+1)}{\Gamma(\alpha-k+1)\Gamma(k+1)}$, donde α es el orden fraccionario [63].

2.2.4. Propiedades y aplicaciones

Una de las propiedades más importantes que todas las definiciones de la derivada fraccionaria comparten, es que los operadores derivativos fraccionarios son no locales". Esto significa que el valor de $D_{t_0}^\alpha f(t)$ depende de todos los valores de f en el intervalo $[t_0, t]$; *i.e.*, de todo el historial de la función f .

La derivada fraccionaria tiene una correlación global que puede reflejar de mejor manera el proceso de dependencia histórica durante el desarrollo de la función; mientras que la derivada entera presenta localidad, lo cual no es adecuado para describir el proceso de dependencia histórica. El uso de menos parámetros puede traer consigo buenos resultados. Al describir sistemas físicos complejos, comparados con el modelo no lineal, el significado físico del modelo fraccionario es más claro y la expresión es más concisa [64].

Las aplicaciones en ingeniería del cálculo fraccionario se retrasaron debido a que este tiene múltiples definiciones y no tiene una interpretación geométrica simple a diferencia del cálculo entero que, a primera vista, es suficiente para resolver problemas de ingeniería. A pesar de esto, muchos fenómenos naturales se describen mejor a través de una formulación de orden fraccionario ya que toma en cuenta el comportamiento pasado y es compacto al expresar dinámicas de alto orden.

Adicionalmente al problema de cual definición escoger basados en sus propiedades o complejidad de implementación, los ingenieros deben de tomar en cuenta qué

herramienta matemática usar y las implicaciones que esto conlleva. Una manera fácil de comprender las implicaciones al hacer uso del cálculo fraccionario o el de orden entero es al graficar el resultado y observar qué sucede al aplicar uno u otro. En el caso del cálculo de orden entero, hay muchas interpretaciones geométricas que son muy bien aceptadas y se relacionan con cuantificaciones físicas, por ejemplo, la tasa de cambio instantánea de una función explica completamente la relación entre conceptos como posición y velocidad de un objeto. Desafortunadamente, hasta la última década no existía una interpretación geométrica de las derivadas fraccionarias.

El orden fraccionario puede representar sistemas con un alto orden de dinámicas y fenómenos no lineales usando pocos coeficientes, dado que el orden arbitrario de las derivadas otorga un grado de libertad adicional para adaptar un tipo de comportamiento específico. Como se mencionó anteriormente, la no-localidad permite que dependan de todo el historial de la función lo cual es útil cuando el sistema tiene memoria a largo plazo y para cualquier evaluación que dependa de algún valor pasado de la función. Sin embargo, esto también presenta un problema cuando las derivadas fraccionarias se implementan en circuitos lógicos, debido a que requieren de una enorme cantidad de memoria física [65].

Dicho todo lo anterior, es importante mencionar que, para la epidemiología, el cálculo fraccionario es una herramienta muy útil. Esto es importante ya que es bien sabido que el presente es explicado por el pasado, es decir que es posible utilizar un sistema de ecuaciones diferenciales fraccionarias para estudiar el efecto de memoria durante la evolución de una pandemia. Un tipo de memoria que se ha observado ampliamente en ecología y epidemiología es la histéresis. En la histéresis, el estado actual del sistema no depende únicamente de las condiciones actuales, también depende de condiciones anteriores, esto es, los eventos pasados influyen a las dinámicas actuales [66].

2.2.5. Modelos epidemiológicos de orden fraccionario

Cuando el estado actual de un sistema es influenciado por las dinámicas de su historial, se dice que el sistema presenta el fenómeno de histéresis. En general, la histéresis es un tipo de ventana de memoria sin límite (solamente limitado por el origen), así que se puede formular matemáticamente con un núcleo de convolución desde el origen. Este núcleo se define típicamente en los operadores diferenciales de orden fraccionario, como la derivada de Caputo. Se puede observar que en las fórmulas (2.25) y (2.43) la memoria de los eventos más recientes tiene más influencia que aquellos de tiempos anteriores. Es importante destacar en este trabajo que el orden fraccionario será $1 > \alpha > 0$, por lo tanto, los tiempos recientes tendrán una mayor influencia que los tiempos pasados [66].

Modelo SIR de orden fraccionario

En [56], el modelo SIR con dinámica vital (incorpora nacimientos y fallecimientos) está descrito como:

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} -\beta x_1 x_2 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \end{pmatrix}, \quad (2.49)$$

donde x_1 representa la cantidad de individuos que no presentan inmunidad al agente infeccioso (Susceptibles), así que pueden volverse infectados si se exponen; x_2 son los individuos que están infectados y pueden transmitir la infección a los individuos susceptibles con los que tengan contacto (Infectados); β es la tasa *per capita* de transmisión de la enfermedad; γ es la tasa de recuperación diaria; a es la tasa de natalidad por unidad de tiempo y μ es la tasa de mortalidad *per capita*. La escala de tiempo para que se tengan cambios sustanciales en nacimientos es mucho más pequeña que los cambios provocados por la mortalidad con una epidemia, así que es posible asumir que el tamaño de la población es constante. En este caso, de acuerdo con [67], el modelo SIR de orden entero resulta observable para la variable de medición de I y β .

Por lo anterior, de acuerdo con [56], se puede extender un modelo SIR a orden fraccionario mediante:

$${}_0^C D_t^\alpha x = \begin{pmatrix} -\beta x_1 x_2 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \end{pmatrix} \quad (2.50)$$

donde $0 < \alpha < 1$.

Modelo SEIR de orden fraccionario

En [56] el modelo SEIR con dinámica vital se describe como:

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} -\beta x_1 x_3 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_3 - (\mu + \kappa) x_2 \\ \kappa x_2 - (\gamma + \mu) x_3 \end{pmatrix} \quad (2.51)$$

donde x_1 representa la cantidad de individuos susceptibles, x_2 a los individuos que fueron expuestos al patógeno y están infectados de forma latente, y x_3 son los individuos que están infectados y pueden transmitir la infección a los individuos susceptibles con los que tengan contacto (Expuestos). β , γ , μ y a son los mismos parámetros que los descritos en el modelo SIR, y κ es la tasa de incubación de la enfermedad. De esta forma, el modelo SEIR de orden fraccionario puede ser descrito por:

$${}_0^C D_t^\alpha x = \begin{pmatrix} -\beta x_1 x_3 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_3 - (\mu + \kappa) x_2 \\ \kappa x_2 - (\gamma + \mu) x_3 \end{pmatrix} \quad (2.52)$$

donde $0 < \alpha < 1$.

Modelos epidemiológicos de orden entero vs orden fraccionario

Los modelos fraccionarios son más complejos de resolver, tanto por el efecto de memoria como por su complejidad. Pero sus ventajas son notables, como se mostrará a continuación.

Por ejemplo, se tiene un modelo con los siguientes datos:

- Población total $N = 100,000$.
- Tasa de transmisión *per capita* $\beta = 2,3$.

- Tasa de recuperación $\gamma = \frac{1}{6}$.
- Tasa de mortalidad $\mu = 0,01$.
- Tasa de natalidad $a = 0,002$.
- Población susceptible inicial $S(0) = 60,000$.
- Población infectada inicial $I(0) = 100$.

La cantidad de interés son los infectados que se tendrán con el tiempo, es decir x_2 .

Haciendo uso de las ecuaciones del modelo SIR con dinámica vital de (2.4) se obtiene un número de reproducción básico de $R_0 = 2,6$, lo cual indica que se va a presentar un brote, la gráfica respectiva del modelo se muestra en la figura 2.7.

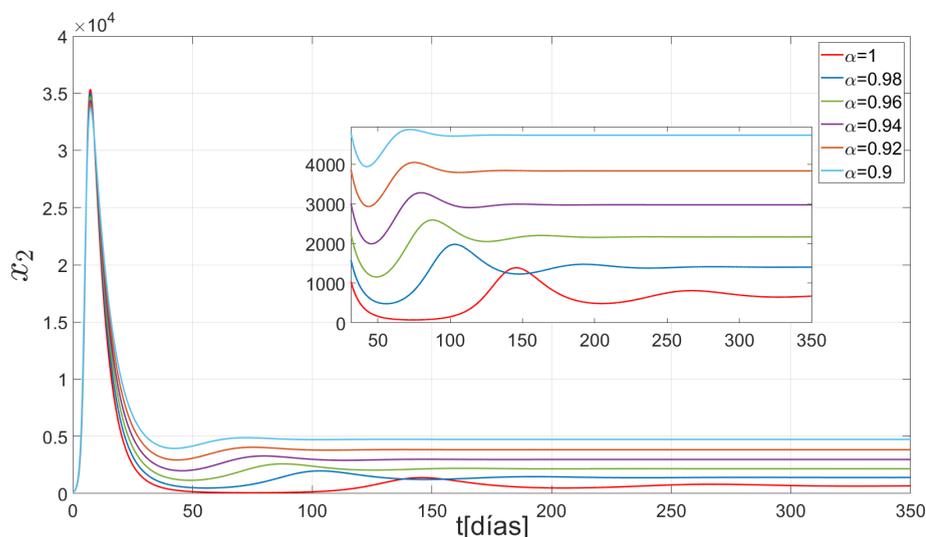


Figura 2.7: La línea roja representa el modelo SIR de orden entero, el resto de las líneas representan el modelo SIR con diferentes valores α de orden fraccionario.

El modelo SIR de orden entero mostrado en la figura 2.7 presenta un período transitorio mucho mayor que el modelo fraccionario, así mismo entre los 50 y 100 días se puede destacar que la cantidad de infectados tiende a 0 en el modelo entero y posteriormente presenta un período transitorio hasta tender a un equilibrio endémico; mientras que los modelos fraccionarios presentan un período transitorio mucho menor en comparación al modelo entero así como una tendencia al equilibrio más rápida.

Por otro lado, cuando el valor α se aleja del valor unitario, la diferencia entre la cantidad de individuos que permanecen infectados aumenta.

Tomando los datos del modelo anterior y adicionalmente agregando el valor de expuestos iniciales $E(0) = 6,000$ para el modelo SEIR, el número de reproducción básico $R_0 = 2,5$ y con este valor se tendrá un brote en la población.

Al graficar el modelo SEIR con dinámica vital de la ecuación (2.12) con estos valores, así como al usar distintas magnitudes de orden fraccionario α , la gráfica resultante se muestra en la figura 2.8.

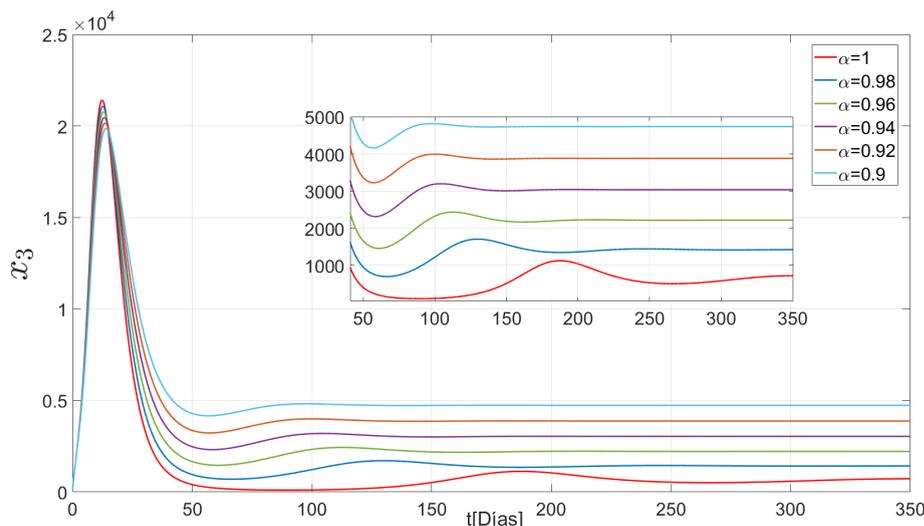


Figura 2.8: La línea roja representa el modelo SEIR de orden entero, el resto de las líneas representan el modelo SEIR con diferentes valores α de orden fraccionario.

Al igual que con la cantidad de infectados del modelo SIR, los infectados del modelo SEIR tienden a desaparecer entre los 50 y 100 días posteriores al pico máximo, para después de este tiempo presentar un repunte.

En las figuras 2.7 y 2.8 se puede observar cómo los modelos de orden fraccionario tienen un período transitorio menor y tienden al equilibrio más rápido al ser comparados con el modelo de orden entero. Así mismo, es posible observar cómo el umbral de la persistencia de la enfermedad se desplaza dependiendo del orden fraccionario α seleccionado, esto es importante ya que, como en este ejemplo, el umbral tiende a mantenerse muy bajo o desaparecer en intervalos cuando en realidad la enfermedad pasa a ser endémica y a prevalecer en la población.

2.3. El filtro de Kalman

El filtro de Kalman fue desarrollado por Rudolf E. Kalman en 1960 y es un algoritmo para la estimación de variables de estado no observables basados en variables observables que pueden tener algún tipo de error de medición. En otras palabras, permite la identificación de estados de un sistema dinámico lineal de la misma forma que el observador de Luenberger pero también funciona cuando el sistema está sujeto a ruido blanco aditivo. Dado que este filtro es un estimador lineal y óptimo, desde una perspectiva de mínimos cuadrados, y debido a que fue usado ampliamente en la resolución de problemas, se volvió una necesidad extender su uso a sistemas no lineales. En 1960, Rudolf E. Kalman presentó su publicación a Stanley F. Schmidt

en el Centro de Investigación de Ames (ARC por sus siglas en inglés) y a otros investigadores quienes estaban en medio de un trabajo de navegación y guía para la misión en la órbita de la luna de 1959. El problema al que se enfrentaban era que modelaban con sistemas no lineales, pero el filtro usado era lineal. Sin embargo, la propuesta de Kalman era de gran interés para estos investigadores ya que el nuevo filtro podría ser adaptado y usado no solo como una solución para sus problemas, también para mitigar los problemas de cálculos en las computadoras IBM 740 [68].

Posteriormente, los estudios acerca del Filtro de Kalman conducidos por la rama de análisis dinámicos de la NASA fueron una pieza fundamental para lo que hoy se conoce como Filtro de Kalman Extendido (EKF por sus siglas en inglés).

En la realidad, la medición de estados o funciones de estados no pueden ser medidas a la perfección debido a la incertidumbre provocada por el ruido, pero es posible realizar una aproximación al forzar un modelo matemático del sistema dinámico para seguir los estados de la planta o los objetos a controlar. Los efectos del ruido de estado pueden ser compensados al propagar de manera eficiente este a través del modelo matemático y filtrarlo de los estados estimados con un peso que depende del ruido de medición. Se sabe que no se requiere de una solución analítica ya que las ecuaciones diferenciales del estado y del ruido son resueltas de forma recursiva para hallar los estimados del estado. Uno de los modelos matemáticos más comunes y que está asociado a algoritmo de supresión de ruido es llamado el filtro de Kalman.

Los filtros de Kalman están presentes en muchos sistemas de control que son familiares. Sistemas de navegación para aviones, barcos y naves espaciales basados en estos filtros son bastante comunes, así como sus aplicaciones en sistemas de navegación de automóviles. Control del comportamiento para estos sistemas de transporte incluyendo estimadores óptimos también son muy comunes.

El filtro de Kalman es, en esencia, un observador que busca compensar el efecto de las perturbaciones y minimizar el efecto de estas en la reconstrucción de los estados, opera al implementar ecuaciones que describen como se propaga la media y la covarianza del estado con el paso del tiempo en el sistema del cual se busca estimar sus estados. Estas ecuaciones forman la base del filtro de Kalman ya que la media del estado es el estado estimado del filtro y la covarianza del estado es la covarianza estimada del filtro de estado. Cada vez que se tiene una medición, la covarianza y la media se propagan por el estado y se actualizan. Así mismo, el filtro de Kalman también es usado para predecir el comportamiento futuro aproximado de sistemas que no es posible controlar.

Es necesario entender que los algoritmos de estimación como el filtro de Kalman son formulados usualmente con matrices. Una matriz arbitraria Z con una cantidad r de filas y n de columnas se expresa con la matriz de dimensión $r \times n$:

$$Z = \begin{bmatrix} Z_{11} & \cdots & Z_{1n} \\ \vdots & & \vdots \\ Z_{r1} & \cdots & Z_{rn} \end{bmatrix},$$

y la matriz transpuesta Z^T se expresa por medio de la matriz de dimensión $n \times r$:

$$Z = \begin{bmatrix} Z_{11} & \cdots & Z_{r1} \\ \vdots & & \vdots \\ Z_{1n} & \cdots & Z_{nr} \end{bmatrix},$$

Cabe destacar el uso de la notación Z_{ij} para indicar el escalar de la i -ésima fila y la j -ésima columna de la matriz Z . Una matriz simétrica es tal que $Z = Z^T$.

Si se tiene un vector z de dimensión $n \times 1$. Es posible calcular el producto de zz^T de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} xx^T &= \begin{bmatrix} x_1 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} [x_1 \cdots x_n] \\ &= \begin{bmatrix} x_1^2 & \cdots & x_1x_n \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_nx_1 & \cdots & x_n^2 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

Al tener un sistema con ruido de medición agregado v de dimensión $q \times 1$ con media cero e independiente, la matriz de covarianza se calcula de la forma [35]:

$$\begin{aligned} Q &= E(vv^T) \\ &= \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \sigma_q^2 \end{bmatrix}, \end{aligned}$$

donde E denota la esperanza matemática.

En muchas situaciones prácticas, muy pocas partes de los estados o funciones de los estados de un sistema dinámico pueden ser medidos directamente sin ningún error. En general esto ocurre debido a que los estados o las mediciones de los estados (comúnmente ambos) sufren interferencias por ruido [69]. En experimentos e investigación de filtros óptimos, comúnmente es necesario simular ruido blanco. Para esto es necesario crear un vector aleatorio cuyos elementos estén correlacionados entre si de acuerdo a una matriz de covarianza predefinida. Para generar un par de vectores aleatorios w de $r \times 1$ cantidad de elementos y v de $q \times 1$ cantidad elementos, ambos con media cero y matrices de covarianza Q y R respectivamente:

$$Q = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \cdots & \sigma_{1q} \\ \vdots & & \vdots \\ \sigma_{q1} & \cdots & \sigma_q^2 \end{bmatrix}, \quad (2.53)$$

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \cdots & \sigma_{1r} \\ \vdots & & \vdots \\ \sigma_{r1} & \cdots & \sigma_r^2 \end{bmatrix}, \quad (2.54)$$

siendo $w \in \mathbb{R}^q$ y $v \in \mathbb{R}^p$, así como las matrices de covarianza $Q \in \mathbb{R}^{q \times q}$ y $R \in \mathbb{R}^{r \times r}$ [35].

Este ruido será representado de la siguiente forma:

$$w \sim (0, Q) \quad (2.55)$$

$$v \sim (0, R) \quad (2.56)$$

Esta notación indica que w y v son variables aleatorias con media 0 y matrices de covarianza de Q y R respectivamente. Siendo w y v ruido blanco Gaussiano de media cero, con matrices de covarianza siendo Q y R respectivamente. Los términos w y v corresponden al ruido de proceso y de medición, por lo tanto Q y R serán las matrices de covarianza de ruido de medición y de proceso. Los componentes de las fuentes de los ruidos de estado y de medición se asume que son no relacionados.

De la ecuación (2.55) se tiene:

$$E[w(t)w^T(\tau)] = Q\delta(t - \tau) \quad (2.57)$$

y de (2.56):

$$E[v(t)v^T(\tau)] = R\delta(t - \tau) \quad (2.58)$$

donde δ representa la respuesta a la función impulso. El ruido blanco en tiempo continuo es contra intuitivo, dado que $w(t)$ esta correlacionado infinitamente con $w(\tau)$ en $t = \tau$, pero no está relacionado de ninguna manera cuando $t \neq \tau$, sucede lo mismo con $v(t)$. Sin embargo, esto puede ser una descripción aproximada en procesos reales [35].

En muchos casos, es razonable considerar el problema de encontrar el estado óptimo de todos los estados del sistema tomando en cuenta las mediciones ruidosas de algunos o todos los demás estados. Se le dice “óptimo” en el sentido de mínimos cuadrados, varianza mínima, o algún otro criterio de optimización [69].

Al suponer que se tiene un sistema del cual se busca estimar su estado y que sus mediciones de salida se relacionen de forma lineal con el sistema, las ecuaciones del modelo lineal y las mediciones de este estarán dadas de la siguiente manera [35].

La ecuación de estado es:

$$\dot{x} = Ax + w(t), \quad (2.59)$$

y la ecuación de salida es:

$$y = Cx + v(t), \quad (2.60)$$

donde $x \in \mathbb{R}^n$ es el vector de estados, $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ es la matriz Jacobiana de la función, $y \in \mathbb{R}^p$ es el vector de medición, $C \in \mathbb{R}^{p \times n}$ es la matriz de salidas, $w(t)$ es el ruido de proceso y $v(t)$ es el ruido de medición en el momento t .

El objetivo será encontrar el estimado n del vector de estados x , representado por \hat{x} .

Al momento de hacer la primera iteración del estimador es necesario inicializarlo, para que sea posible predecir el estado siguiente, ya que los estados iniciales son desconocidos, pero es posible estimarlos [35].

Para calcular los estados iniciales del estimador \hat{x} y de $P(0)$ se hace uso de las siguientes ecuaciones:

$$\hat{x}(0) = E[x(0)] \quad (2.61)$$

$$P(0) = E[(x(0) - \hat{x}(0))(x(0) - \hat{x}(0))^T], \quad (2.62)$$

siendo $E(X) = \mu\xi$ donde $\mu\xi$ es la media de la variable.

La ecuación diferencial que puede ser usada para estimar el estado en tiempo continuo esta dada por:

$$\dot{\hat{x}} = A\hat{x} + K(y - C\hat{x}) \quad (2.63)$$

La variable K representa la ganancia de Kalman, la cual es un filtro que minimiza la varianza del estimado y se calcula de la forma siguiente:

$$K = PC^T R^{-1} \quad (2.64)$$

La ganancia de Kalman es el peso de la medición, es decir, define el peso que tienen las mediciones y el estimado cuando se forma una nueva estimación. Indica que tanto cambia la medición del estimado. Usando la ganancia de Kalman, se puede calcular una ecuación mas compacta y conveniente que en (2.62), la cual seria la ecuación de Ricatti óptima para el observador:

$$\dot{P} = -PC^T R_c^{-1} CPA + AP + PA^T + Q \quad (2.65)$$

La ecuación \dot{P} es conocida como ecuación diferencial de Ricatti, puede ser usada para calcular el error de estimación de la covarianza y actualizar la ecuación para el filtro de Kalman.

En esta ecuación el termino $AP + PA^T$ representa la respuesta interna del sistema debido al ruido del proceso Q (el cual incrementa la incertidumbre estadística debido al ruido del estado). Estos 3 términos juntos con la derivada del tiempo son la ecuación de Lyapunov dependiente del tiempo para el sistema. El término negativo $-PC^T R^{-1} CPA$, representa la disminución de la incertidumbre general como resultado de las mediciones.

Se puede pensar en la solución de la ecuación de Riccati como un método para utilizar la información **a priori** disponible sobre el estado y el ruido de medición para encontrar el error de covarianza del sistema en un tiempo t dado [69].

Las ecuaciones (2.59)-(2.65) representan el filtro de Kalman en tiempo continuo. Una vez que el filtro de Kalman es inicializado, estima el siguiente estado del sistema, una vez que recibe una medición el filtro corrige el estimado. De igual manera el filtro predice los siguientes estados y así sucesivamente.

El algoritmo del Filtro de Kalman asume que la distribución de todas las variables aleatorias es Gaussiano. Para sistemas no-lineales, esto ya no es verdadero. El algoritmo puede volverse inestable y conllevar errores de estimación significativos [35].

2.3.1. El filtro de Kalman para sistemas no-lineales

Hasta este punto se han considerado filtros lineales para sistemas lineales pero todos los sistemas son, en última instancia, no lineales. Es decir que solo son una

aproximación en un rango limitado de operación. Sin embargo, muchos sistemas se encuentran cercanos a la linealidad como para que las estimaciones lineales den resultados satisfactorios. Pero “cercano” solo puede ser satisfactorio hasta cierto punto. Eventualmente, habrá sistemas que no se comporten de forma lineal incluso en un rango de operación limitado, y las estimaciones no darán buenos resultados. En este caso es necesario un estimador no lineal [35].

La serie de Taylor

Una herramienta importante para el filtro de Kalman aplicado en sistemas no lineales y que es importante mencionar es la serie de Taylor.

Para usar herramientas de la teoría de sistemas lineales para sistemas no lineales, es necesario linealizar estas no linealidades y encontrar un sistema lineal que sea aproximadamente equivalente al sistema no lineal.

Para explicar esto, primero es necesario tener un sistema no lineal escrito de la forma:

$$\dot{x} = f(x, u, w), \quad (2.66)$$

$$y = h(x, v), \quad (2.67)$$

donde $x \in \mathbb{R}^n$ y $y \in \mathbb{R}^p$, siendo $f(\cdot)$ y $h(\cdot)$ funciones arbitrarias, $w \in \mathbb{R}^q$ y $v \in \mathbb{R}^p$ son ruido de proceso y de medición respectivamente. Se puede decir que $f(\cdot)$ es una función vector no lineal de un escalar x . Al expandir esta función con la serie de Taylor alrededor de un punto de operación nominal $x = \bar{x}$, definiendo $\tilde{x} = x - \bar{x}$:

$$f(x) = f(\bar{x}) + \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{\bar{x}} \tilde{x} + \frac{1}{2!} \left. \frac{\partial^2 f}{\partial x^2} \right|_{\bar{x}} \tilde{x}^2 + \frac{1}{3!} \left. \frac{\partial^3 f}{\partial x^3} \right|_{\bar{x}} \tilde{x}^3 + \dots \quad (2.68)$$

suponiendo que x es un vector de $n \times 1$, esto indicaría que $f(x)$ es una función no lineal, haciendo que la expansión de la serie de Taylor sea:

$$\begin{aligned} f(x) = f(\bar{x}) + \left(\tilde{x}_1 \frac{\partial}{\partial x_1} + \dots + \tilde{x}_n \frac{\partial}{\partial x_n} \right) f \Big|_{\bar{x}} + \frac{1}{2!} \left(\tilde{x}_1 \frac{\partial}{\partial x_1} + \dots + \tilde{x}_n \frac{\partial}{\partial x_n} \right)^2 f \Big|_{\bar{x}} \\ + \frac{1}{3!} \left(\tilde{x}_1 \frac{\partial}{\partial x_1} + \dots + \tilde{x}_n \frac{\partial}{\partial x_n} \right)^3 f \Big|_{\bar{x}} + \dots \end{aligned} \quad (2.69)$$

Al definir una operación para la serie tal que $D_{\tilde{x}}^k f$ sea:

$$D_{\tilde{x}}^k f = \left(\sum_{i=0}^n \tilde{x}_i \frac{\partial}{\partial x_i} \right)^k f(x) \Big|_{\bar{x}} \quad (2.70)$$

es posible reescribir la expansión de la serie de Taylor de $f(x)$ como:

$$f(x) = f(\bar{x}) + D_{\tilde{x}} f + \frac{1}{2!} D_{\tilde{x}}^2 f + \frac{1}{3!} D_{\tilde{x}}^3 f + \dots \quad (2.71)$$

Si la función no lineal $f(x)$ es suficientemente suave, entonces las derivadas de orden más alto de esta deberían ser pequeñas. Además, si $f(x)$ se expande alrededor de un punto tal que x sea cercano a \bar{x} , entonces \tilde{x} será pequeña y las potencias más grandes de \tilde{x} serán pequeñas. Esto justifica la aproximación:

$$\begin{aligned} f(x) &\approx f(\bar{x}) + D_{\tilde{x}}f \\ &\approx f(\bar{x}) + \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{\bar{x}} \tilde{x} \\ &\approx f(\bar{x}) + A\tilde{x} \end{aligned} \quad (2.72)$$

Volviendo al sistema no lineal de la ecuación (2.66), es posible expandir esta alrededor del punto de operación $(\bar{x}, \bar{u}, \bar{w})$. Obteniendo la aproximación:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= f(x, u, w) \\ &\approx f(\bar{x}, \bar{u}, \bar{w}) + \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{(\bar{x}=\bar{x}_0, \bar{u}=\bar{u}_0, \bar{w}=\bar{w}_0)} (x - \bar{x}) + \left. \frac{\partial f}{\partial u} \right|_{(\bar{x}=\bar{x}_0, \bar{u}=\bar{u}_0, \bar{w}=\bar{w}_0)} (u - \bar{u}) \\ &\quad + \left. \frac{\partial f}{\partial w} \right|_{(\bar{x}=\bar{x}_0, \bar{u}=\bar{u}_0, \bar{w}=\bar{w}_0)} (w - \bar{w}) \\ &= \dot{\bar{x}} + A\tilde{x} + B\tilde{u} + L\tilde{w} \end{aligned} \quad (2.73)$$

Ya que w es ruido, es posible decir que $\bar{w} = 0$ así que $\tilde{w} = w$, simplificando la ecuación (2.73):

$$\dot{\tilde{x}} = A\tilde{x} + B\tilde{u} + Lw \quad (2.74)$$

Finalmente, es posible observar que se obtiene una ecuación lineal para $\dot{\tilde{x}}$ en términos de \tilde{x} , \tilde{u} y w . Se tiene una ecuación lineal para las desviaciones del estado y del control de sus valores nominales, mientras estas desviaciones se mantengan en valores bajos la linealización será precisa y la ecuación lineal describirá con precisión las desviaciones de x de su valor nominal \tilde{x} .

De manera similar es posible hacer la expansión de la serie de Taylor para la ecuación de mediciones alrededor del punto nominal $x = \tilde{x}$ y $v = \tilde{v} = 0$, lo cual resulta en la ecuación:

$$\begin{aligned} \tilde{y} &= \left. \frac{\partial h}{\partial x} \right|_0 \tilde{x} + \left. \frac{\partial h}{\partial v} \right|_0 \tilde{v} \\ &= C\tilde{x} + Dv \end{aligned} \quad (2.75)$$

Como se muestra en las ecuaciones (2.74) y (2.75) es posible linealizar modelos no lineales con la ayuda de la expansión de la serie de Taylor [35].

El filtro de Kalman linealizado en tiempo continuo

Se pueden estimar los estados de un sistema no lineal utilizando el filtro de Kalman, basado en linealizar el sistema alrededor de una trayectoria de estado nominal.

Dicho lo anterior, si se tiene un sistema no lineal con la ecuación del sistema presentada de la forma:

$$\dot{x} = f(x, u, w, t), \quad (2.76)$$

y sea la ecuación de medición:

$$y = f(x, v, t), \quad (2.77)$$

siendo las ecuaciones (2.76) y (2.77) funciones no lineales.

Así mismo $u(t)$ y $v(t)$ serán perturbaciones en el sistema con:

$$u \sim (0, Q) \quad (2.78)$$

$$v \sim (0, R) \quad (2.79)$$

Es posible asumir que los valores del ruido blanco $w_0(t)$ y $v_0(t)$ tienen media cero, no están relacionados y tienen matrices de covarianza conocidas Q y R respectivamente.

Los valores nominales del sistema están basados en suposiciones *a priori* de como podría ser la trayectoria del sistema. Pero la trayectoria actual del sistema debe ser cercana a la trayectoria nominal, en este caso la linealización usando la serie de Taylor debe ser aproximadamente correcta.

La linealización usando la serie de Taylor de las ecuaciones (2.76) y (2.77) serán:

$$\begin{aligned} \dot{x} &\approx f(x_0, u_0, w_0, t) + \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_0 (x - x_0) + \left. \frac{\partial f}{\partial u} \right|_0 (u - u_0) + \left. \frac{\partial f}{\partial w} \right|_0 (w - w_0) \\ &= f(x_0, u_0, w_0, t) + A\Delta x + B\Delta u + L\Delta w \end{aligned} \quad (2.80)$$

$$\begin{aligned} y &\approx h(x_0, v_0, t) + \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_0 (x - x_0) + \left. \frac{\partial f}{\partial v} \right|_0 (v - v_0) \\ &= h(x_0, v_0, t) + C\Delta x + M\Delta v \end{aligned} \quad (2.81)$$

El subíndice “0” de las derivadas parciales significa que son evaluadas en los valores nominales de control, estados, salidas y ruido respectivamente. Así mismo las definiciones de los cambios Δx , Δu , Δw y Δv son evidentes en las ecuaciones anteriores.

Se puede asumir que los valores de ruido nominales de w_0 y v_0 son iguales a 0 para todo tiempo. Teniendo en cuenta la consideración anterior se puede ver que $\Delta w(t) = w(t)$ y $\Delta v(t) = v(t)$. Con todas las condiciones anteriores, la trayectoria nominal se puede definir como:

$$\dot{x}_0 = f(x_0, u_0, 0, t) \quad (2.82)$$

$$y_0 = h(x_0, 0, t) \quad (2.83)$$

La desviación de la derivada del estado verdadero de la derivada del estado nominal y la desviación de la medición verdadera de la medición nominal se define como:

$$\Delta\dot{x} = \dot{x} - \dot{x}_0 \quad (2.84)$$

$$\Delta y = y - y_0 \quad (2.85)$$

Dicho esto, las ecuaciones (2.80) de estado toman la forma:

$$\begin{aligned} \Delta\dot{x} &= A\Delta x + \tilde{w} \\ \tilde{w} &\sim (0, \tilde{Q}), \quad \tilde{Q} = LQL^T \end{aligned} \quad (2.86)$$

y (2.81) de medición toma la forma:

$$\begin{aligned} \Delta y &= C\Delta x + \tilde{v} \\ \tilde{v} &\sim (0, \tilde{R}), \quad \tilde{R} = MRMT^T \end{aligned} \quad (2.87)$$

La ecuación de estado (2.86) es un sistema lineal así como la ecuación de medición (2.87), así que es posible utilizar un filtro de Kalman para estimar Δx .

Posteriormente, las ecuaciones de filtro de Kalman para el filtro linealizado son:

$$\begin{aligned} \Delta\hat{x}(0) &= 0 \\ P(0) &= E[(\Delta x(0) - \Delta\hat{x}(0))(\Delta x(0) - \Delta\hat{x}(0))^T] \\ \Delta\dot{\hat{x}} &= A\Delta\hat{x} + K(\Delta y - C\Delta\hat{x}) \\ K &= PC^T\tilde{R}^{-1} \\ \dot{P} &= AP + PA^T + \tilde{Q} - PC^T\tilde{R}^{-1}CP \end{aligned} \quad (2.88)$$

La covarianza del error de estimación está representada por P , en el filtro de Kalman linealizado esto ya no es verdad debido a que hay errores que se presentan en la linealización de las ecuaciones (2.80) y (2.81). A pesar de esto, si los errores de la linealización son pequeños entonces P puede ser aproximado al valor de covarianza del error de estimación [35].

Finalmente para estimar el estado:

$$\hat{x} = x_0 + \Delta\hat{x} \quad (2.89)$$

El filtro de Kalman Extendido

Gracias a los estudios de la rama de análisis dinámica de la NASA y a su primera aplicación, se logró demostrar la adaptabilidad de la teoría original de Kalman a problemas no lineales, se desarrolló el EKF, el cual redujo los efectos de los problemas que surgían debido a sistemas no lineales al conducir una linealización sobre la mejor estimación del estado real. La reformulación del algoritmo original de Kalman en porciones separadas de tiempo de actualización y tiempo de medición ayudó de tal manera que las mediciones podían ser procesadas en cualquier intervalo de tiempo arbitrario, demostrando el potencial del filtro de Kalman a través de su aplicación en una simulación puramente digital que resolvió el problema no lineal de navegación y orientación que ocurría en una nave espacial. Esto permitió incorporar el algoritmo en el sistema de control y navegación de la nave Apolo.

La extensión del Filtro de Kalman se logra al usar la aproximación de Taylor, a través de la cual un sistema puede ser linealizado empleando técnicas de estimación [68].

Dado que el filtro de Kalman estima el estado del sistema, ese estimado puede ser utilizado como la trayectoria del estado nominal. Lo que se hace es linealizar el sistema no-lineal alrededor del estado estimado por el filtro de Kalman, ya que este último está basado en el sistema linealizado. Este es el principio del Filtro de Kalman Extendido (EKF por sus siglas en inglés) [35].

Al tomar las expresiones de \dot{x}_0 y de $\Delta\dot{\hat{x}}$ se obtiene la ecuación:

$$\dot{x}_0 + \Delta\dot{\hat{x}} = f(x_0, u_0, w_0, t) + A\Delta\hat{x} + K[y - y_0 - C(\hat{x} - x_0)] \quad (2.90)$$

Con $x_0(t) = \hat{x}(t)$ de tal manera que $\Delta\hat{x}(t) = 0$ y $\Delta\dot{\hat{x}} = 0$. En otras palabras, la linealización de la trayectoria $X_0(t)$ es similar al estimado $\hat{x}(t)$ del filtro de Kalman linealizado.

Por lo tanto, la ecuación de la medición nominal toma la forma:

$$y_0 = h(\hat{x}, v_0, t) \quad (2.91)$$

y finalmente la ecuación de $\dot{\hat{x}}$:

$$\dot{\hat{x}} = f(\hat{x}, u, w_0, t) + K[y - h(\hat{x}, v_0, t)] \quad (2.92)$$

Esto es muy parecido al filtro linealizado de Kalman excepto porque se toma $x_0 = \hat{x}$, de esta forma \hat{x} es obtenida de forma directa. Otro cambio importante es que con la ganancia de Kalman también entra la medición “ y ” de forma directa, y la salida del estado estima \hat{x} directamente.

Las ecuaciones para el filtro de Kalman extendido son:

$$\begin{aligned}
\hat{x}(0) &= E[x(0)] \\
P(0) &= E[(x(0) - \hat{x}(0))(x(0) - \hat{x}(0))^T] \\
\dot{\hat{x}} &= f(\hat{x}, u, w_0, t) + K[y - h(\hat{x}, v_0, t)] \\
K &= PC^T \tilde{R}^{-1} \\
\dot{P} &= AP + PA^T + \tilde{Q} - PC^T \tilde{R}^{-1} CP
\end{aligned} \tag{2.93}$$

con los valores de ruido nominales de $w_0 = 0$ y $v_0 = 0$. También es conocido como el filtro de Kalman-Bucy.

Estimación de Parámetros

La estimación puede ser usada no solamente para estimar los estados de un sistema, también puede ser usada para estimar parámetros desconocidos. Si se presenta el modelo de un sistema, pero el sistema matricial depende de una forma no lineal de un vector de parámetros desconocidos p :

$$\begin{aligned}
x_{k+1} &= F_k(p)x_k + G_k(p)u_k + L_k(p)w_k \\
y_k &= H_k x_k + v_k \\
p &= \text{Parámetro desconocido}
\end{aligned}$$

Se asume que la medición es independiente de p , pero esto es por conveniencia de notación. También se asume que p es un vector de parámetros constantes. En este caso en particular, lo que es realmente de interés es estimar p , estimar los estados no es algo de interés.

Para estimar el parámetro p , primero se aumenta el estado con el parámetro para obtener un nuevo vector x' :

$$x'_k = \begin{bmatrix} x_k \\ p_k \end{bmatrix} \tag{2.94}$$

Si p_k es constante, se agrega un pequeño valor de ruido artificial para que el filtro de Kalman cambie su valor estimado del valor p_k . El modelo del sistema aumentado se puede escribir como:

$$\begin{aligned}
x'_{k+1} &= \begin{bmatrix} F_k(p_k)x_k + G_k(p_k)u_k + L_k(p_k)w_k \\ p_k + w_{pk} \end{bmatrix} \\
&= f(x'_k, u_k, w_k \cdot w_{pk})
\end{aligned} \tag{2.95}$$

$$y_k = \begin{bmatrix} H_k & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_k \\ p_k \end{bmatrix} + v_k \tag{2.96}$$

Cabe destacar que $f(f(x'_k, u_k, w_k \cdot w_{pk}))$ es una función no lineal del estado aumentado x'_k . Se puede usar un filtro de Kalman para estimar x'_k [35].

Para sistemas en tiempo continuo, el filtro de Kalman extendido puede ser descrito por las ecuaciones:

$$\dot{\hat{x}} = f(\hat{x}', 0) + K(y - H\hat{x}') \quad (2.97)$$

$$K = PH^T R^{-1} \quad (2.98)$$

$$\dot{P} = FP + PF^T + LQL^T - PH^T R^{-1} HP \quad (2.99)$$

donde H es la matriz de medición, Q es la matriz de covarianza de ruido de proceso y R es la matriz de covarianza de medición. Así mismo se tiene que:

$$F = \left. \frac{\partial f}{\partial x'} \right|_{\hat{x}', w'_0}$$

$$L = \left. \frac{\partial f}{\partial w'} \right|_{\hat{x}', w'_0}$$

2.3.2. El Filtro de Kalman Extendido de Orden Fraccionario

Cabe destacar que los resultados del filtro de Kalman Extendido solamente pueden ser usados para la estimación de parámetros de sistemas lineales y no lineales de orden entero. Para la estimación de sistemas fraccionarios lineales y no lineales con parámetros desconocidos necesitamos un filtro de Kalman distinto, el cual pueda ser usado aunque se tenga un modelo de orden fraccionario [70].

De la definición de la derivada fraccionaria de Grünwald-Letnikov (2.32) se puede inferir la siguiente equivalencia:

$${}^{GL}D_t^\alpha x_i = \frac{1}{h^\alpha} \sum_{j=0}^i (-1)^j \binom{\alpha}{k} x_{i-j} \quad (2.100)$$

donde α nos indica el orden fraccionario, h es el tiempo de muestreo e i es el número de muestras para el cual la derivada es calculada. El coeficiente binomial $\binom{\alpha}{k}$ se puede calcular de la forma:

$$\binom{\alpha}{k} = \begin{cases} 1 & \text{para } k = 0 \\ \frac{\Gamma(\alpha + 1)}{\Gamma(k + 1)\Gamma(\alpha - k + 1)} & \text{para } k > 0 \end{cases} \quad (2.101)$$

Un modelo discreto no lineal de orden fraccionario se puede dar por medio de las ecuaciones:

$$\begin{cases} D^\alpha x_{i+1} = f(x_i, u_i) + w_i, \\ x_{i+1} = D^\alpha x_{i+1} - \sum_{j=1}^{i+1} (-1)^j \alpha_j x_{i+1-j}, \\ y_i = Cx_i + v(i) \end{cases} \quad (2.102)$$

donde i es el tiempo de muestreo, α es el orden fraccionario, $f(\cdot)$ y $C(\cdot)$ son funciones no lineales, las cuales pueden ser linealizadas por medio de la expansión de la serie de Taylor. Así mismo x_i son las variables de estado, u_i es la matriz de entradas de control, y_i son las mediciones.

Los términos w_i y v_i son sistemas de ruido blanco Gaussiano con media cero, las cuales están caracterizadas por matrices de covarianza Q y R respectivamente.

Al tomar el modelo de (2.102), para estimar con precisión la variable de estado x_i usando la información disponible de las dinámicas del sistema y las mediciones disponibles de las mediciones y_i , el filtro de Kalman extendido de orden fraccionario (FKEOF) puede ser diseñado por medio de la ecuación:

$$\begin{aligned} \hat{x}_{i+1} = & f_h(\hat{x}_i, ih) - \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k) \hat{x}_{i+1-k} + (K_i + \theta_i)(y_i - C\hat{x}_i) \\ & + \hat{x}(0) \left(1 + \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k)\right) \end{aligned} \quad (2.103)$$

donde \hat{x}_{i+1} indica la estimación del estado en el instante $i + 1$, K_i es la ganancia de Kalman que será determinada posteriormente. θ_i es la incertidumbre estocástica aditiva en la ganancia de retroalimentación, la cual puede ser causada por incertidumbre al momento de computar, se toma como una constante de diseño. Esta incertidumbre θ_i tiene media cero, no está relacionada con el ruido de proceso, ruido de medición ni estado inicial.

Así mismo, se requiere la matriz jacobiana de proceso A en el instante i en el estimado \hat{x} definido por:

$$\begin{aligned} A_i &= \left. \frac{\partial f_h(x, t)}{\partial x} \right|_{x=\hat{x}_i, t=hi} \\ &= h^\alpha \left. \frac{\partial f_h(x, t)}{\partial x} \right|_{x=\hat{x}_i, t=hi} \end{aligned}$$

igualmente la matriz jacobiana de la matriz de medición C definido por:

$$C_i = \left. \frac{\partial h(x)}{\partial x} \right|_{x=\hat{x}_i} \quad (2.104)$$

La ganancia de Kalman se puede calcular por medio de:

$$K_i = (A_i P_i C^T + v(\alpha, 1) P_i C^T) \times D_i^{-1} \quad (2.105)$$

donde P en el momento $i + 1$ se calcula de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} P_{i+1} = & A_i P_i^T A_i^T + Q_i + \lambda_{max}(D_i) \delta I \\ & + A_i P_i v(\alpha, 1) + P_i A_i^T v(\alpha, 1) \\ & + \sum_{k=1}^{i+1} v(\alpha, k)^2 P_{i+1-k} - (A_i P_i C^T + v(\alpha, 1) P_i C^T) \\ & \times D_i^{-1} \times (A_i P_i C^T + v(\alpha, 1) P_i C^T)^T \end{aligned} \quad (2.106)$$

donde δ es un parámetro de diseño, I es la matriz identidad y D_i es:

$$D_i = CP_iC^T + R_i \quad (2.107)$$

Las ecuaciones (2.103)-(2.107) representan las ecuaciones para un filtro de Kalman de orden fraccionario según [49] y [62]. Este filtro propuesto, puede ser aplicado a sistemas no lineales de orden fraccionario de manera exitosa.

Así como con el filtro de Kalman extendido de orden entero, este filtro de Kalman de orden fraccionario puede ser aplicado a sistemas no lineales para estimar parámetros desconocidos [49, 62].

Capítulo 3

Observación de estados

Para el diseño del observador, es necesario definir que modelos serán utilizados. El modelo SIR simplificado del sistema de ecuaciones (2.4) visto en el capítulo anterior:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (3.1)$$

Las constantes utilizadas en el modelo serán $\gamma = \frac{1}{5}$ es decir, que la enfermedad supuesta tiene un tiempo de recuperación medio de 5 días, una tasa de mortalidad $\mu = 0,005$, una tasa de natalidad $a = 0,002$ y una transmisión *per cápita* $\beta = 1,5$. La población total de $N = 10000$ individuos, con una cantidad de susceptibles iniciales $S(0) = 8000$ e infectados iniciales $I(0) = 50$.

Con todos los datos anteriores se tendrá un número de reproducción básico $R_0 = 2,93$, dado que $R_0 > 1$ se desatará una epidemia. Simulando un modelo SIR entero con los datos anteriores:

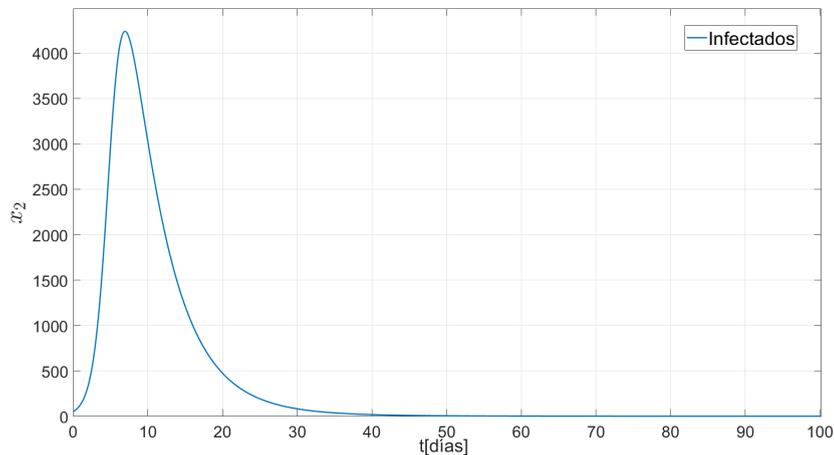


Figura 3.1: Simulación del modelo SIR de orden entero con dinámica vital con valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,002$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$.

A pesar de que $R_0 > 1$ la cantidad de infectados tiende a desaparecer si se permite que la simulación se ejecute durante un tiempo mayor:

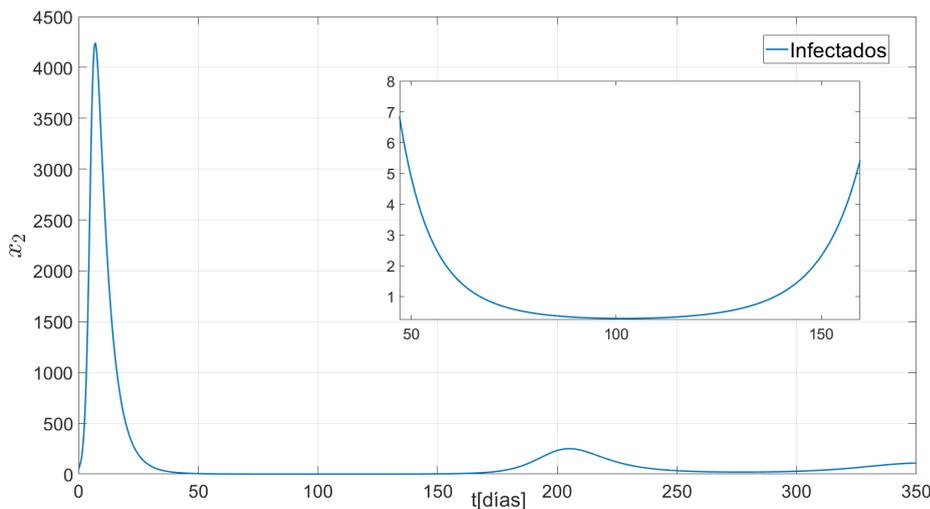


Figura 3.2: Simulación del modelo SIR de orden entero con dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,002$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$ durante 350 días.

Es notable como la cantidad de infectados es menor a 1 y tiende a desaparecer, tiempo después hay un repunte, este comportamiento se puede atribuir a que el sistema es de orden entero y no toma en cuenta estados anteriores, para contrarrestar este comportamiento la mejor opción es el uso de un modelo de orden fraccionario.

3.1. Modelo Fraccionario del Sistema

Al aplicar el método de discretización de la ecuación (2.48) es posible hacer que el modelo SIR anterior tome valores fraccionarios. Retomando la ecuación del modelo SIR fraccionario:

$${}_0^C D_t^\alpha x = \begin{pmatrix} -\beta x_1 x_2 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \end{pmatrix} \quad (3.2)$$

Esta última expresión permite que el modelo sea operado con términos fraccionarios aunque la condición inicial sea diferente de cero. Al simular el sistema esté toma la forma vista en la figura 3.3.

Al cambiar el valor α en la simulación se pueden observar los cambios vistos en la figura 3.4.

Es importante notar que conforme cambia el valor α , se modifica la persistencia de la enfermedad ya que el valor de infectados deja de aproximarse a 0, esto se debe al efecto de memoria y no localidad.

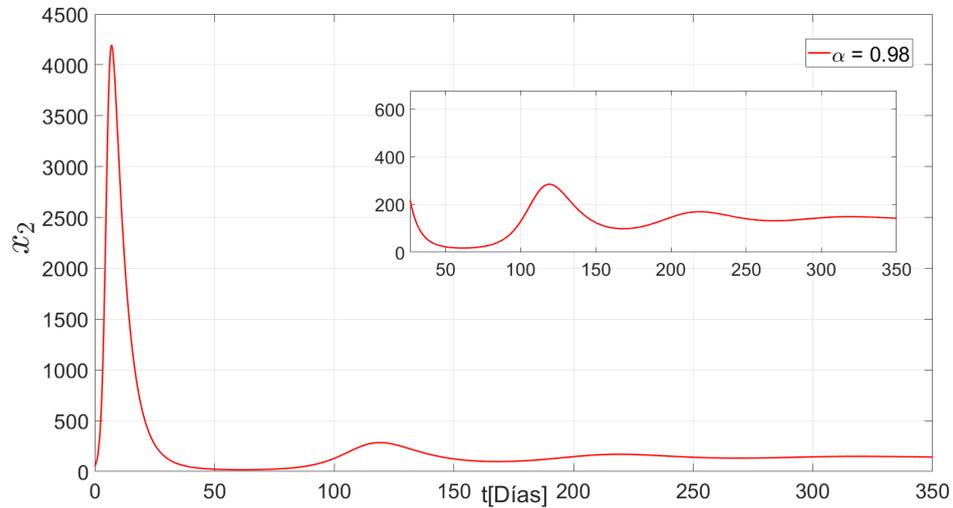


Figura 3.3: Simulación del modelo SIR con orden fraccionario $\alpha = 0,98$, dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,002$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$ durante 350 días.

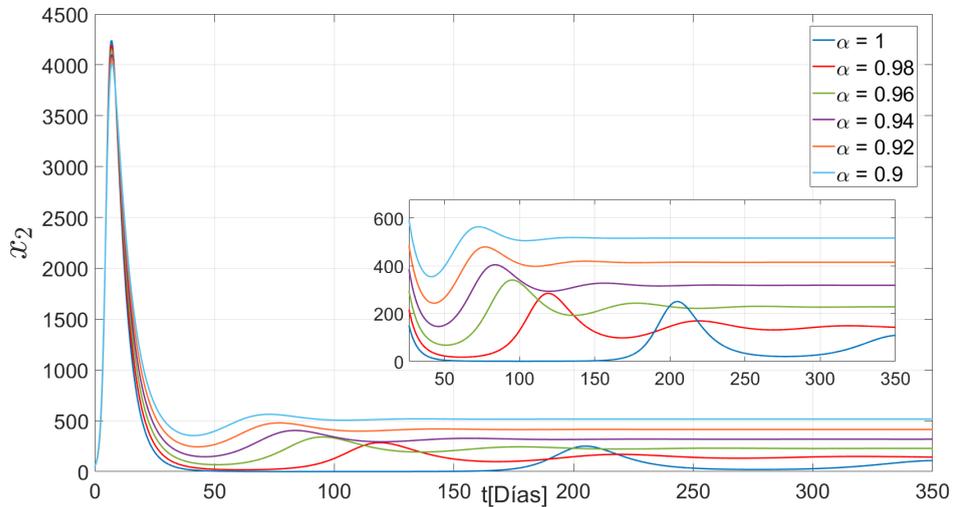


Figura 3.4: Simulaciones del modelo SIR con distinto orden fraccionario, dinámica vital y valores iniciales de $N = 10000$, $S(0) = 8000$, $I(0) = 50$, $\mu = 0,005$, $a = 0,002$, $\beta = 1,5$ y $\gamma = \frac{1}{5}$ durante 350 días.

Por conveniencia se tomará el valor de $\alpha = 0,98$, ya que la persistencia de la enfermedad se conserva en una cantidad aproximada a la real y no presenta perturbaciones o tendencias por debajo de la unidad.

En la figura 3.4 el modelo llega al equilibrio después de 250 días. A pesar de esto, aún se tiene que considerar cierta incertidumbre al hacer las mediciones, ya que siempre se presentan inexactitudes, población asintomática que no es reportada, que no se reporta enferma, diferentes factores sociales los cuales se deben tomar en cuenta. Para considerar estos factores se debe agregar al modelo una cantidad de ruido blanco para el estado medido.

3.2. Modelo del sistema con ruido

Al agregar ruido blanco al estado medido, el modelo SIR tendrá la forma:

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} -\beta x_1 x_2 - \mu x_1 + a \\ \beta x_1 x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \end{bmatrix} \quad (3.3)$$

$$y = Cx' + v(t) \quad (3.4)$$

Siendo v una señal aleatoria de ruido blanco Gaussiano de media cero con una matriz de covarianza conocida Q . De esta forma el ruido tendrá impacto en la medición y , al simular el modelo, va a adquirir la forma:

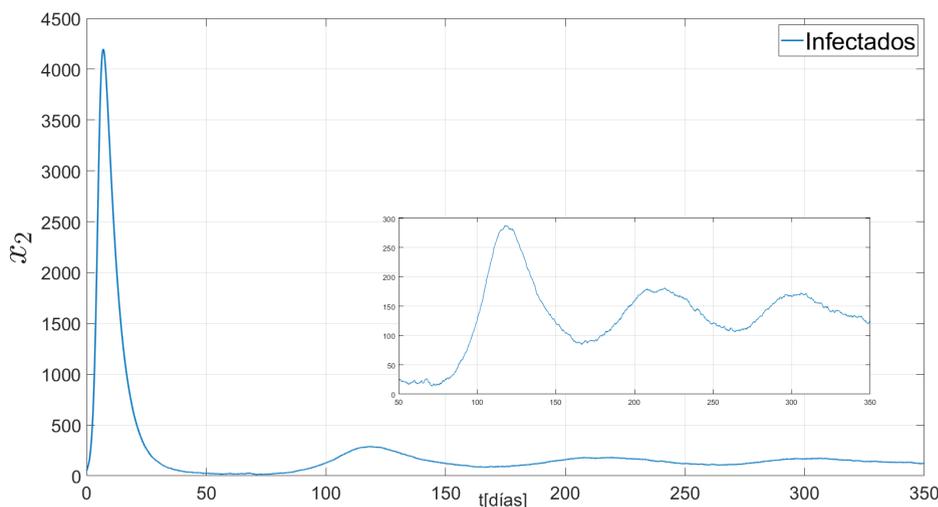


Figura 3.5: Modelo SIR de orden fraccionario con ruido agregado.

De esta forma es posible observar como la cantidad de infectados presenta variaciones debido al ruido agregado al sistema.

La constante de interés en este caso es la “ β ” de transmisión *per cápita*, ya que esta constante permitirá calcular la R_0 de reproducción básica, la cual ayuda a prever la cantidad aproximada de infectados durante un periodo de tiempo.

En el modelo supuesto a la variable β se le asignó un valor de 1.5, pero en la realidad este valor es desconocido y tiene que ser estimado. En este punto es donde el Filtro de Kalman se vuelve la herramienta óptima para este problema, ya que permite estimar el estado del sistema, aunque este presente perturbaciones.

3.3. Diseño del Observador

Para estimar el parámetro β es necesario el uso del filtro de Kalman, al ser un modelo de orden fraccionario es necesario implementar un filtro que pueda ser usado para este tipo de modelos. Aquí es donde será usado el filtro de Kalman de orden fraccionario.

3.3.1. Estimación de Parámetros

Para estimar un parámetro es necesario crear el vector de estados aumentado con β como la variable desconocida, resultando en:

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} -x_3x_1x_2 - \mu x_1 + a \\ x_3x_1x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \\ x_3 \end{bmatrix} \quad (3.5)$$

donde x_1 representa la cantidad de individuos susceptibles (S), x_2 es el estado medido y representa la cantidad de individuos infectados (I), x_3 es el parámetro β que será estimado por el filtro.

Así mismo, es necesario considerar el ruido para que el filtro pueda estimar el parámetro según las ecuaciones (2.95) y (2.96), esto resultará en:

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} -x_3x_1x_2 - \mu x_1 + a \\ x_3x_1x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \\ x_3 + w \end{bmatrix} \quad (3.6)$$

$$y = Cx + v \quad (3.7)$$

Una vez obtenido este modelo, se puede usar el Filtro de Kalman Extendido de orden fraccionario desarrollado en el capítulo anterior para estimar el parámetro β desconocido.

Al aplicar el filtro de Kalman de orden fraccionario al sistema, es posible observar cómo el modelo SIR se suaviza en la figura 3.6.

Al momento de hacer uso del filtro es necesaria más de una iteración para llegar a un valor estable de β , así que se realizarán múltiples iteraciones sobre el sistema. Con cada iteración es posible observar cómo el parámetro estimado β tiende a estabilizarse a pesar del ruido presente en el sistema, como se puede apreciar en la figura 3.7. También se puede apreciar que después de 10 iteraciones el valor de transmisión *per cápita* β tiende a mantenerse alrededor del valor real de $\beta = 1,5$ a pesar del ruido presente en el sistema.

En la figura 3.7 se puede apreciar la estimación del valor de la tasa de transmisión *per cápita* y cómo el filtro compensa el ruido en cada iteración.

Finalmente, es posible observar cómo el FKEOF estima correctamente la cantidad de infectados del modelo SIR así como la β de transmisión *per cápita* desconocida del modelo.

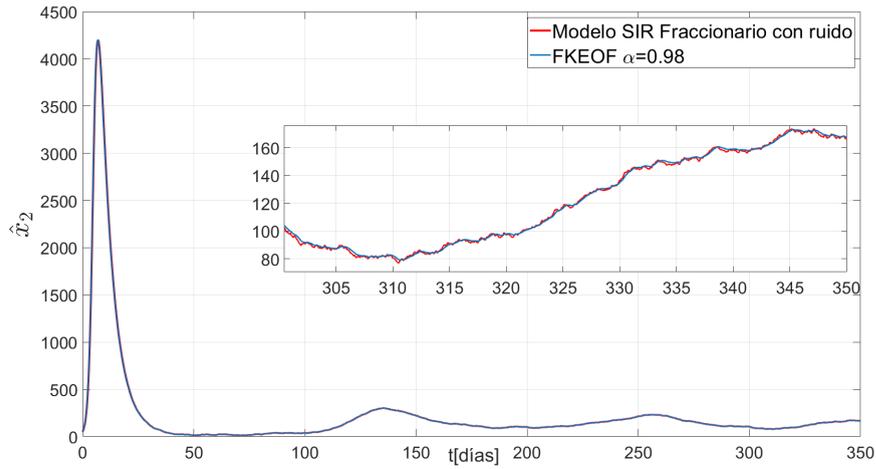


Figura 3.6: La línea azul representa el modelo SIR de orden fraccionario con ruido agregado, la línea roja representa los datos estimados por el FKEOF.

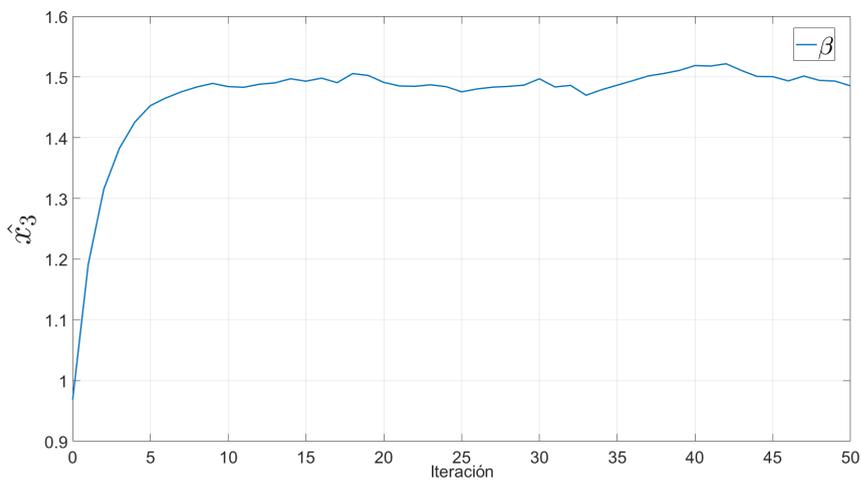


Figura 3.7: Variación de β en cada iteración al aplicar del Filtro de Kalman Extendido de Orden Fraccionario.

Capítulo 4

Resultados

4.1. Observación de estados

El sistema experimental se tomó durante el periodo de la cuarta ola de COVID-19 en México, en este periodo de tiempo la variante dominante fue Ómicron (esto se puede apreciar en la Figura 4.1), tuvo una duración aproximada de 90 días (26 de Diciembre de 2021 al 26 de Marzo del 2022). Los datos recabados por el CONACYT en asociación con otras dependencias se muestran en la Figura 4.2 [5].

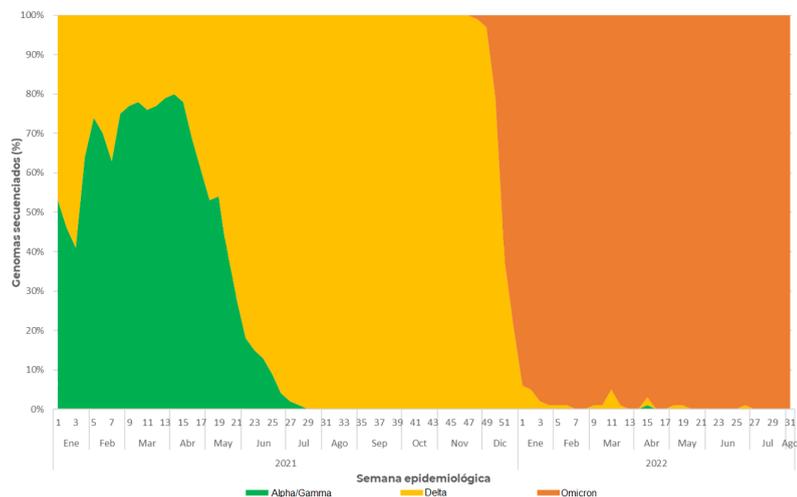


Figura 4.1: Distribución nacional de variantes de COVID-19 al 31 de agosto de 2022. El color verde representa las variantes desde la Alpha a la Gamma, el color amarillo a la variante Delta y el color naranja a la variante Ómicron.

Con base en estos datos se tomaron las siguientes consideraciones:

- La tasa de recuperación de un individuo infectado es de 6 días.
- La tasa de mortalidad para los infectados fue de 1.2%.
- La tasa de natalidad durante este periodo de tiempo fue de 0.2%.

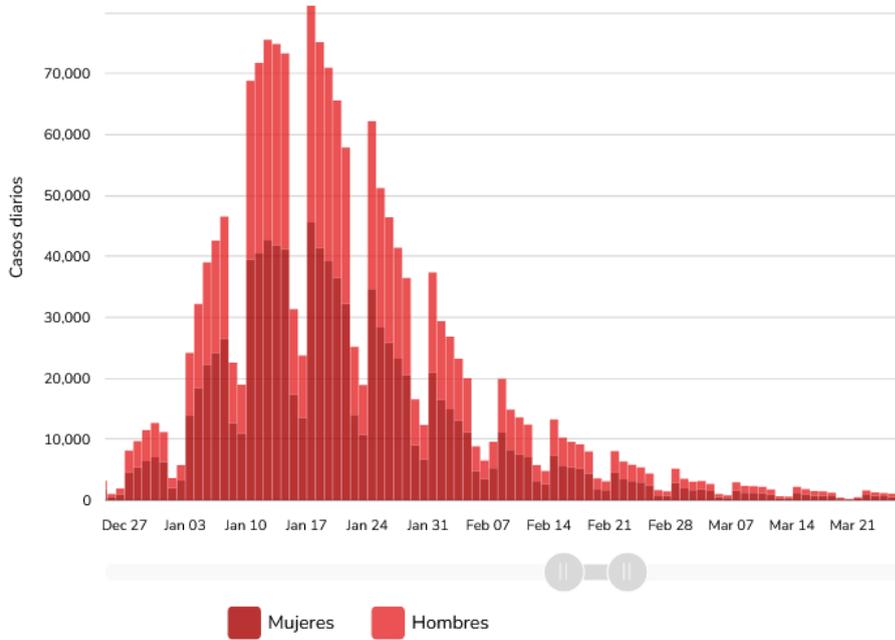


Figura 4.2: Datos de individuos infectados en el periodo del 26 de Diciembre de 2021 al 26 de Marzo del 2022 proporcionados por el CONACyT.

Dado que la infección ya se encontraba presente es posible inferir ciertas condiciones iniciales, las cuales se toman en base a los datos reales, las cuales son:

- La población de casos acumulados durante este periodo de tiempo fue de 1,729,000 personas aproximadamente.
- Los infectados iniciales son 3400 individuos ($I(0) = 3400$).

Como se explicó anteriormente, el modelo SIR también toma en cuenta factores sociales, así que ciertos individuos son menos susceptibles a contraer la enfermedad debido a las medidas sanitarias tomadas.

4.1.1. Modelo SIR

En este modelo, las primeras dos ecuaciones pueden ser resueltas de forma independiente, así que el sistema se puede simplificar, resultando en:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (4.1)$$

Donde “ a ” representa la tasa de natalidad porcentual, “ β ” es la tasa de contagios *per cápita* y “ γ ” es la tasa de recuperación (siendo “ $\frac{1}{\gamma}$ ” el periodo de recuperación).

Reconstrucción Paramétrica

En todo momento se conoce la cantidad de individuos infectados reportados por el CONACyT durante la duración de la cuarta ola, pero la constante de interés es β de transmisión *per cápita*. Para estimar un parámetro es necesario decir que la constante β será el tercer estado y el modelo aumentado tendrá la forma:

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} -x_3x_1x_2 - \mu x_1 + a \\ x_3x_1x_2 - \gamma x_2 - \mu x_2 \\ x_3 \end{bmatrix} \quad (4.2)$$

El vector de salida será:

$$y = Cx' + v(t) \quad (4.3)$$

Ya que en el modelo solo es posible medir el número de infectados, la matriz de medición C será:

$$C = [0 \quad 1 \quad 0] \quad (4.4)$$

y $v(t)$ el ruido que recibe el sistema para la medición de infectados. En este caso, el ruido de medición ya se encuentra en los datos recabados por el CONACyT como se puede apreciar en la Figura 4.2.

Una vez que se tiene el sistema definido, se puede usar el filtro de Kalman para filtrar el ruido del sistema y estimar los estados próximos de este. Las ecuaciones que definen el FKEOF son:

$$\begin{aligned} \hat{x}_{i+1} &= f_h(\hat{x}_i, ih) - \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k) \hat{x}_{i+1-k} + (K_i + \theta_i)(y_i - C\hat{x}_i) \\ &\quad + \hat{x}(0) \left(1 + \sum_{k=1}^{i+1} c(\alpha, k)\right) \\ K_i &= (A_i P_i C^T + v(\alpha, 1) P_i C^T) \times D_i^{-1} \\ P_{i+1} &= A_i P_i^T A_i^T + Q_i + \lambda_{max}(D_i) \delta I \\ &\quad + A_i P_i v(\alpha, 1) + P_i A_i^T v(\alpha, 1) \\ &\quad + \sum_{k=1}^{i+1} v(\alpha, k)^2 P_{i+1-k} - (A_i P_i C^T + v(\alpha, 1) P_i C^T) \\ &\quad \times D_i^{-1} \times (A_i P_i C^T) + v(\alpha, 1) P_i C^T)^T \\ D_i &= C P_i C^T + R_i \end{aligned}$$

Aplicando este con diferentes valores α de orden fraccionario, será posible observar el impacto que tiene esta variación en el filtro.

En la Figura 4.3 se observa que los estimados del FKEOF se alejan de los valores reales conforme α se aleja del valor unitario. De acuerdo con [45] y [46], se ha observado que el empleo de modelos de orden fraccionario SIR y SEIR con valores de la derivada fraccionaria cercanos, pero no iguales a la unidad, permite una mejor representación de la dinámica de persistencia que la presentada en el caso unitario. Debido a esto se seleccionó el valor $\alpha = 0,98$.

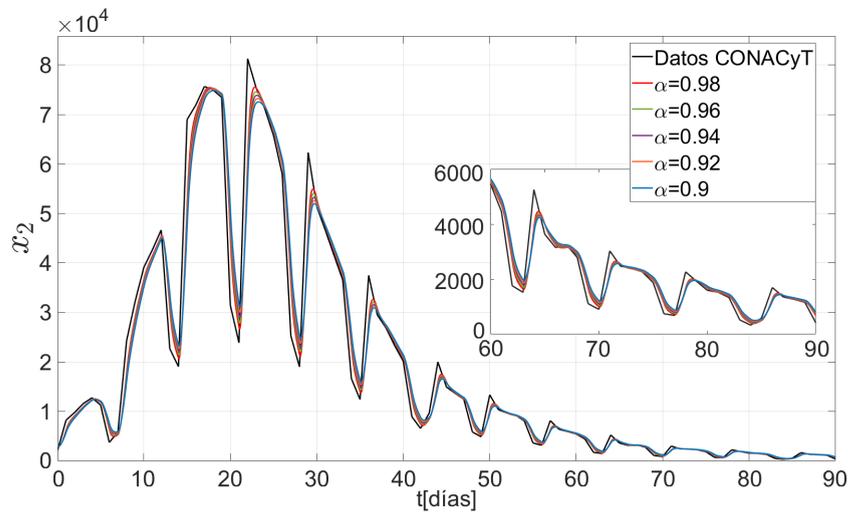


Figura 4.3: La línea negra representa los datos de individuos infectados proporcionados por el CONACyT. El resto de las líneas representan el Filtro de Kalman de Orden Fraccionario con distintos valores de α .

Al aislar el filtro cuando este presenta un valor $\alpha = 0,98$ se tendrá el resultado de la Figura 4.4.

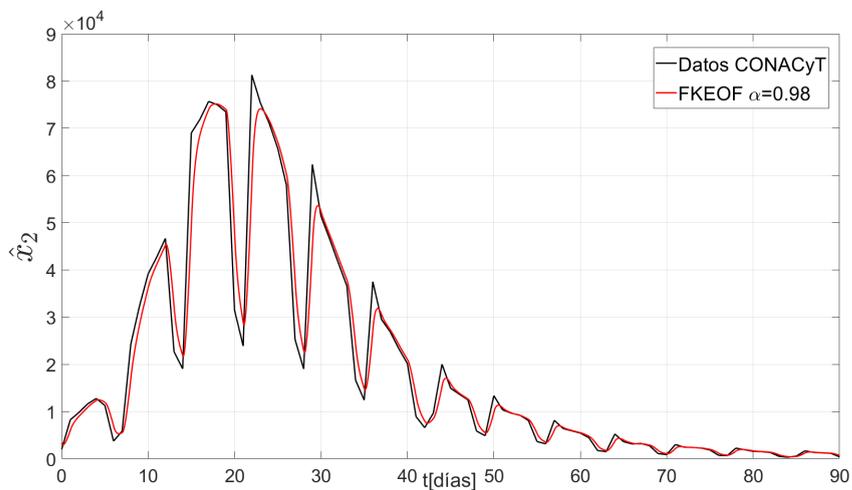


Figura 4.4: La línea negra representa los datos de individuos infectados proporcionados por el CONACyT. La línea roja representa el FKEOF con valor $\alpha = 0,98$.

Al momento de hacer una estimación paramétrica con el filtro de Kalman extendido (FKE) de orden entero se requieren de múltiples iteraciones para hacer una estimación exacta y precisa. De manera similar, es necesario realizar múltiples iteraciones del algoritmo del FKEOF, una vez terminada una iteración el valor estimado

se reimplanta usando el valor estimado final de la iteración anterior. Al realizar este proceso múltiples ocasiones será posible observar que el estimado del FKEOF es más preciso y suave. Como se observa en la figura 4.6, con cada iteración el valor desconocido β tiende a cambiar, hasta que después de 20 iteraciones este empieza a estabilizarse, por esto es que con cada iteración se presentan cambios en el estimado del FKEOF.

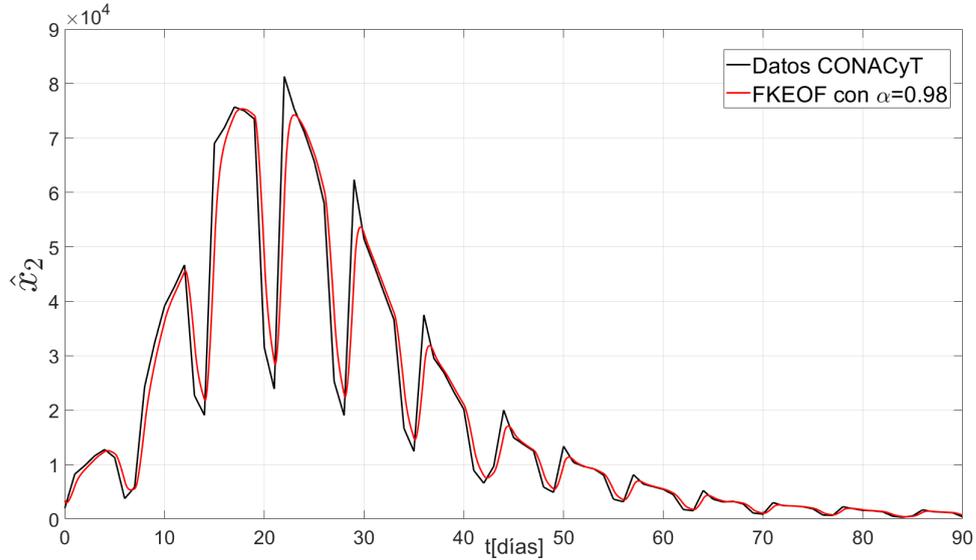


Figura 4.5: La línea negra representa los datos de individuos infectados proporcionados por el CONACyT. La línea roja representa el FKEOF con valor $\alpha = 0,98$ al pasar múltiples iteraciones.

Conforme aumentan la cantidad de iteraciones, el valor β se aproxima a un valor estable, como se aprecia en la siguiente gráfica:

El valor se estabiliza tras 50 iteraciones aproximadamente, si se obtiene un promedio con las últimas 100 iteraciones de la β estimada, se tendrá valor medio de " $\beta = 0,936$ ".

El valor del número de reproducción básico R_0 se calcula con la ecuación:

$$R_0 = \frac{\beta a}{\mu \gamma + \mu^2}$$

Con los valores conocidos de $\gamma = \frac{1}{6}$, $\mu = 0,013$, tasa de natalidad $a = 0,002$ y $\beta = 0,936$ de contagios *per cápita*:

$$R_0 = \frac{(0,936 \cdot 0,002)}{0,013 \cdot \frac{1}{6} + 0,013^2} = 0,8 \quad (4.5)$$

Este valor de R_0 indica que cada individuo infectado contagiará a un promedio de 0.8 personas por unidad de tiempo. Ya que $R_0 < 1$ la propagación de la enfermedad se hará más lenta con el tiempo y tenderá a desaparecer. Este resultado se encuentra

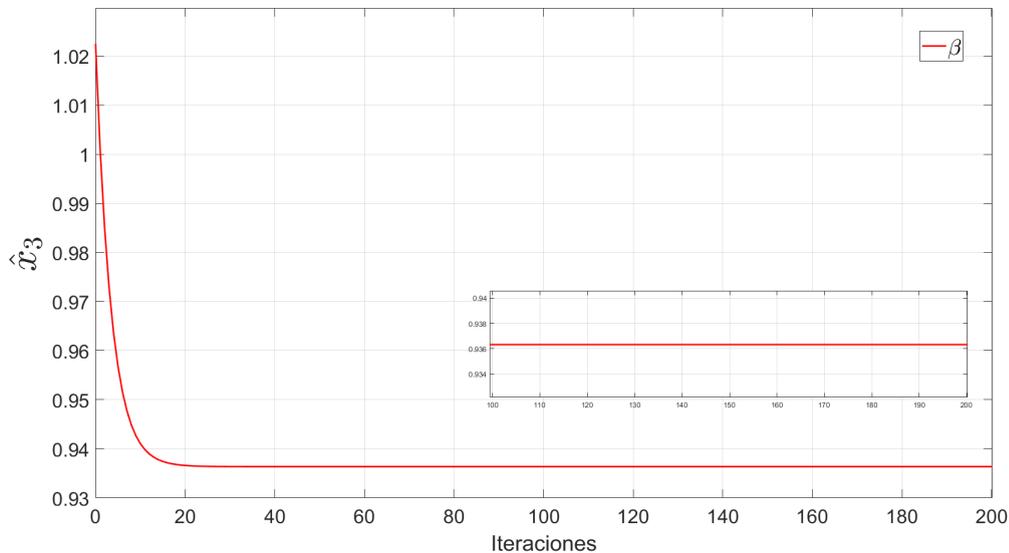


Figura 4.6: La línea roja representa la variación de β conforme el FKEOF se repite durante 200 iteraciones.

muy por debajo de distintos resultados obtenidos cuyos valores de R_0 estimados son de 10 [21], 5,08 [71] y 1,9 en los 2 últimos reportes [72, 73], estos vienen de distintos países y son múltiples estimaciones del valor del número de reproducción básico. Los dos primeros son especialmente altos ya que estos se hicieron como estimación inicial entre noviembre y diciembre de 2021 en países como Estados Unidos, Japón y Corea por mencionar algunos. Por parte de las autoridades de salud de México no hubo un valor de R_0 publicado de forma oficial, de acuerdo con [74] en México el número de reproducción básico del COVID-19 se encontraba en un estado de contención para diciembre de 2020, es decir, que se mantenía ligeramente por encima de 1. En lo que respecta a la estimación mostrada en (4.5) el valor resultó tan bajo con respecto a otros países debido a las medidas de prevención tomadas durante este periodo.

Si se calcula el valor del error entre el observador y los datos proporcionados por el CONACyT se observa cómo el error tiende a volverse cero. Esto indica que el observador sigue correctamente al estado x_2 . Esto se puede observar en la Figura 4.7.

Las subidas y bajadas que presentan los datos se deben a cuestiones metodológicas en la obtención de los datos como un efecto de los fines de semana, el modelo no lo considera, pero se puede destacar cómo el observador es capaz de seguir el estado x_2 .

Por otro lado, una vez conocido el valor de β , también es posible hacer una simulación para comparar los datos simulados con los datos proporcionados.

Al realizar una simulación haciendo uso del valor estimado de $\beta = 0,936$, del modelo SIR fraccionario con un valor $\alpha = 0,98$ y los datos proporcionados por el CONACyT, se puede apreciar en la Figura 4.8 cómo esta se asemeja a los valores

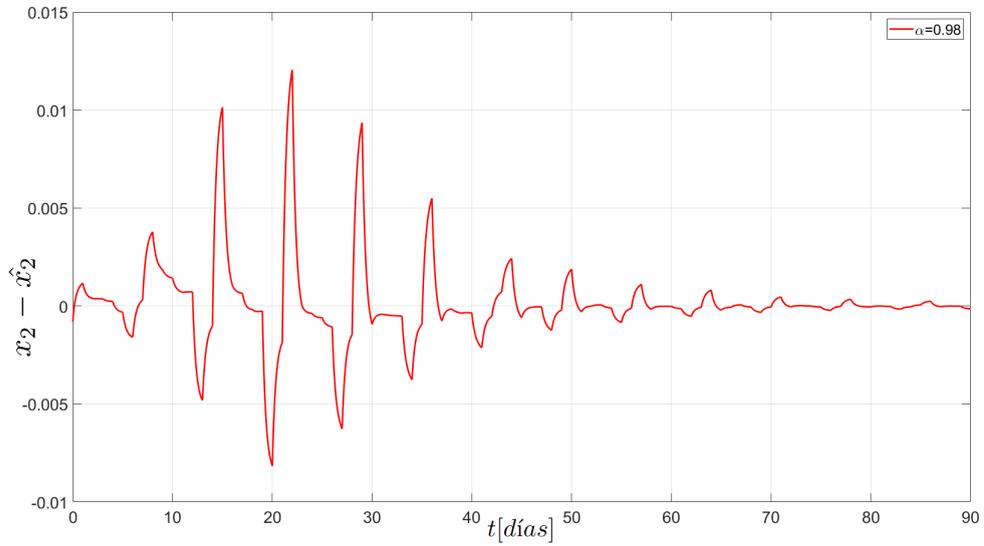


Figura 4.7: La línea roja representa el error que hay entre el valor real x_2 y el valor estimado \hat{x}_2 .

reales a excepción de los picos que presentan estos datos.

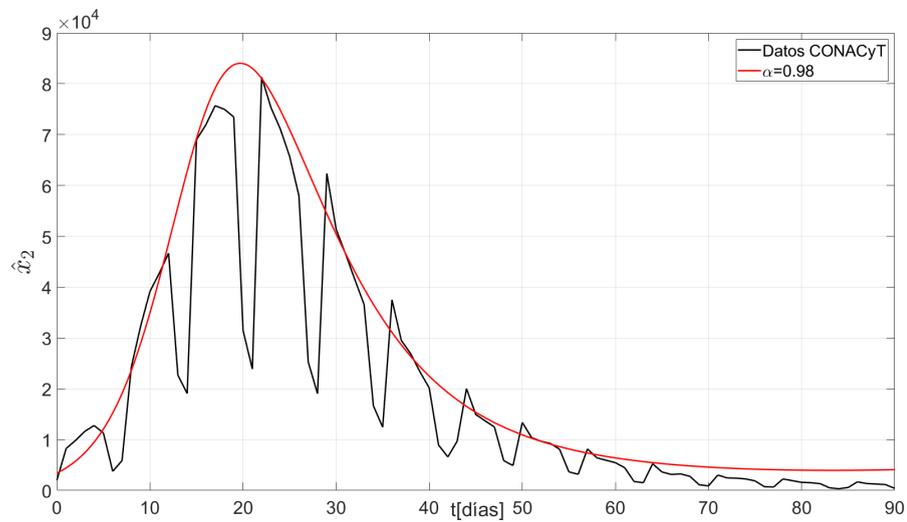


Figura 4.8: La línea roja representa la simulación del modelo SIR fraccionario con $\alpha = 0,98$ y $\beta = 0,936$, la línea negra los datos proporcionados por el CONACyT.

Como se menciona [45] y [46], al hacer uso de un modelo fraccionario con valor α cercano a la unidad proporciona un comportamiento mejor de la dinámica de persistencia, esto se refuerza al observar las figuras 4.5 y 4.8. Si se buscara ver el resultado para los distintos valores de α propuestos inicialmente para rectificar que

el valor $\alpha = 0,98$ es el más adecuado. Al repetir el proceso se obtienen los resultados de la Figura 4.3, las β resultantes serían:

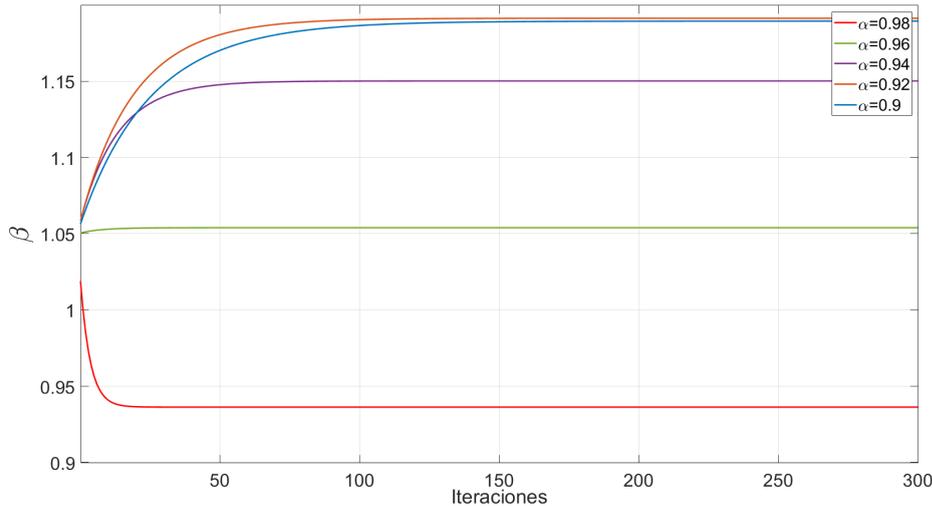


Figura 4.9: Valores de β obtenidos por el observador para distintos valores de α fraccionarios.

Como se observa en la Figura 4.9, entre más alejado se encuentra el valor α del valor unitario, β toma un mayor tiempo en estabilizarse. Así como con la obtención del valor de transmisión *per cápita* para $\alpha = 0,98$, se hará un promedio de los últimos 100 valores de cada una de las betas respectivas, resultando en:

- Cuando $\alpha = 0,96$, $\beta = 1,054$.
- Cuando $\alpha = 0,94$, $\beta = 1,15$.
- Cuando $\alpha = 0,92$, $\beta = 1,191$.
- Cuando $\alpha = 0,9$, $\beta = 1,189$.

Una vez obtenidos estos valores, es posible simular el modelo SIR respectivo:

Como se observa en la Figura 4.10, entre más alejado se encuentra el valor de α del valor unitario, la simulación tiende a alejarse de los datos proporcionados por el CONACyT. Dicho esto y con la Figura 4.8 es posible concluir que el valor de $\alpha = 0,98$ es el que mejor se ajusta a los datos reales.

4.1.2. Modelo SEIR

Similar al modelo SIR, el modelo SEIR puede ser reducido ya que las primeras tres ecuaciones se pueden resolver de forma independiente de la cuarta ecuación,

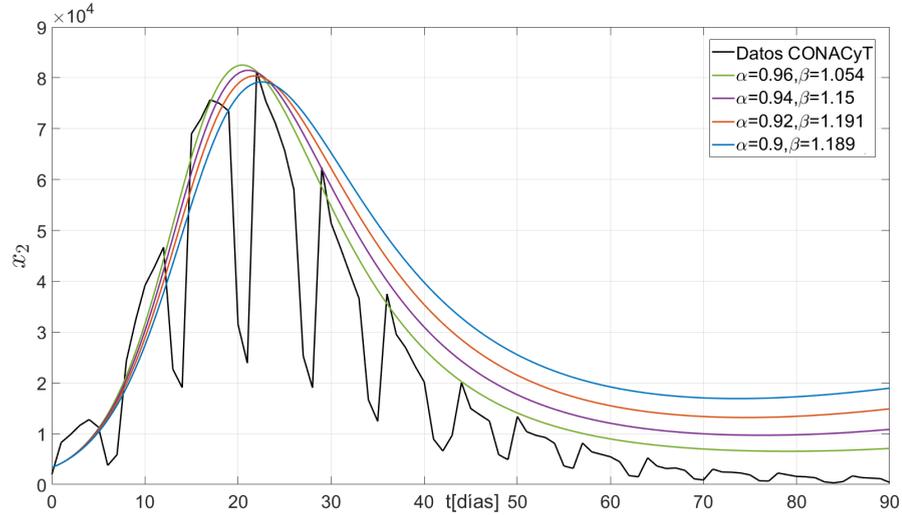


Figura 4.10: Distintas simulaciones del modelo SIR con distinto orden fraccionario y los valores de β reconstruido.

esto reduce el sistema a las primeras tres ecuaciones, tomando la forma:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + a \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \kappa)E \\ \frac{dI}{dt} = \kappa E - (\gamma + \mu)I \end{cases} \quad (4.6)$$

Donde a representa la de tasa de natalidad, β la tasa de transmisión *per cápita*, γ la tasa de recuperación, μ la tasa de mortalidad y κ que es la tasa de incubación (siendo $\frac{1}{\kappa}$ el periodo de incubación).

Reconstrucción Paramétrica

Para reconstruir el parámetro β es necesario que este término sea el estado aumentado, dado que los datos reportados ya presentan una cantidad considerable de ruido, no es necesario agregar este al sistema. Resultando en:

$$\dot{x}' = \begin{bmatrix} -x_4 x_1 x_3 - \mu x_1 + a \\ x_4 x_1 x_3 - (\mu + \kappa) x_2 \\ \kappa x_2 - (\gamma + \mu) x_3 \\ x_4 \end{bmatrix} \quad (4.7)$$

Ya con estos elementos del modelo se puede aplicar el FKEOF, la cantidad de infectados iniciales del observador será similar a la cantidad de infectados iniciales reportados durante la cuarta ola de COVID-19 de acuerdo a los datos recabados por el CONACyT. Así como en la Figura 4.3, con el modelo SEIR se aplicará el filtro con diferentes valores fraccionarios.

En la Figura 4.11 es posible notar que el modelo SEIR, entre más alejado se encuentra del valor unitario, se vuelve menos exacto al momento de estimar los

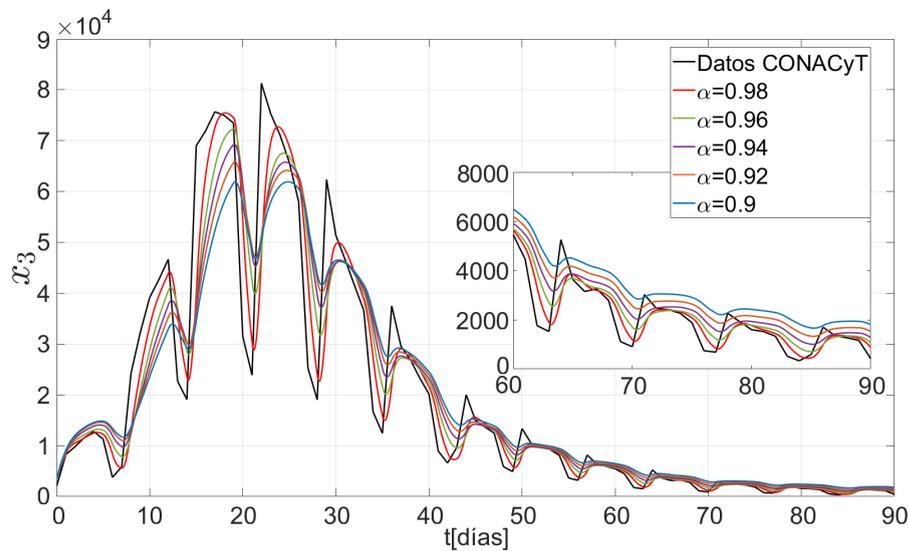


Figura 4.11: La línea negra representa la cantidad de infectados proporcionados por el CONACyT. El resto de las líneas representan las estimaciones hechas por el FKEOF con distintos valores fraccionarios.

estados. En este caso se usará el valor $\alpha = 0,98$ a pesar de que en este valor sigue presentando discrepancias al momento de realizar la estimación.

Así como con el modelo SIR, para el modelo SEIR se usará una orden $\alpha = 0,98$ y para que el valor se estabilice, se repetirá el proceso del FKEOF en el modelo SEIR y se harán múltiples iteraciones con el valor del parámetro desconocido siendo reiniciado al final de cada iteración y sustituido con el valor final de la iteración anterior. Una vez que se hacen múltiples iteraciones se tendrá una señal más clara, el resultado se muestra en la Figura 4.12.

El filtro de Kalman fraccionario toma tiempo para estabilizarse y tender al valor real del parámetro β , se requieren de múltiples iteraciones para llegar a este. Tras hacer 200 iteraciones se puede observar cómo el parámetro se estabiliza.

Una vez que el valor es estable, se pueden promediar los últimos 100 valores resultando en una $\beta = 0,599$.

Al graficar el error entre el observador y los datos proporcionados por el CONACyT como se observa en la Figura 4.14, se destaca cómo este tiende a cero, pero a diferencia del modelo SIR, este error es mayor a pesar de que el modelo SEIR, al tener más estados, debería de ser más preciso. Como se menciona en [75], en el caso del COVID-19, se cuenta con los mismos conjuntos de datos de infectados confirmados, pero los modelos más complejos no son necesariamente más confiables, debido a que más parámetros de estos deben ser estimados y esto puede llevar a inconsistencias.

Ya conocido este valor solo resta calcular el número de reproducción básico R_0 . Para el modelo SEIR se calcula con la fórmula:

$$R_0 = \frac{a\beta k}{\mu(\mu + \gamma)(\mu + k)}$$

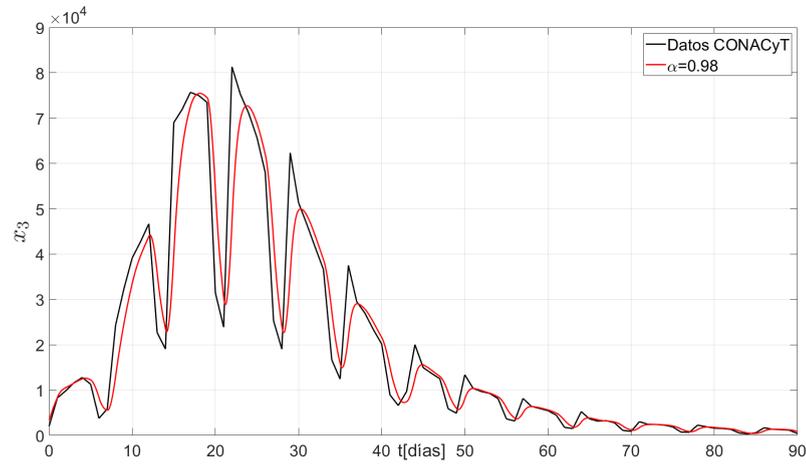


Figura 4.12: La línea negra representa la cantidad de infectados proporcionados por el CONACyT y la línea roja representa las estimación de infectados hecha por el FKEOF tras 200 iteraciones.

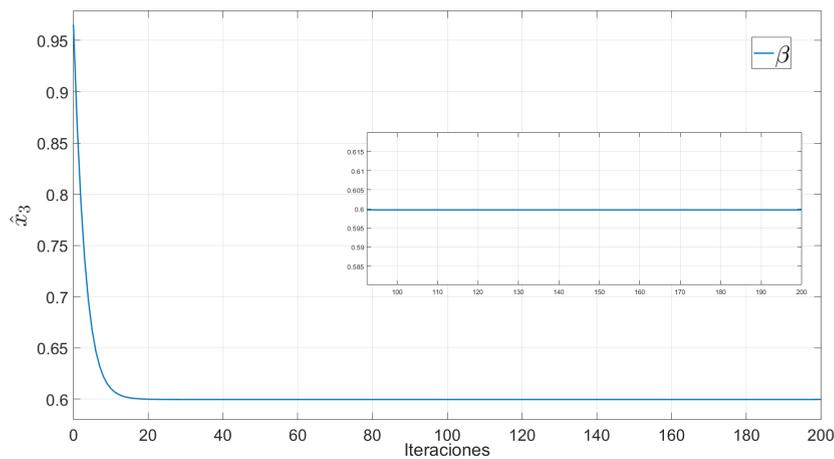


Figura 4.13: La línea azul representa la variación de β en cada una de las 200 iteraciones.

Sustituyendo los valores mencionados anteriormente para el modelo y con la β recientemente calculada:

$$R_0 = \frac{0,002 \cdot 0,599 \cdot 0,33}{0,013(0,013 + 0,16)(0,013 + 0,33)} \quad (4.8)$$

$$R_0 = 0,49 \quad (4.9)$$

Ya que $R_0 < 1$ con el tiempo la enfermedad tenderá a desaparecer. Con el valor $\beta = 0,599$ reconstruido por el observador y al simular el modelo SEIR es posible

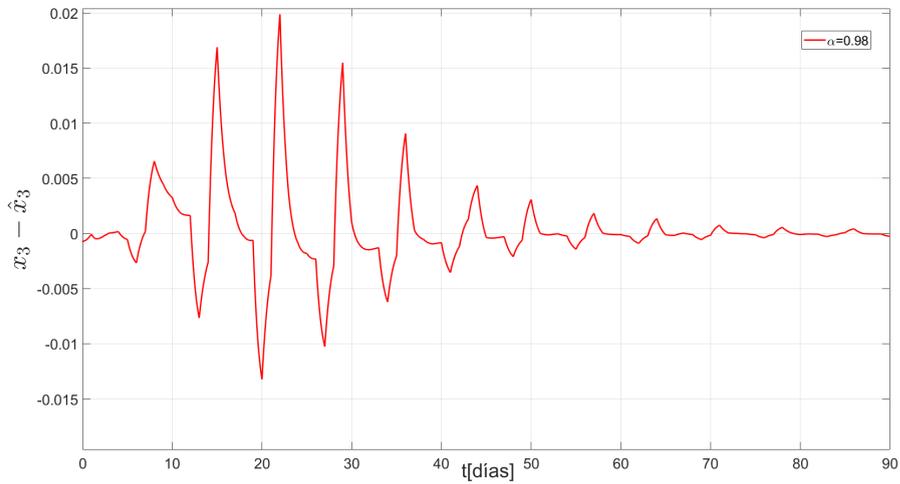


Figura 4.14: La línea roja representa el error que hay entre el valor real x_3 y el valor estimado \hat{x}_3 .

observar en la Figura 4.15 como este es similar a los datos reales. Al hacer una comparación de la simulación del modelo SIR mostrado en la Figura 4.8 se puede destacar como el modelo SEIR presenta un error mucho mayor al simular con la tasa de transmisión *per cápita* reconstruida.

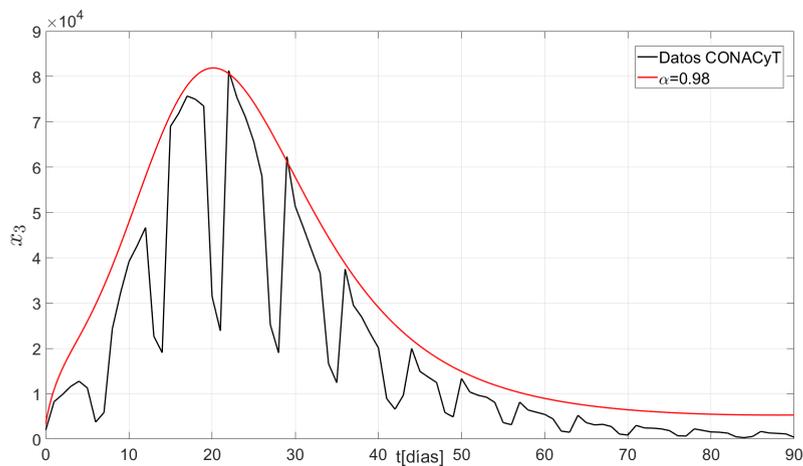


Figura 4.15: La línea roja representa el modelo SEIR de orden fraccionario $\alpha = 0,98$ simulado y la línea negra los datos proporcionados por el CONACyT.

Al realizar la reconstrucción del valor de tasa de transmisión *per cápita* para los diferentes valores fraccionarios α que se muestran en la Figura 4.11 a excepción de $\alpha = 0,98$. Los resultados del valor β se observan en la Figura 4.16.

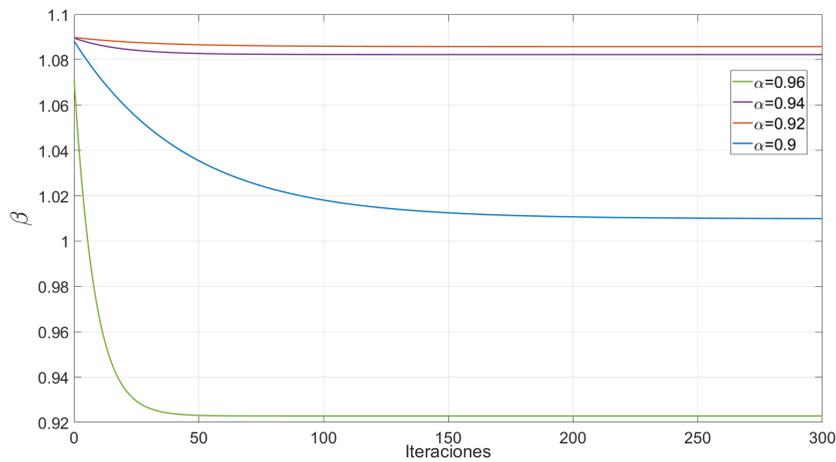


Figura 4.16: Valor de la tasa de transmisión *per cápita* β reconstruida por el observador con distintos valores fraccionarios α .

Si se hace un promedio de los últimos 100 valores de cada β estimada se tiene:

- Cuando $\alpha = 0,96$ se tiene $\beta = 0,922$.
- Cuando $\alpha = 0,94$ se tiene $\beta = 1,082$.
- Cuando $\alpha = 0,92$ se tiene $\beta = 1,085$.
- Cuando $\alpha = 0,9$ se tiene $\beta = 1,01$.

Al simular el modelo SEIR con distinto orden fraccionario y sus respectivos valores α , el resultado se puede observar en la Figura 4.17.

Es fácil observar en la Figura 4.17 que entre más se aleja α del valor unitario, el sistema tiende a separarse del valor real.

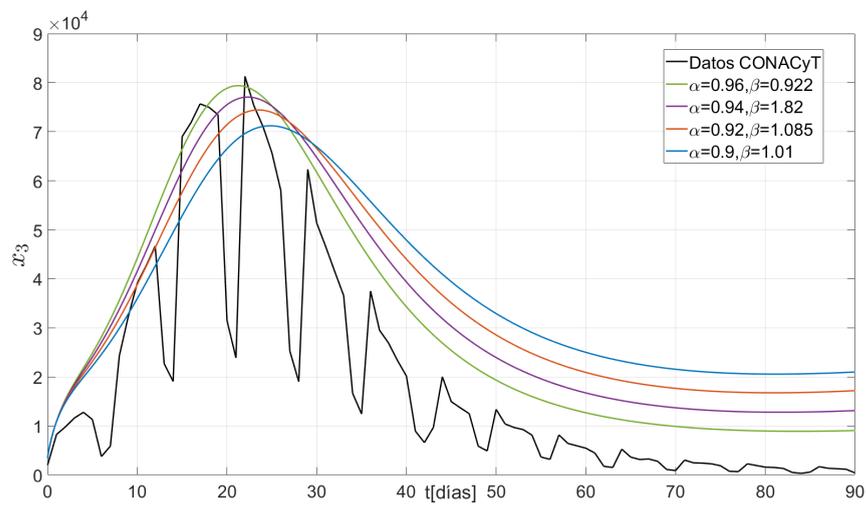


Figura 4.17: La línea negra representa los datos proporcionados por el CONACyT, las demás líneas representan el modelo SEIR de orden fraccionario simulado con distintos ordenes α y sus respectivos valores β reconstruidos con el observador.

Capítulo 5

Discusión

Una vez vistos todos los resultados anteriores, se puede destacar primero como el observador, tanto del modelo SIR como del modelo SEIR de orden fraccionario, logran seguir correctamente la señal de la cantidad de infectados que se tienen en el periodo de tiempo de 90 días, como se muestra en la figura 5.1.

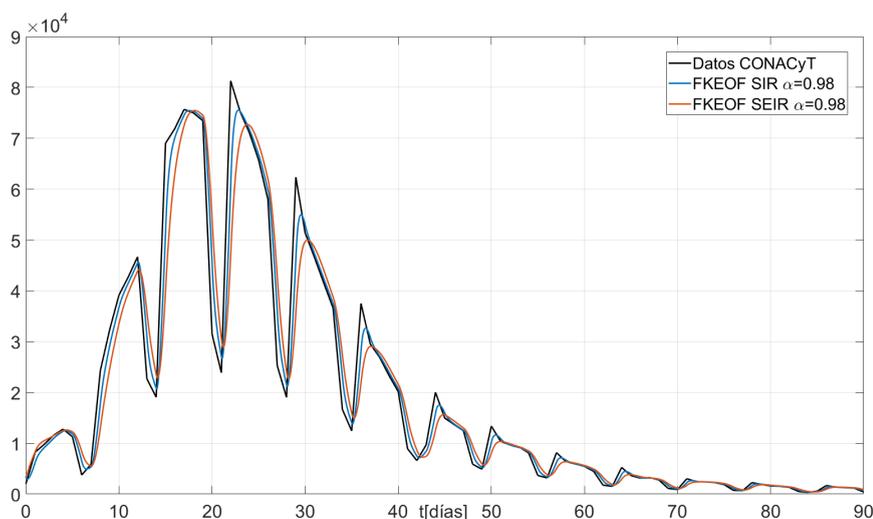


Figura 5.1: La línea negra representa los datos proporcionados por el CONACyT, la línea azul los resultados del observador con el modelo SIR fraccionario de orden $\alpha = 0,98$ y la línea naranja los resultados del observador con el modelo SEIR del mismo orden fraccionario.

De igual manera, con el apoyo de las figuras 4.9 y 4.16, es posible inferir que entre más cercano se encuentre el valor de orden fraccionario α a la unidad, el parámetro β de transmisión *per cápita* tiende a estabilizarse más rápido.

Ahora, como se puede observar en la figura 5.2, al comparar los errores que ambos observadores presentan con respecto a la señal original, se destaca la efectividad del observador con el modelo SIR al seguir la señal con una precisión mucho mayor que al hacer uso del modelo SEIR.

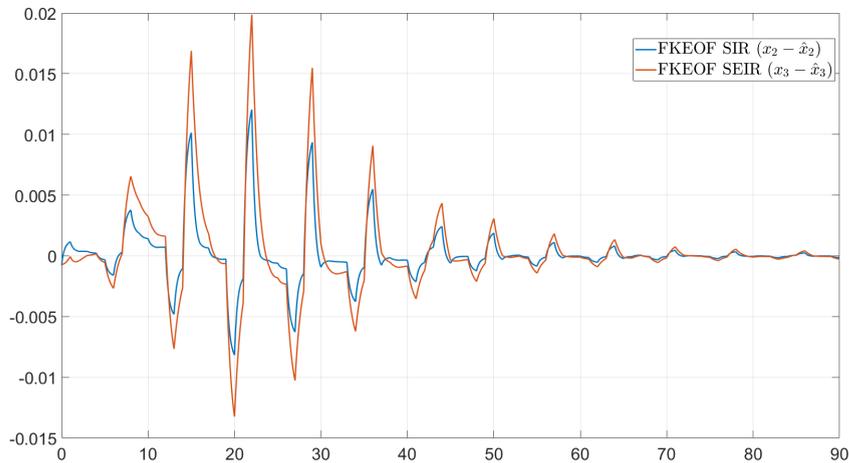


Figura 5.2: La línea azul representa el error entre el valor real x_2 y el valor estimado \hat{x}_2 del observador para el modelo SIR de orden fraccionario, la línea naranja representa el error entre el valor real x_3 y el valor estimado \hat{x}_3 del observador para el modelo SEIR de orden fraccionario.

Al comparar las simulaciones del modelo SIR y modelo SEIR de orden fraccionario mostrados en las figuras 4.8 y 4.15, se obtiene la gráfica mostrada en la figura 5.3.

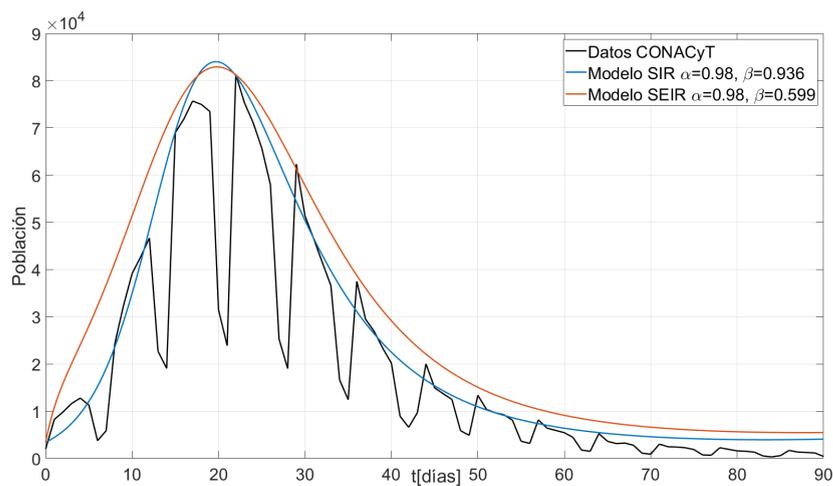


Figura 5.3: La línea negra representa los datos recabados por el CONACyT, la línea azul representa el modelo SIR fraccionario simulado con orden $\alpha = 0,98$ y $\beta = 0,936$, la línea naranja representa el modelo SEIR de orden $\alpha = 0,98$ fraccionario y $\beta = 0,599$.

Es evidente que el modelo SIR fraccionario es mejor al momento de describir el comportamiento de la enfermedad a comparación del modelo SEIR del mismo orden.

Posteriormente, al comparar ambos modelos de orden fraccionario con los modelos de orden entero, se puede observar como el comportamiento de los de orden entero es similar al de orden fraccionario, pero se puede destacar el comportamiento de prevalencia de la enfermedad en el modelo fraccionario. Este comportamiento se puede ver más a detalle en las figuras 5.4 y 5.5.

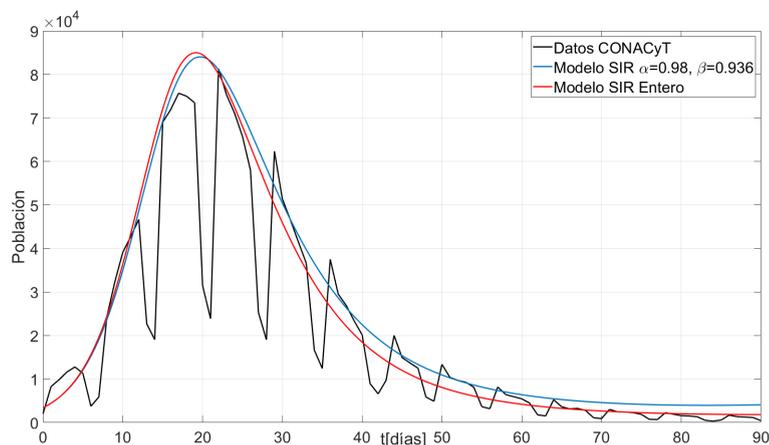


Figura 5.4: La línea negra representa los datos recabados por el CONACyT, la línea azul el modelo SIR fraccionario simulado con orden $\alpha = 0,98$ y $\beta = 0,936$, la línea roja el modelo SIR de orden entero.

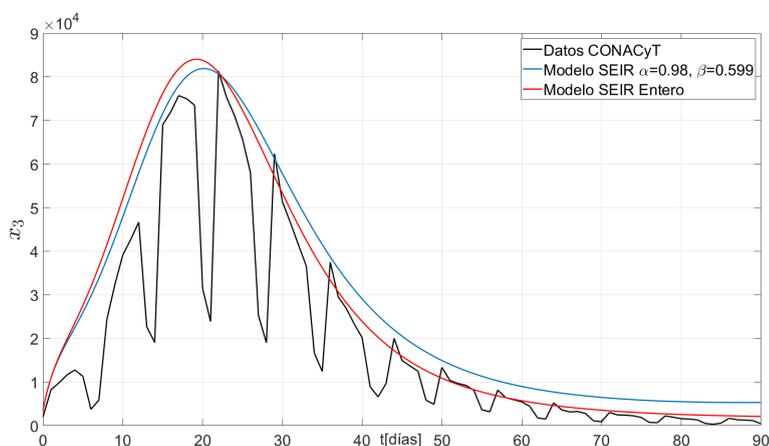


Figura 5.5: La línea negra representa los datos recabados por el CONACyT, la línea azul el modelo SEIR fraccionario simulado con orden $\alpha = 0,98$ y $\beta = 0,599$, la línea roja el modelo SEIR de orden entero.

En las figuras 5.6 y 5.7 se compara el error generado entre los datos recabados por el CONACyT con las simulaciones de los modelos SIR y SEIR de orden fraccionario y el error de los modelos de orden entero, se puede destacar como los modelos de orden fraccionario presentan un error menor en un principio con respecto al orden entero, pero este se vuelve mayor entre más tiempo pasa, siendo el que presenta un menor error al final de la simulación el sistema de orden entero. Con esto es posible decir que para tener una simulación más precisa de los datos es necesario aproximar el valor fraccionario α al valor unitario, pero sin tocar este valor.

Ahora, para estimar correctamente el comportamiento de un virus, como este se va a propagar y determinar las acciones a aplicar para controlar su propagación en la población, hay distintos factores a considerar. Uno de ellos es el número de reproducción básico R_0 . La variante Delta que se presentó antes de la Ómicron, presentó una R_0 promedio de 7. Posteriormente, la variante Ómicron, al presentar una mayor tasa de transmisión, presentó una R_0 de hasta 10.

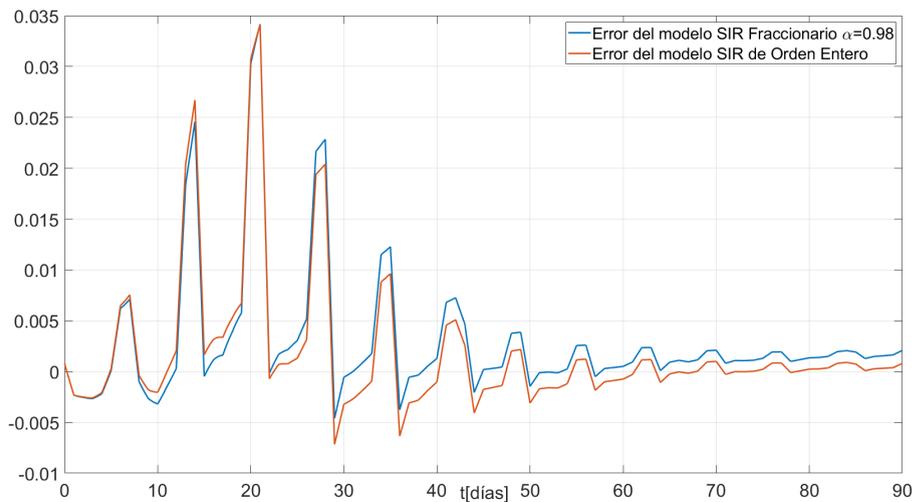


Figura 5.6: La línea azul representa el error del modelo SIR fraccionario de orden $\alpha = 0,98$ simulado con transmisión *per cápita* $\beta = 0,936$, la línea naranja representa el el error del modelo SIR de orden entero.

Dicho lo anterior, al retomar a los resultados de las ecuaciones 4.5 y 4.9, es evidente que el número de reproducción básico se encuentra muy por debajo de lo que se estimaba debido a las mutaciones y su transmisibilidad. Esto se debe a que los modelos epidemiológicos toman a consideración los factores sociales, es decir, no toma en cuenta únicamente la tasa de transmisión *per cápita*, tasa de mortalidad, tasa de recuperación, etc. Si no que, la población total se ve reducida por aquellas personas que respetan las normas (uso de cubre bocas, aislamiento, etc.).

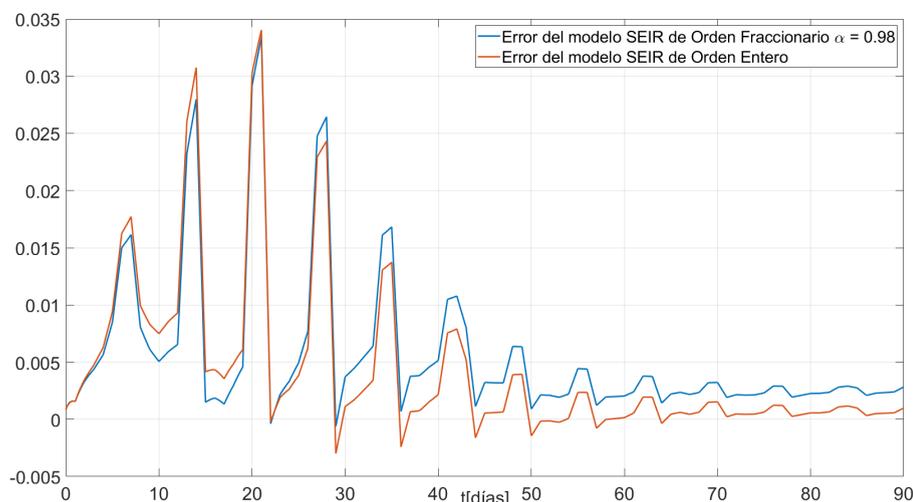


Figura 5.7: La línea azul representa el error del modelo SEIR fraccionario de orden $\alpha = 0,98$ simulado con transmisión *per cápita* $\beta = 0,599$, la línea naranja representa el el error del modelo SEIR de orden entero.

Se ha determinado que el cálculo diferencial de orden fraccionario es muy útil al representar fenómenos físicos, químicos, biológicos, etc.; donde las dinámicas de los sistemas están gobernadas por una ecuación de difusión. Para dominar todos los nuevos problemas encontrados en los sistemas fraccionarios, el análisis de ecuaciones de orden fraccionario se convertido en un objetivo de suma importancia. Uno de estos problemas es el de las condiciones iniciales en las ecuaciones diferenciales de orden fraccionario, desde un punto de vista práctico. Este es un problema recurrente en la derivada fraccionaria, especialmente en el contexto de Riemann-Liouville, Caputo y Grünwald-Letnikov [76]. La inicialización propia de las funciones integrales y diferenciales de orden fraccionario es por funciones no constantes (variantes en el tiempo). Esto se generaliza en el caso de orden entero, en el cual las derivadas e integrales son inicializadas por constantes, las cuales representan el efecto del pasado. El impacto de esta inicialización constante es profundo, ya que afecta la definición de integral y derivada fraccionaria [77]. Caputo, logró formular este problema en una forma adaptada, modificó la definición de la derivada fraccionario en orden para introducir condiciones iniciales compuestas de valores de la función y de sus derivadas sucesivas de orden entero. A pesar de que su solución parece bastante obvia, la derivada de Caputo no puede proveer una solución satisfactoria para el problema de condiciones iniciales en ecuaciones diferenciales de orden fraccionario [76].

Se han propuesto múltiples aproximaciones para resolver este problema, es posible dividir estas en 2 grupos. La primera categoría se basa en el concepto de una función de inicialización. Pero, se ha comprobado en que esto no solamente es difícil, sino que es fácil encontrar situaciones en las que las ecuaciones diferenciales fraccio-

narias pueden llegar a trayectorias erróneas si el modelo no se encuentra en el origen al momento de inicializar. La segunda categoría se basa en un espacio de estados del modelo, se les considera una aproximación indirecta porque el modelo de estados no se refiere explícitamente a la derivación fraccionaria. Esta aproximación da resultados satisfactorios de forma general, pero el problema prevalece en situaciones prácticas debido a la definición del vector de estados[78, 76].

Por otro lado, la definición de las derivadas fraccionarias de Riemann-Liouville y Grünwald-Letnikov jugaron un papel importante para el desarrollo de derivadas e integrales fraccionarias por sus aplicaciones en matemáticas puras. A pesar de esto, las demandas de la tecnología moderna requieren una cierta revisión de la aproximación de las matemáticas puras. En distintos trabajos se ha demostrado que los modelos fraccionarios se usan para una mejor descripción de las propiedades de los materiales, especialmente en teorías de viscoelasticidad y mecánicas de sólidos hereditarias. Este modelado matemático de ecuaciones diferenciales de orden fraccionario conduce naturalmente a la necesidad de la formulación de las condiciones iniciales de estas.

Desafortunadamente, las aproximaciones de Riemann-Liouville requieren de condiciones iniciales que contengan los valores límites de las derivadas fraccionarias en el límite inferior $t = a$, por ejemplo:

$$\begin{aligned} \lim_{t \rightarrow a} {}_a D_t^{\alpha-1} f(t) &= b_1 \\ \lim_{t \rightarrow a} {}_a D_t^{\alpha-2} f(t) &= b_2 \\ &\dots \\ \lim_{t \rightarrow a} {}_a D_t^{\alpha-n} f(t) &= b_n \end{aligned} \tag{5.1}$$

donde b_k , $k = 1, 2, \dots, n$ son constantes dadas.

A pesar de que los problemas con este tipo de condiciones iniciales dadas pueden ser resueltos matemáticamente, sus soluciones son inútiles de forma práctica, debido a que su interpretación física es desconocida para este tipo de condiciones iniciales. En esto es posible observar un conflicto entre la teoría matemática que está tan bien establecida y pulida y las necesidades prácticas.

Como se observa en (2.44), la aproximación de Caputo provee de una interpolación de derivadas de orden entero. La principal ventaja de esta aproximación es que las condiciones iniciales para las ecuaciones diferenciales fraccionarios toman la misma forma que las ecuaciones de orden entero, es decir, contienen los valores límite de las derivadas de orden entero de las funciones desconocidas en el límite inferior $t = a$.

Otra diferencia por considerar entre las definiciones de Riemann-Liouville y Caputo es que la derivada de Caputo de una constante es cero, mientras que en los casos de valor finito con un límite inferior a para la derivada fraccionaria de Riemann-Liouville de una constante es distinto de cero, dando un resultado de:

$${}^{RL}D_t^\alpha C = \frac{Ct^{-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)}$$

Para resaltar la diferencia con respecto a las condiciones iniciales que deben acompañar a las ecuaciones diferenciales fraccionarias en términos de las derivadas de Riemann-Liouville y Caputo, es posible hacer uso de las fórmulas de la transformada de Laplace para el caso donde $a = 0$.

La fórmula de la transformada de Laplace para la derivada de Riemann-Liouville es:

$$\int_0^{\infty} e^{-st} ({}^{RL}D_t^\alpha f(t)) dt = s^\alpha F(s) - \sum_{k=0}^{n-1} s^k {}^{RL}D_t^\alpha f(t) \Big|_{t=0}, \quad (5.2)$$

$$(n - 1 \leq \alpha < n),$$

mientras que la derivada de Caputo para la transformada de Laplace resulta en:

$$\int_0^{\infty} e^{-st} ({}^C D_t^\alpha f(t)) dt = s^\alpha F(s) - \sum_{k=0}^{n-1} s^{\alpha-k-1} f^{(k)}(0), \quad (5.3)$$

$$(n - 1 \leq \alpha < n),$$

Es importante notar cómo la transformada de Laplace para el caso de la derivada fraccionaria de Riemann-Liouville requiere del uso de condiciones iniciales de la forma 5.1, las cuales pueden causar problemas por su interpretación y obtención. Por otro lado, la transformada de Laplace con la derivada fraccionaria de Caputo permite el uso de valores iniciales de derivadas de orden entero con interpretación física conocida.

Volviendo al cálculo fraccionario, no es precisamente una fracción del cálculo (sea integral, diferencial o cualquiera de sus variaciones). El cálculo fraccionario es el nombre para las integrales y derivadas de orden arbitrario, las cuales generalizan las nociones de la diferenciación de orden entero y la integración de n -partes.

La idea de usar controladores de orden fraccionario para sistemas dinámicos pertenece a Alain Oustaloup, quien desarrolló el llamado controlador CRONE (del francés *Commande robuste d'ordre non entier*", cuyo significado es *Control Robusto de Orden No Entero*"), el cual es descrito en una serie de libros de aplicaciones de derivadas de orden fraccionario en teoría de control. Este demostró la ventaja del controlador CRONE en comparación con un control PID clásico. El uso de derivadas e integrales de orden fraccionario en teoría de control llevó a mejores resultados a comparación de las aproximaciones de orden entero [79].

Otro aspecto importante por considerar al hacer uso del cálculo fraccionario es que es una herramienta muy efectiva al momento de describir fenómenos reales debido al efecto de memoria. Las ecuaciones diferenciales clásicas de orden entero no presentan este efecto, ya que sus soluciones no dependen de los instantes previos. Por ejemplo, si se tuviera la función $f(t, x_0)$ como una solución de una ecuación diferencial de primer orden con condición inicial en x_0 en el instante $t = 0$, entonces se tendría que $f(t+s, x_0) = f(t, f(s, x_0))$, lo cual significa que la solución no cambia al considerar $f(s, x_0)$ como condición inicial dado que $f(s, x_0)$ pertenece a la solución. Por lo tanto, dado un valor inicial, la solución depende únicamente de cualquier punto del dominio. En general, esto no es verdad para las ecuaciones diferenciales de orden fraccionario.

Capítulo 6

Conclusiones

Los modelos epidemiológicos no solo son un apoyo importante para predecir la evolución de una enfermedad, también son importantes para planificar la distribución de recursos sanitarios y económicos para el combate contra una enfermedad. Además, con estos modelos es posible estimar la cantidad de contagios que se tendrán en un periodo de tiempo, así como la duración que tendrá esta enfermedad. Todos estos parámetros son importantes, ya que con estos es posible predecir el impacto de una enfermedad y estar preparados para ella.

Al hacer una comparativa de los modelos epidemiológicos de orden entero y de orden fraccionario, es posible notar cómo los datos finales presentan discrepancias con respecto a los datos reales. Como se ha mencionado anteriormente, una de las ventajas que presenta el cálculo fraccionario es la presencia de la no localidad, es decir, el efecto de memoria, esto permite un mejor modelado ya que se toma en cuenta no solo el presente de su comportamiento, sino también el pasado. Aunado a esto, en aplicaciones epidemiológicas, permiten una mejor descripción de la propagación de una enfermedad, ya que el umbral entre la extinción y la persistencia de esta se ve desplazado. De esta forma, es posible observar cómo con los modelos SIR y SEIR fraccionarios con un valor de derivada cercano a la unidad, es posible hacer una mejor representación de la dinámica de persistencia a diferencia de la que se presenta en el caso unitario.

Por otro lado, para este caso se optó por hacer uso principalmente de la derivada fraccionaria de Caputo, debido a que con el método de Riemann-Liouville se requiere definir una función especial para las condiciones iniciales del sistema en el intervalo $[-\infty, 0]$, lo cual genera un problema debido a la dificultad de obtención, interpretación y peso al computar. A diferencia de Riemann-Liouville el método de Caputo permite hacer uso de condiciones iniciales de orden entero, las cuales se pueden definir fácilmente y su interpretación es conocida.

Dicho lo anterior, la memoria es importante por el efecto de histéresis, ya que, durante la evolución de un fenómeno biológico, como lo es una epidemia, es de vital importancia considerar los efectos de eventos pasados en las dinámicas actuales. Teniendo esto en cuenta, se puede resaltar cómo el cálculo fraccionario presenta una ventaja significativa a comparación del cálculo de orden entero. A pesar de que el cálculo de orden entero presenta un error menor que el cálculo fraccionario al final de la función, no quiere decir que el cálculo entero sea mejor. Dado que durante

una emergencia sanitaria, como lo es una pandemia, el interés no debe centrarse únicamente en cómo se comporta el sistema al término de esta, lo que realmente debe ser de interés es todo el comportamiento a lo largo del tiempo. Esto debido a que, si se tiene una predicción precisa de cómo se puede propagar una enfermedad, es posible generar mejores descripciones de como será el comportamiento de estas.

En este caso se presentó un filtro de Kalman Extendido de orden fraccionario para los modelos epidemiológicos compartimentales SIR y SEIR. Se mostró como el observador puede ser usado para la reconstrucción del parámetro β de transmisión *per cápita* usando únicamente las mediciones realizadas por el CONACyT en el cambio de la cantidad de infectados. Así mismo, se mostró como el uso del cálculo fraccionario permite una mejor estimación de los datos en los modelos SIR y SEIR de orden fraccionario.

6.1. Trabajo futuro

En una pandemia, como lo fue la generada por el SARS-COV-2, es necesario tener una herramienta que pueda estimar y predecir uno o más parámetros. En este caso resta hacer un análisis de observabilidad para más parámetros y estados en los modelos de orden fraccionario SIR y SEIR, así como en casos de enfermedades con naturaleza similar.

Bibliografía

- [1] Peng Zhou, Xinglou Yang, Xian-Guang Wang, Ben Hu, Lei Zhang, Wei Zhang, Hao-Rui Si, Yan Zhu, Bei Li, Chao-Lin Huang, Hui-Dong Chen, Jing Chen, Yun Luo, Hua Guo, Ren-Di Jiang, Mei-Qin Liu, Ying Chen, Xu-Rui Shen, Xi Wang, and Zheng-Li Shi. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579:270–273, 03 2020.
- [2] Xiaolu Tang, Changcheng Wu, Xiang Li, Yuhe Song, Xinmin Yao, Xinkai Wu, Yuange Duan, Hong Zhang, Yirong Wang, Zhaohui Qian, Jie Cui, and Jian Lu. On the origin and continuing evolution of sars-cov-2. *National Science Review*, 7(6):1012–1023, 03 2020.
- [3] Thiago Carvalho, Florian Krammer, and Akiko Iwasaki. The first 12 months of covid-19: a timeline of immunological insights. *Nature reviews. Immunology*, 21(4):245–256, 03 2021.
- [4] Blanca Taboada, Joel Vázquez, José Muñoz-Medina, Pilar Ramos-Cervantes, Marina Escalera Zamudio, Celia Boukadida, Alejandro Sanchez-Flores, Isa Pavel, Edgar Mendieta Condado, José Martínez-Orozco, Eduardo Becerril, Jorge Salas-Hernández, Ricardo Grande, Carolina González-Torres, Javier Gaytan-Cervantes, Gloria Vázquez, Francisco Pulido, Adnan Araiza-Rodríguez, Fabiola Garcés-Ayala, and Carlos Arias. Genomic analysis of early sars-cov-2 variants introduced in mexico. *Journal of virology*, 98(18), 2020.
- [5] Secretaría de Salud. Covid-19 tablero méxico conacyt-centrogeo-geoint-datalab. <https://datos.covid-19.conacyt.mx/#DOView>, 2023.
- [6] Andrew Rambaut, Edward Holmes, Áine O’Toole, Verity Hill, John McCrone, Christopher Ruis, Louis Plessis, and Oliver Pybus. A dynamic nomenclature proposal for sars-cov-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nature microbiology*, 5(11), 2020.
- [7] Yingjie Zhao, Jianping Huang, Li Zhang, Siyu Chen, Jinfeng Gao, and Hui Jiao. The global transmission of new coronavirus variants. *Environmental Research*, 206:112240, 2022.
- [8] Allison J. Greaney, Andrea N. Loes, Katharine H.D. Crawford, Tyler N. Starr, Keara D. Malone, Helen Y. Chu, and Jesse D. Bloom. Comprehensive mapping of mutations in the sars-cov-2 receptor-binding domain that affect recognition by polyclonal human plasma antibodies. *Cell Host and Microbe*, 29(3):463–476.e6, 2021.

- [9] Wan Yang and Jeffrey Shaman. Development of a model-inference system for estimating epidemiological characteristics of sars-cov-2 variants of concern. *Nature Communications*, 12, 09 2021.
- [10] Choi JY Shin DH, Smith DM. Variants of concern. *Yonsei medical journal*, 62(11):961–968, 2021.
- [11] World Health Organization. Who announces simple, easy-to-say labels for sars-cov-2 variants of interest and concern. <https://www.who.int/news/item/31-05-2021-who-announces-simple-easy-to-say-labels-for-sars-cov-2-variants-of-interest-and-concern>, 2021.
- [12] Juliet Pulliam, Cari van Schalkwyk, Nevashan Govender, Anne Gottberg, Cheryl Cohen, Michelle Groome, Jonathan Dushoff, Koleka Mlisana, and Harry Moultrie. Increased risk of sars-cov-2 reinfection associated with emergence of omicron in south africa. *Science*, 376, 03 2022.
- [13] Rebecca Earnest, Rockib Uddin, Nicholas Matluk, Nicholas Renzette, Katherine Siddle, Christine Loreth, Gordon Adams, Christopher Tomkins-Tinch, Mary Petrone, Jessica Rothman, Mallery Breban, Robert Koch, Kendall Billig, Joseph Fauver, Chantal Vogels, Sarah Turbett, Kaya Bilguvar, Bony De kumar, Marie Landry, and Nathan Grubaugh. Comparative transmissibility of sars-cov-2 variants delta and alpha in new england, usa. *Cell Reports Medicine*, 3(4):100583, 2021.
- [14] Venkata-Viswanadh Edara, Kelly E. Manning, Madison Ellis, Lilin Lai, Kathryn M. Moore, Stephanie L. Foster, Katharine Floyd, Meredith E. Davis-Gardner, Grace Mantus, Lindsay E. Nyhoff, Sarah Bechnak, Ghina Alaaeddine, Amal Naji, Hady Samaha, Matthew Lee, Laurel Bristow, Matthew Gagne, Jesmine Roberts-Torres, Amy R. Henry, Sucheta Godbole, Arash Grakoui, Marybeth Saxton, Anne Piantadosi, Jesse J. Waggoner, Daniel C. Douek, Nadine Rouphael, Jens Wrämmert, and Mehul S. Suthar. mrna-1273 and bnt162b2 mrna vaccines have reduced neutralizing activity against the sars-cov-2 omicron variant. *Cell Reports Medicine*, 3(2):100529, 2022.
- [15] Zachary Strasser, Noah Greifer, Aboozar Hadavand, Shawn Murphy, and Hossein Estiri. Estimates of sars-cov-2 omicron ba.2 subvariant severity in new england. *JAMA Network Open*, 5, 10 2022.
- [16] Rodríguez SR Rojo EA, Escamilla LP. Detección del primer caso de covid-19 relacionado a la variante Ómicron en México. *Acta Medica*, 20(1):62–66, 2022.
- [17] Grupo Técnico Asesor de Vacunación Covid-19. Priorización inicial y consecutiva para la vacunación contra sars-cov-2 en la población mexicana. recomendaciones preliminares. *Salud Pública De México*, 63(2):288–309, 2020.
- [18] Secretaría de Salud. Aplicadas, 161.9 millones de dosis contra covid-19 en México. <https://www.gob.mx/salud/prensa/037-aplicadas-161-9-millones-de-dosis-contra-covid-19-en-mexico>, 2023.

- [19] A. Escudero-Nahón and R. Palacios-Díaz. *Métodos y proyectos transdigitales*. Editorial Transdigital, 2022.
- [20] Organización Mundial de la Salud. Mejora de la respuesta a la variante ómicron del sars-cov-2: resumen técnico y acciones prioritarias para los estados miembros. <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/global-technical-brief-and-priority-action-on-omicron-sars-cov-2-variant-es.pdf>, 2022.
- [21] Bowen Dai, Wangquan Ji, Peiyu Zhu, Shujie Han, Yu Chen, and Yuefei Jin. Update on omicron variant and its threat to vulnerable populations. *Public Health in Practice*, 7:100494, 03 2024.
- [22] Claudia Agostoni. Médicos, enfermeras y pacientes: entre las contradicciones, la incertidumbre y las carencias en tiempo de covid-19 en México. *História, Ciências, Saúde-Manguinhos*, 28, 07 2021.
- [23] Thomas Smith and Allan Schapira. Reproduction numbers in malaria and their implications. *Trends in Parasitology*, 28(1):3–8, 2012.
- [24] M. Liu, J. Cao, J. Liang, and M.J. Chen. *Epidemic-logistics Modeling: A New Perspective on Operations Research*. Springer Nature Singapore, 2019.
- [25] Niels Becker. The uses of epidemic models. *Biometrics*, 35(1):295–305, 1979.
- [26] Kermack William Ogilvy and McKendrick A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Bulletin of mathematical biology*, 115(772):700–721, 1927.
- [27] Robert May and Roy Anderson. May rm, anderson rm. population biology of infectious diseases: part ii. *Nature*, 280:455–61, 09 1979.
- [28] M. Muhlmeyer and S. Agarwal. *Information Spread in a Social Media Age: Modeling and Control*. CRC Press, 2021.
- [29] Tom Britton. Stochastic epidemic models: A survey. *Mathematical biosciences*, 225:24–35, 05 2010.
- [30] Neil Ferguson, Matt Keeling, W Edmunds, Raymond Gani, Bryan Grenfell, Roy Anderson, and Steve Leach. Planning for smallpox outbreaks. *Nature*, 425:681–5, 11 2003.
- [31] Jonas Dehning, Johannes Zierenberg, F. Paul Spitzner, Michael Wibral, Joao Pinheiro Neto, Michael Wilczek, and Viola Priesemann. Inferring change points in the spread of covid-19 reveals the effectiveness of interventions. *Science*, 369(6500), 2020.
- [32] Benjamin Ridenhour, Jessica M. Kowalik, and David K. Shay. El número reproductivo básico (r_0): consideraciones para su aplicación en la salud pública. *American Journal of Public Health*, 108(S6):S455–S465, 2018.

- [33] M Khaki, H-J Hendricks Franssen, and SC Han. Multi-mission satellite remote sensing data for improving land hydrological models via data assimilation. *Scientific reports*, 10(1):1–23, 2020.
- [34] Vinay A. Bavdekar, Anjali P. Deshpande, and Sachin C. Patwardhan. Identification of process and measurement noise covariance for state and parameter estimation using extended kalman filter. *Journal of Process Control*, 21(4):585–601, 2011.
- [35] D. Simon. *Optimal State Estimation: Kalman, H Infinity, and Nonlinear Approaches*. Wiley, 2006.
- [36] Francisco Arroyo-Marioli, Francisco Bullano, Simas Kucinskas, and Carlos Rondón-Moreno. Tracking r of covid-19: A new real-time estimation using the kalman filter. *PloS one*, 16(1):e0244474, 2021.
- [37] Md Rafiul Islam, Angela Peace, Daniel Medina, and Tamer Oraby. Integer versus fractional order seir deterministic and stochastic models of measles. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17:2014, 03 2020.
- [38] Emmanuel Hanert, Eva Schumacher, and Eric Deleersnijder. Front dynamics in fractional-order epidemic models. *Journal of Theoretical Biology*, 279(1):9–16, 2011.
- [39] Somayeh Fouladi, Mohammad Kohandel, and Brydon Eastman. A comparison and calibration of integer and fractional-order models of covid-19 with stratified public response. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 19:12792–12813, 09 2022.
- [40] Marya Sadki, Sanaa Harroudi, and Karam Allali. Fractional-order sir epidemic model with treatment cure rate. *Partial Differential Equations in Applied Mathematics*, 8, 11 2023.
- [41] Laécio Barros, Michele Martins Lopes, Francielle Pedro, Estevão Esmi, José Dos Santos, and Daniel E. Sánchez. The memory effect on fractional calculus: an application in the spread of covid-19. *Computational and Applied Mathematics*, 40, 03 2021.
- [42] Abdelouahed Alla Hamou, El Houssine Azroul, and Abdelilah Alaoui. Fractional model and numerical algorithms for predicting covid-19 with isolation and quarantine strategies. *International Journal of Applied and Computational Mathematics*, 7:142, 08 2021.
- [43] Sania Qureshi. Periodic dynamics of rubella epidemic under standard and fractional caputo operator with real data from pakistan. *Mathematics and Computers in Simulation*, 178, 06 2020.

- [44] Urszula Skwara, José Martins, Peyman Ghaffari, Maira Aguiar, Joao Boto, and Nico Stollenwerk. Fractional calculus and superdiffusion in epidemiology: shift of critical thresholds. In *Proceedings of the 12th International Conference on Computational and Mathematical Methods in Science and Engineering, La Manga*, 2012.
- [45] Christopher Angstmann, B. Henry, and Anna McGann. A fractional order recovery sir model from a stochastic process. *Bulletin of Mathematical Biology*, 78, 2016.
- [46] Md Rafiul Islam, Angela Peace, Daniel Medina, and Tamer Oraby. Integer versus fractional order seir deterministic and stochastic models of measles. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(6), 2020.
- [47] E. Murillo-Zamora, X. Trujillo, M. Huerta, M. Ríos-Silva, A. Lugo-Radillo, L.M. Baltazar-Rodríguez, and O. Mendoza-Cano. First-generation bnt162b2 and azd1222 vaccines protect from covid-19 pneumonia during the omicron variant emergence. *Public Health*, 207:105–107, 2022.
- [48] Armando Rojo Enríquez, Pilar Escamilla Llano, Raymundo Rodríguez Sandoval, Leonardo Medina Arias, Miriam Ixchel García Franco, Leticia Ramírez De La, Irma López Martínez, Claudia Wong Arámbula, Abril Rodríguez Maldonado, Vanessa Rivero Arredondo, et al. Detección del primer caso de covid-19 relacionado a la variante ómicron en méxico. *Acta médica Grupo Ángeles*, 20(1):62–66, 2022.
- [49] Yonghui Sun, Yi Wang, Xiaopeng Wu, and Yinlong Hu. Robust extended fractional kalman filter for nonlinear fractional system with missing measurements. *Journal of the Franklin Institute*, 355, 11 2017.
- [50] M. Liu, J. Cao, J. Liang, and M.J. Chen. *Epidemic-logistics Modeling: A New Perspective on Operations Research*. Springer Singapore, 2019.
- [51] Sally Blower and Daniel Bernoulli. An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it. 1766. *Reviews in medical virology*, 14:275–288, 09 2004.
- [52] M. Martcheva. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer US, 2015.
- [53] Y. Takeuchi, Y. Iwasa, and K. Sato. *Mathematics for Life Science and Medicine*. Springer Berlin Heidelberg, 2007.
- [54] Roy Anderson and Robert May. Population biology of infectious diseases: Part i. *Nature*, 280:361–7, 09 1979.
- [55] Marek Trawicki. Deterministic seirs epidemic model for modeling vital dynamics, vaccinations, and temporary immunity. *Mathematics*, 5:7, 01 2017.

- [56] L.J.S. Allen, F. Brauer, P. van den Driessche, C.T. Bauch, J. Wu, C. Castillo-Chavez, D. Earn, Z. Feng, M.A. Lewis, J. Li, et al. *Mathematical Epidemiology*. Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- [57] Na Yi, Qingling Zhang, Kun Mao, Dongmei Yang, and Qin Li. Analysis and control of an seir epidemic system with nonlinear transmission rate. *Mathematical and Computer Modelling*, 50(9):1498–1513, 2009.
- [58] A.A.A. Kilbas, H.M. Srivastava, and J.J. Trujillo. *Theory And Applications of Fractional Differential Equations*. North-Holland Mathematics Studies. Elsevier Science & Tech, 2006.
- [59] Donato Cafagna. Fractional calculus: A mathematical tool from the past for present engineers [past and present]. *Industrial Electronics Magazine, IEEE*, 1:35 – 40, 02 2007.
- [60] Y. Yang and H.H. Zhang. *Fractional Calculus with its Applications in Engineering and Technology*. Springer International Publishing, 2022.
- [61] J.J. Trujillo, E. Scalas, K. Diethelm, and D. Baleanu. *Fractional Calculus: Models And Numerical Methods (Second Edition)*. Series On Complexity, Nonlinearity And Chaos. World Scientific Publishing Company, 2016.
- [62] Gallardo-Hernández González-Olvera, M. J. robust adaptive observer for a muscular blood vessel fractional-order model. *Memorias del Congreso Nacional de Control Automático*, 2022:368–373, 2022.
- [63] Eduardo M.A.M. Mendes, Gustavo H.O. Salgado, and Luis A. Aguirre. Numerical solution of caputo fractional differential equations with infinity memory effect at initial condition. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, 69:237–247, 2019.
- [64] Qingxia Ma, Xianguang Lin, and Huijuan Li. A comparative teaching of fractional calculus and integer calculus. 01 2018.
- [65] Ricardo Gutiérrez, Joao Rosario, and José Tenreiro Machado. Fractional order calculus: Basic concepts and engineering applications. *Mathematical Problems in Engineering*, 2010, 01 2010.
- [66] Laécio Carvalho de Barros, Michele Martins Lopes, Francielle Santo Pedro Simões, Estevão Esmi, José Paulo Carvalho dos Santos, and Daniel Eduardo Sánchez. The memory effect on fractional calculus: An application in the spread of covid-19, 2020.
- [67] Gemma Massonis, Julio R Banga, and Alejandro F Villaverde. Structural identifiability and observability of compartmental models of the covid-19 pandemic. *Annual reviews in control*, 51:441–459, 2021.
- [68] Claudio Urrea and Rayko Agramonte. Kalman filter: Historical overview and review of its use in robotics 60 years after its creation. *Journal of Sensors*, 2021:1–21, 09 2021.

- [69] E. Hendricks, O. Jannerup, and P.H. Sørensen. *Linear Systems Control: Deterministic and Stochastic Methods*. Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- [70] Gustavo Chávez and Marcos González-Olvera. Robust observer-based parameter identification and state estimation for covid-19 modeling: Analyzing the omicron variant in mexico using fractional-order sir and seir models. *Memorias del Congreso Nacional de Control Automático*, 6:50–55, 10 2023.
- [71] Liu Y. and Rocklöv J. The effective reproductive number of the omicron variant of sars-cov-2 is several times relative to delta. *J Travel Med*, 29(3), 05 2022.
- [72] Dasom Kim, Jisoo Jo, Jun-Sik Lim, and Sukhyun Ryu. Serial interval and basic reproduction number of sars-cov-2 omicron variant in south korea. *medRxiv*, 2021.
- [73] Supun Manathunga, I. Abeyagunawardena, and S. Dharmaratne. A comparison of transmissibility of sars-cov-2 variants of concern. *Virology Journal*, 20, 04 2023.
- [74] Jesús Romo y García. Una radiografía de la pandemia en México en 2020. <https://datos.nexos.com.mx/una-radiografia-de-la-pandemia-en-mexico-en-2020/>, 2021.
- [75] Weston Roda, Marie Varughese, Donglin Han, and Michael Li. Why is it difficult to accurately predict the covid-19 epidemic? *Infectious Disease Modelling*, 5, 03 2020.
- [76] Jean-Claude Trigeassou and Maamri Nezha. Initial conditions and initialization of linear fractional differential equations. *Signal Processing*, 91:427–436, 03 2011.
- [77] Carl F. Lorenzo and Tom T. Hartley. Initialization in fractional order systems. In *2001 European Control Conference (ECC)*, pages 1471–1476, 2001.
- [78] Jocelyn Sabatier and Christophe Farges. Comments on the description and initialization of fractional partial differential equations using Riemann–Liouville’s and Caputo’s definitions. *Journal of Computational and Applied Mathematics*, 339, 03 2018.
- [79] I. Podlubny. *Fractional Differential Equations: An Introduction to Fractional Derivatives, Fractional Differential Equations, to Methods of Their Solution and Some of Their Applications*. ISSN. Elsevier Science, 1998.