

UNA METODOLOGÍA DE ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS SOBRE MODELOS DE
SISTEMAS DE ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS

CHRISTIAN ILICH RAMÍREZ HERNÁNDEZ

UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA DE MATEMÁTICAS
BUCARAMANGA
2025

UNA METODOLOGÍA DE ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS SOBRE MODELOS DE
SISTEMAS DE ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS

CHRISTIAN ILICH RAMÍREZ HERNÁNDEZ

Trabajo de grado para optar al título de
Matemático

Director
Andrés Sebastián Ríos Gutiérrez
Candidato a Doctor

UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA DE MATEMÁTICAS
BUCARAMANGA
2025

AGRADECIMIENTOS

A mi familia, por el apoyo que siempre me han brindado. Junto a ellos he aprendido lecciones valiosas, descubierto lugares maravillosos y compartido experiencias inolvidables. Son personas extraordinarias a quienes admiro profundamente. Gracias a su constante respaldo, he tenido la fuerza para perseguir mis sueños y disfrutar cada paso del camino.

A mi abuela, con quien he tenido la fortuna de vivir durante todo mi periodo de estudiante. Su presencia me ha mantenido enfocado y su sabiduría me ha guiado en los momentos más difíciles.

A mis padres, por sus palabras de aliento en los momentos en que las dudas y la falta de ánimo me abatían. Su esfuerzo casi sobrehumano para brindarme apoyo es algo que siempre valoraré profundamente.

A mis amigos Anthoni, Diana, Víctor y Santiago, gracias por los buenos momentos compartidos, tanto los alegres como los de angustia. Aunque enfrentamos desafíos difíciles, considero que cada experiencia fue fundamental para mi crecimiento personal y profesional. Valoro profundamente su compañía y amistad.

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento al profesor Andrés, quien fue mucho más que un director de proyecto. Su disposición para escucharme y apoyarme en momentos difíciles, incluso en temas personales, fue invaluable para mí. Admiro profundamente su compromiso, dedicación y profesionalismo. Gracias, profesor, por su guía y respaldo incondicional.

CONTENIDO

	pág.
INTRODUCCIÓN	11
1. El modelo SIR-SI	13
1.1. Modelo SIR	14
1.2. El modelo SIR-SI	17
2. Métodos numéricos y estadísticos	20
2.1. Aproximación de soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias	20
2.2. Métodos de optimización	25
2.3. Regresión no paramétrica	35
3. Caso de estudio: El Dengue en Bucaramanga	38
3.1. Datos del Dengue	39
3.2. Simulación para el dengue en Bucaramanga	47
3.3. Estimaciones	51
3.4. Método de actualización de datos	60
4. Conclusiones	70
BIBLIOGRAFÍA	71
ANEXOS	77

LISTA DE FIGURAS

	pág.
1.1. Modelo epidemiológico de Bernoulli. Fuente: Klaus Dietz y JAP Heesterbeek. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. En: <i>Mathematical biosciences</i> 180.1-2 (2002), págs. 1-21, pág. 5	14
1.2. modelo epidemiológico SIR. Fuente: elaboración propia.	16
1.3. modelo epidemiológico SIR-SI. Fuente: elaboración propia.	19
2.1. solución al problema de valor inicial Fuente: elaboración propia	25
3.1. Casos de dengue reportados en Bucaramanga Fuente: elaboración propia. . .	40
3.2. población en Bucaramanga por año Fuente: elaboración propia.	43
3.3. regresión para los casos de dengue por mes y año Fuente: elaboración propia.	44
3.4. derivada del ajuste de los datos Fuente: elaboración propia	44
3.5. máximos y mínimos para los casos de dengue Fuente: elaboración propia. . .	45
3.6. Susceptibles Vs Tiempo Fuente: elaboración propia.	49
3.7. Infectados Vs Tiempo Fuente: elaboración propia.	49
3.8. Recuperados Vs Tiempo Fuente: elaboración propia.	49
3.9. Vectores susceptibles Vs Tiempo Fuente: elaboración propia.	49
3.10. Vectores infectados Vs Tiempo Fuente: elaboración propia.	50
3.11. simulación de humanos infectados. Fuente: elaboración propia	54
3.12. mínimos cuadrados ordinarios para la simulación Fuente: elaboración propia. .	55
3.13. Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados Fuente: elaboración propia.	57
3.14. mínimos cuadrados ordinarios para la simulación Fuente: elaboración propia. .	57
3.15. Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados Fuente: elaboración propia.	58
3.16. mínimos cuadrados ordinarios Fuente: elaboración propia.	59
3.17. Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados Fuente: elaboración propia.	59
3.18. mínimos cuadrados ordinarios Fuente: elaboración propia	60
3.19. estimación de la tasa de mortalidad de humanos ($\hat{\mu}_h$) Fuente: elaboración propia	62
3.20. estimación $\hat{\beta}_h S_h I_v$ Fuente: elaboración propia.	63

3.21. estimación de población de humanos recuperados $\hat{R}_h(t_{j+1})$ Fuente: elaboración propia.	64
3.22. estimación $\hat{S}_h(t_{j+1})$ Fuente: elaboración propia.	65
3.23. estimación $\hat{I}_h(t_{j+1})$ Fuente: elaboración propia.	65
3.24. simulación de vectores susceptibles Fuente: elaboración propia.	66
3.25. Simulación de vectores susceptibles Fuente: elaboración propia.	67
3.26. Simulación de vectores susceptibles variando β_v Fuente: elaboración propia.	67
3.27. Simulación de vectores susceptibles variando β_v Fuente: elaboración propia.	67
3.28. Simulación de vectores susceptibles variando β_v Fuente: elaboración propia.	67
3.29. Simulación de vectores susceptibles variando β_v Fuente: elaboración propia.	68
3.30. Simulación de vectores susceptibles variando β_v Fuente: elaboración propia.	68
3.31. Simulación de vectores infectados variando β_v Fuente: elaboración propia.	69
3.32. Simulación de vectores infectados variando β_v Fuente: elaboración propia.	69
1. gráfica de la función $f(x)$. Fuente: elaboración propia.	88

LISTA DE TABLAS

	pág.
3.1. Variables de la base de datos Fuente: elaboración propia	39
3.2. valores de referencia para los parámetros del modelo de dengue Fuente: elaboración propia	41
3.3. Tasa de mortalidad de humanos. Fuente: elaboración propia.	42
3.4. Intervalos de estimación Fuente: elaboración propia	45
3.5. parámetros y valores iniciales Fuente: elaboración propia.	47
3.6. condiciones iniciales y parámetros para las simulaciones Fuente: elaboración propia	52

LISTA DE ANEXOS

	pág.
Anexo A. Fundamentos de Álgebra Lineal	77
Anexo B. Condiciones iniciales de un sistema bien planteado	81
Anexo C. Regresión no paramétrica	83
Anexo D. Ecuaciones de Wolfe	85
Anexo E. Preliminares teóricos de los métodos de optimización	86

RESUMEN

TÍTULO: UNA METODOLOGÍA DE ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS SOBRE MODELOS DE SISTEMAS DE ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS *

AUTOR: CHRISTIAN ILICH RAMÍREZ HERNÁNDEZ **

PALABRAS CLAVE: MODELO SIR-SI, MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS DETERMINISTAS, SIMULACIONES POR RUNGE-KUTTA, ESTIMACIÓN POR ACTUALIZACIÓN DE DATOS.

DESCRIPCIÓN:

En este trabajo, se presenta el modelo epidemiológico SIR, para posteriormente introducir el modelo de especial interés en este caso, el SIR-SI, comúnmente utilizado para modelar la dinámica de enfermedades con vectores, como el dengue. Se introducen los conceptos de métodos numéricos y de aproximación de las soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias, lo cual se utiliza para estimar los parámetros del modelo. Primero se implementan simulaciones, para establecer si la estimación es adecuada o no, luego se realiza esta estimación aplicada a los datos del dengue en el municipio de Bucaramanga. Al no encontrar valores que minimizan la suma de cuadrados del error plausibles, se propone la estimación de parámetros por el método de actualización de datos, determinando que uno de los parámetros es una variable aleatoria.

* Trabajo de grado

** Facultad de Ciencias. Escuela de Matemáticas. Director: Andrés Sebastián Ríos Gutiérrez, Candidato a Doctor.

ABSTRACT

TITLE: A METHODOLOGY FOR PARAMETER ESTIMATION IN MODELS OF SYSTEMS OF ORDINARY DIFFERENTIAL EQUATIONS. *

AUTHOR: CHRISTIAN ILICH RAMÍREZ HERNÁNDEZ **

KEYWORDS: SIR-SI MODEL, DETERMINISTIC EPIDEMIC MODELS, RUNGE-KUTTA SIMULATIONS, DATA UPDATED ESTIMATION.

DESCRIPTION:

In this thesis, the SIR epidemiological model is presented, and then the model of special interest in this case is introduced, the SIR-SI, commonly used to model the dynamics of vector-borne diseases, such as dengue. The concepts of numerical methods and approximation of solutions of ordinary differential equations are introduced, which are used to estimate the model parameters. First, simulations are implemented to establish whether the estimate is adequate or not. Then, this estimate is applied to the dengue data in the municipality of Bucaramanga. Since no plausible values are found by minimizing the sum of squares of the error, the parameter estimation is proposed using the data update method, determining that one of the parameters is a random variable.

* Bachelor Thesis

** Faculty of Science. School of Mathematics. Advisor: Andrés Sebastián Ríos Gutiérrez, Ph.D. Candidate.

INTRODUCCIÓN

El dengue (DEN) es una enfermedad viral perteneciente al género *Flavivirus*, caracterizada por ser de tipo endémico¹, en algunos países de América del Sur como Colombia, Ecuador, Perú y Brasil. La enfermedad es transmitida a los humanos principalmente mediante la picadura de un mosquito hembra infectado, perteneciente a la especie *Aedes aegypti*. Las autoridades de salud buscan la predicción del número de infectados del dengue por días². Para ello se han utilizado modelos basados en ecuaciones diferenciales ordinarias, como el modelo SIR-SI (ver^{3 4 y 5}). Este es un modelo paramétrico, es decir, su solución está determinada por sus parámetros, los cuales, desde el enfoque estadístico deben ser estimados. El objetivo de este trabajo es estimar los parámetros minimizando la suma de cuadrados del error con respecto a la población infectada, para lo cual es necesario:

- I Aproximar la solución del modelo para la población infectada, y,
- II Encontrar los parámetros que minimizan la función de pérdida, como la suma de cuadrados del error.

En este trabajo se estiman los parámetros mediante la función `optim` en lenguaje R⁶ utilizando el método L-BFGS⁷.

¹ Enfermedad que se da habitualmente, o en épocas fijas, en una zona.

² Organización Mundial de la Salud. *Dengue y dengue grave*. Enlace web: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>. 2024.

³ M. Ramírez-Soto et al. SIR-SI model with a Gaussian transmission rate: Understanding the dynamics of dengue outbreaks in Lima, Peru. En: *Plos one* 18.4 (2023), e0284263.

⁴ Farah Kristiani, Nor Azah Samat y Sazelli bin Ab Ghani. The SIR-SI model with age-structured human population for dengue disease mapping in Bandung, Indonesia. En: *Model Assisted Statistics and Applications* 12.2 (2017), págs. 151-161.

⁵ NA Samat y SH Mohd Imam Ma'arof. Disease mapping based on stochastic SIR-SI model for Dengue and Chikungunya in Malaysia. En: *AIP Conference Proceedings*. Vol. 1635. 1. American Institute of Physics. 2014, págs. 227-234.

⁶ R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2018.

⁷ Richard H Byrd et al. A limited memory algorithm for bound constrained optimization. En: *SIAM Journal on scientific computing* 16.5 (1995), págs. 1190-1208.

El caso de estudio es el dengue en el municipio de Bucaramanga, donde, entre 2023 y 2024 se registró un aumento significativo en los casos reportados semanalmente. Utilizando la base de datos de este municipio se presentan gráficos de los infectados y se procede a la estimación de los parámetros del modelo SIR-SI. En este trabajo se tiene que realizar un meta-análisis, es decir, tomar información disponible de diversa literatura médica, para determinar las tasas de transmisión y de recuperación, debido a que sólo se tienen los datos de infectados por dengue. Estadísticamente, esto quiere decir que se tiene más parámetros que información con la cual estos se pueden estimar. Este meta-análisis contribuye al ajuste de la tasa de transmisión de los mosquitos (vectores) con el fin de modelar adecuadamente la población de estos que es susceptible e infectada.

Se determina que el método de mínimos cuadrados ordinarios puede presentar un bajo ajuste con respecto a los datos. Esto se debe a que hace falta información sobre la población de mosquitos. En consecuencia, se propone un método no paramétrico de estimación para los datos de Bucaramanga: el método de actualización de datos ⁸.

⁸ Andrés Ríos-Gutiérrez, Soledad Torres y Viswanathan Arunachalam. An updated estimation approach for SEIR models with stochastic perturbations: Application to COVID-19 data in Bogotá. En: *Plos one* 18.8 (2023), e0285624.

1. El modelo SIR-SI

El modelado con ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) es fundamental para el estudio de enfermedades infecciosas, incluyendo aquellas transmitidas por vectores como el dengue o la malaria. Este enfoque permite analizar la dinámica de la infección, modelando cómo varían las poblaciones de susceptibles, infectados y recuperados con el tiempo. Además, facilita el estudio de las interacciones entre poblaciones humanas y de vectores, evaluando el impacto de intervenciones como campañas de vacunación o control de vectores. A través de este enfoque, se pueden identificar umbrales críticos para la transmisión de la enfermedad y hacer proyecciones sobre futuros brotes, lo que ayuda a las autoridades de salud a planificar respuestas adecuadas y tomar decisiones informadas en salud pública.

Este modelado se remonta al siglo XVIII, con los trabajos pioneros de Daniel Bernoulli ¹. En sus investigaciones Bernoulli propuso dividir a la población en dos grupos: **susceptibles** e **inmunes**. Esta clasificación básica sentó las bases para el desarrollo de modelos más complejos que permitirían comprender y predecir la propagación de enfermedades infecciosas. El sistema de EDO que determina el modelo de Bernoulli corresponde a:

$$\begin{aligned}\frac{du}{dt} &= -[\gamma(t) + \mu(t)]u, \\ \frac{dw}{dt} &= [1 - \beta(t)]\gamma(t)u(t) - \mu(t)w.\end{aligned}\tag{1.1}$$

donde se consideran las siguientes funciones:

$\beta(t)$:= Probabilidad de sobrevivir a la infección,

$1 - \beta(t)$:= Probabilidad de morir a causa de la enfermedad.

$\mu(t)$:= Tasa de mortalidad debido a todas las causas excepto a la infección,

$\gamma(t)$:= Tasa de susceptibles que se están infectando,

$w(t)$:= Probabilidad de que un individuo esté vivo y sea inmune en el tiempo t , y

$u(t)$:= Probabilidad de que un individuo recién nacido esté vivo y sea susceptible a la edad t ,

¹ Klaus Dietz y JAP Heesterbeek. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. En: *Mathematical biosciences* 180.1-2 (2002), págs. 1-21.

La figura 1.1 ilustra la dinámica de la enfermedad descrita por el modelo de Bernoulli.

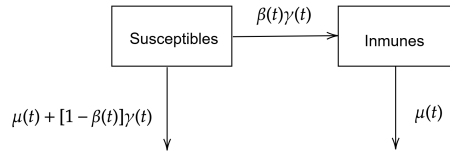


Figura 1.1: Modelo epidemiológico de Bernoulli.

Fuente: Klaus Dietz y JAP Heesterbeek. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. En:

Mathematical biosciences 180.1-2 (2002), págs. 1-21, pág. 5

En este modelo se distinguen dos poblaciones: la población susceptible y la población inmune. Sin embargo, este carece de información relevante como el comportamiento del número de personas que se recuperan. Por lo tanto, es necesario introducir un modelo que considere esta población, el cual es el modelo SIR.

1.1. Modelo SIR

Los modelos epidemiológicos se basan en dividir la población total en diferentes grupos o categorías, que se identifican a partir del estado de los individuos en relación a la enfermedad en cuestión ². En Kermack y Mckendrick ³ se define el modelo **SIR**, el cual está dividido en tres categorías:

- **Susceptibles** (S): individuos que no tienen inmunidad al agente infeccioso y pueden llegar a infectarse al tener contacto infeccioso.
- **Infectados** (I): individuos que están infectados y que pueden transmitir la enfermedad debido a contacto infeccioso con los susceptibles.
- **Removibles** (R): individuos que dejan de ser infectados, y por ende, pueden ser individuos que fallecen a causa de la enfermedad o que son aislados. Estos individuos no afectan la dinámica de transmisión cuando están en contacto con otras individuos

² Andrés Ríos-Gutiérrez, Soledad Torres y Viswanathan Arunachalam. An updated estimation approach for SEIR models with stochastic perturbations: Application to COVID-19 data in Bogotá. En: *Plos One* 18.8 (2023), e0285624.

³ MKAM Kermack y A Mckendrick. Contributions to the mathematical theory of epidemics. Part I. En: *Proc. r. soc. a* 115.5 (1927), págs. 700-721.

o han desarrollado inmunidad frente a la enfermedad, ya sea por tratamiento médico o por inmunidad propia.

Se denotan las categorías mencionadas por las letras S , I , y R , respectivamente⁴. Además, se asume que son mutuamente excluyentes⁵. En consecuencia, el tamaño total de la población, representado por $N(t)$, está determinado por la suma de los individuos en cada categoría en cada instante de tiempo t . La ecuación que representa esta relación es:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t), \text{ para todo } t \geq 0.$$

Se asume que después del contagio, el individuo se traslada del grupo de los susceptibles al de los infectados y posteriormente al grupo de los removibles³.

La ecuación que describe el modelo SIR corresponde a:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t), \end{aligned} \tag{1.2}$$

donde β y γ son respectivamente la tasa de transmisión y la de recuperación. En consecuencia, el tiempo de remoción es $\frac{1}{\gamma}$ ⁴. Las unidades de β se expresan en personas/unidad de tiempo, es decir, si el año 2023 se registraron 700 infectados, entonces la tasa de infección es de 700 personas/año o de 1,917808 personas/día⁶. Para un tiempo t determinado, si se conoce los datos de personas susceptibles, $S(t)$, y de infectados, $I(t)$, entonces el número de nuevos infectados resulta ser $\beta S(t)I(t)$, de ahí que el cambio en el número de susceptibles con respecto al tiempo ($dS(t)/dt$) corresponde a $-\beta S(t)I(t)$. El diagrama de flujo del modelo SIR está dado por:

⁴ Salvador Galindo Uribarri, Mario Alberto Rodríguez Meza y Jorge Luis Cervantes Cota. Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. En: *CIENCIA ergo-sum, Revista Científica Multidisciplinaria de Prospectiva* 20.3 (2013), págs. 238-246.

⁵ Por mutuamente excluyentes se entiende que un individuo solo puede pertenecer a un grupo de la población en un momento dado.

⁶ Ríos Gutiérrez Andrés Sebastián. *Modelos epidemiológicos estocásticos y su inferencia: casos SIS y SEIR*. 2018-11-08.

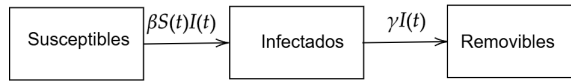


Figura 1.2: modelo epidemiológico SIR.
Fuente: elaboración propia.

En el modelo SIR no se distingue entre los individuos que se han recuperado frente a la enfermedad y aquellos que han fallecido a causa de esta Sebastián, *Modelos epidemiológicos estocásticos y su inferencia: casos SIS y SEIR*, Sección 2.2, pág. 33. De esta manera, se introduce el **modelo SIR con demografía** en el cual $R(t)$ denotará el número de individuos recuperados en el tiempo t , ya sea por acción del sistema inmunológico del paciente o por tratamiento médico. En consecuencia, los individuos removibles son separados en dos categorías: los recuperados y los individuos quienes han fallecido o han emigrado (han salido de la región de estudio bajo la epidemia). El sistema de EDO de este modelo corresponde a:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= \Lambda - \beta S(t)I(t) - \mu S(t) \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) - \mu R(t),
 \end{aligned}
 \tag{1.3}$$

donde $\frac{1}{\gamma}$ es el tiempo de recuperación, μ es la tasa de emigración y Λ es el número promedio de individuos que ingresan a la región de estudio por unidad de tiempo ⁴.

Los modelos epidemiológicos que involucran el uso de ecuaciones diferenciales ordinarias, como el modelo SIR, son **deterministas** ⁷, es decir, son modelos donde se tiene un comportamiento completamente predecible, basado en los parámetros y los valores iniciales, lo que conlleva a que se puede calcular exactamente el estado futuro del sistema sin incertidumbre (ver ⁸).

⁷ David F Anderson y SysBioM Seminar. Connections, similarities, and differences between stochastic and deterministic models of biochemical reaction systems. En: *Systems Biomedical Seminar*. 2014.

⁸ Paul K Rubenstein et al. From deterministic ODEs to dynamic structural causal models. En: *arXiv preprint arXiv:1608.08028* (2016).

1.2. El modelo SIR-SI

Algunas enfermedades como la malaria, el dengue, y el zika, son transmitidas a través de la picadura de un animal, en este caso un mosquito, que lleva el agente contagioso (virus, bacteria o parásito) conocido como un vector. En el caso del dengue, el mosquito vector es el *Aedes aegypti*⁹, originario de África. Esta enfermedad puede llegar a recorrer grandes distancias si una persona infectada entra en contacto con individuos sanos y los contagia. De esta manera, la alta prevalencia es por causa de los humanos infectados¹⁰.

Las enfermedades transmitidas por un vector son aquellas en donde existe transmisión indirecta entre los hospederos a los vectores y viceversa. El modelo epidemiológico más sencillo para considerar los hospederos es el modelo **SIR** y el modelo **SI** para los vectores¹¹.

En el modelo SIR-SI, se consideran las siguientes tasas de transmisión: β_h para la transmisión de vector a humano y β_v para la transmisión de un humano a un vector.

La tasa de recuperación de los humanos se denota por γ_h , mientras que la tasa de mortalidad general¹² se representa por μ_h . La tasa de mortalidad por infección del dengue se denota como μ . También se considera la tasa de mortalidad de los vectores denotada por μ_v . λ corresponde el número de nuevos vectores que ingresan a la región bajo la epidemia.

Así, se obtiene el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales correspondiente al **modelo SIR-SI**:

⁹ Oliver J Brady et al. Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus. En: *PLoS Negl Trop Dis*. 8 (2012).

¹⁰ Zhilan Feng y Jorge X Velasco-Hernández. Competitive exclusion in a vector-host model for the dengue fever. En: *Journal of mathematical biology* 35 (1997), págs. 523-544.

¹¹ Li-Ming Cai, Xue-Zhi Li y Zhaoqiang Li. Dynamical behavior of an epidemic model for a vector-borne disease with direct transmission. En: *Chaos, Solitons & Fractals* 46 (2013), págs. 54-64.

¹² Es decir, debida a otras causas diferentes a la enfermedad con dinámica por un vector.

$$\begin{aligned}
\frac{dS_h(t)}{dt} &= \Lambda - \mu_h S_h(t) - \beta_h S_h(t) I_v(t) \\
\frac{dI_h}{dt} &= \beta_h S_h(t) I_v(t) - (\mu_h + \gamma) I_h(t) - \mu I_h(t) \\
\frac{dR_h}{dt} &= \gamma I_h(t) - \mu_h R_h(t) \\
\frac{dS_v}{dt} &= \lambda - \mu_v S_v(t) - \beta_v S_v(t) I_h(t) \\
\frac{dI_v}{dt} &= \beta_v S_v(t) I_h(t) - \mu_v I_v(t).
\end{aligned} \tag{1.4}$$

Los siguientes valores en el sistema EDO se interpretan como:

1. Λ representa la tasa de nuevos individuos susceptibles por unidad de tiempo.
2. $\beta_h S_h(t) I_v(t)$ indica el número de infectados de $S_h(t)$ picados por I_v mosquitos infectados.
3. $\gamma I_h(t)$ denota el número de recuperados de $I_v(t)$ infectados.

Otra hipótesis del modelo consiste en asumir que la tasa de recuperación tras la infección es igual para las cuatro variantes del dengue ¹³. Por otro lado, de acuerdo con ¹⁴, el tiempo promedio de vida de un mosquito *Aedes Aegypti* es de aproximadamente 37 días, por lo que la tasa de recuperación, $1/37\text{días}^{-1}$, es muy cercana a cero. Por está razón no se considera la tasa recuperación de los mosquitos en el modelo, y por consiguiente, no se toma la población recuperada de mosquitos.

El diagrama de flujo del modelo SIR-SI está determinado por la siguiente figura:

¹³ Samir Bhatt et al. The global distribution and burden of dengue. En: *Nature* 496.7446 (2013), págs. 504-507.

¹⁴ Mohamed M Sowilem, Hany A Kamal y Emad I Khater. Life table characteristics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Saudi Arabia. En: (2013).

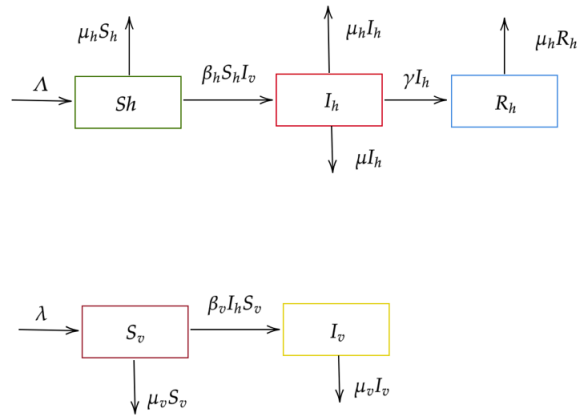


Figura 1.3: modelo epidemiológico SIR-SI.
Fuente: elaboración propia.

2. Métodos numéricos y estadísticos

Una vez se identifica el sistema de EDO para modelar una epidemia transmitida por un vector, es importante realizar la estimación de parámetros, los cuales en el modelo SIR-SI corresponden a $\Lambda, \beta_h, \gamma, \mu_h, \mu, \lambda, \beta_v$ y μ_v en la ecuación 1.4. Para ello se minimiza la *suma de cuadrados del error* definida como

$$\sum_{i=1}^n (I_h(t_i) - \phi_I(t_i))^2, \quad (2.1)$$

donde $I_h(t_i)$ son los datos del número de infectados humanos por dengue en el tiempo t_i y $\phi_I(t_i)$ denota la solución del modelo a implementar, es decir, del modelo SIR-SI (ecuación 1.4). Los valores de t_i , con $i = 1, \dots, n$, corresponden a los tiempos donde se tienen los datos del número de infectados de dengue. Como no se conocen las soluciones teóricas, es decir, las soluciones explícitas el sistema EDO 1.4, se toma la suma de cuadrados del error dada por

$$\text{SCE} = \sum_{i=1}^n \left(I_h(t_i) - \hat{\phi}_I(t_i) \right)^2, \quad (2.2)$$

donde $\hat{\phi}_I(t_i)$ es la solución aproximada por algún método numérico para EDO. En este capítulo se abordan los siguientes ítems:

- *Métodos numéricos para EDO* para encontrar la solución aproximada del número de infectados, es decir, los valores de $\hat{\phi}_I(t_i)$ con $i = 1, \dots, n$.
- *Métodos de optimización* para minimizar la función de pérdida dada por la suma de cuadrados del error, es decir, la ecuación 2.2.

2.1. Aproximación de soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias

Se requiere resolver un sistema de ecuaciones diferenciales de primer orden asociado a la epidemia transmitida por un vector, es decir, resolver un sistema que se escribe como

$$\frac{dy_1}{dt} = f_1(t, y_1, y_2, \dots, y_n),$$

$$\begin{aligned}\frac{dy_2}{dt} &= f_2(t, y_1, y_2, \dots, y_n), \\ &\vdots \\ \frac{dy_n}{dt} &= f_n(t, y_1, y_2, \dots, y_n),\end{aligned}$$

con $a \leq t \leq b$, sujeto a las condiciones iniciales

$$y_1(a) = \alpha_1, y_2(a) = \alpha_2, \dots, y_n(a) = \alpha_n.$$

Para ello, se recuerda cómo estimar la solución del sistema de ecuaciones dado el problema de valor inicial utilizando el método de Euler, la cual es una de las técnicas más elementales que para aproximar las soluciones. A partir de este método se define el de Runge-Kutta, utilizado para estimar la solución de cada una de las poblaciones en el modelo SIR-SI. El siguiente desarrollo se realiza para definir el método de Euler:

Sea el problema de valor inicial dado por la función vectorial f , definida por:

$$y'(x) = f(t, y), \quad a \leq t \leq b, \quad y(a) = \alpha,$$

tomando n puntos t_i equidistantes en el intervalo $[a, b]$, con el propósito de facilitar los cálculos, controlar el error numérico y la dificultad computacional, se establece que:

$$t_i = a + ih, \text{ para todo } i \in \{0, 1, 2, \dots, n-1\},$$

con $h = \frac{b-a}{n} = t_{i+1} - t_i$. Suponiendo que la solución de la ecuación diferencial $y(t)$ tiene dos derivadas continuas en el intervalo $[a, b]$, al aplicar el teorema de Taylor se obtiene:

$$y(t_{i+1}) = y(t_i) + (t_{i+1} - t_i)y'(t_i) + \frac{(t_{i+1} - t_i)^2}{2}y''(\zeta_i),$$

para algún ζ_i en el intervalo (t_i, t_{i+1}) . Por otra parte, dado que $\frac{dy}{dt} = f(t, y)$, entonces:

$$y(t_{i+1}) = y(t_i) + hf(t_i, y(t_i)) + \frac{h^2}{2}y''(\zeta_i). \quad (2.3)$$

Definición 2.1.1. *El método de Euler aproxima la solución de la (EDO) por $w_i \approx y(t_i)$*

mediante la ecuación:

$$w_0 = \alpha,$$
$$w_{i+1} = w_i + h \cdot f(t_i, w_i), \forall i \in \{0, 1, \dots, n-1\}.$$

Para definir el método de Runge Kutta de orden 4 se realiza el siguiente desarrollo: Se considera el problema de valor inicial dado por:

$$y'(x) = f(t, y), \quad a \leq t \leq b, \quad y(a) = \alpha,$$

con el fin de simplificar la notación en los cálculos al aproximar la ecuación diferencial ordinaria, se introducen los valores k_1, k_2, k_3, k_4 , los cuales se determinan de la siguiente manera:

$$\text{Sea } h = \frac{b-a}{n},$$
$$w_0 = \alpha,$$
$$k_1 = hf(t_i, w_i),$$
$$k_2 = hf\left(t_i + \frac{h}{2}, w_i + \frac{1}{2}k_1\right),$$
$$k_3 = hf\left(t_i + \frac{h}{2}, w_i + \frac{1}{2}k_2\right),$$
$$k_4 = hf(t_{i+1}, w_i + k_3),$$
$$w_{i+1} = w_i + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4).$$

donde w_i es la aproximación de la (EDO) en el punto t_i . Se define el método por:

Definición 2.1.2. ¹ La aproximación por el **método RK4 de Runge Kutta de orden 4** corresponde a la ecuación:

$$w_{i+1} = w_i + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4).$$

Una vez se asume que el problema de valor inicial para el dengue está bien planteado

¹ Richard L Burden y J Douglas Faires. *Numerical analysis*. Brooks Cole, 1997.

(ver el anexo 2), se utiliza RK4 para aproximar numéricamente la solución del modelo SIR-SI. El desarrollo para determinar los valores k_1, k_2, k_3 y k_4 se presenta detalladamente en ¹. A continuación, se observa el algoritmo del método.

Por otra parte, se asume que $\|\nabla f(x)\| > \epsilon$, con el fin de garantizar la estabilidad del método.

Entradas:

- Extremos del intervalo, es decir $a = t_0$ y $b = t_n$,
- Número de puntos a considerar n
- La condición inicial sobre la función a trabajar, el valor de α .

mientras que se cumpla $\|\nabla f(x)\| > \epsilon$;

Calcule

$$h = \frac{(t_n - t_0)}{n},$$

For $i = 1, 2, \dots, n$

Calcular

$$\begin{aligned}k_1 &= h \cdot f(t_0, \alpha), \\k_2 &= h \cdot f\left(t_0 + \frac{h}{2}, \alpha + \frac{1}{2}k_1\right), \\k_3 &= h \cdot f\left(t_0 + \frac{h}{2}, \alpha + \frac{1}{2}k_2\right), \\k_4 &= h \cdot f(t_0 + h, \alpha + k_3), \\w_{i+1} &= w_i + \frac{(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)}{6}, \\t &= a + ih,\end{aligned}$$

print w_{n+1}

end(for)

Este método inicia la aproximación de la solución en la condición inicial $w_0 = \alpha$. Posteriormente, con pequeños incrementos dados por la longitud de cada paso h y mediante cuatro cálculos intermedios, dados por k_1, k_2, k_3 y k_4 , se mejora la precisión de la aproximación

para el siguiente paso w_i .

El paquete `deSolve` en lenguaje R⁶, ofrece la función `ode`², que permite resolver sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO). Esta función utiliza diferentes métodos numéricos, entre los cuales se incluye el método RK4. En este lenguaje se utiliza por defecto que $\epsilon = 1 \times 10^{-8}$. La implementación se muestra en el siguiente ejemplo:

Ejemplo 2.1.3. *Sea un modelo poblacional representado por el siguiente problema de valor inicial:*

$$\frac{dP}{dt} = kP, P(0) = 1000,$$

donde $k = 0,05$, y $P(t)$ representa la población en el instante de tiempo t en días. Para aproximar la solución de esta ecuación diferencial se puede utilizar el paquete **deSolve** de la siguiente manera:

```
library(ggplot2)
library(deSolve)
ODE = function(t,y,parms){
  with(as.list(c(y,parms)),{
    dydt= k*y
    return(list(c(dydt)))
  })
}
k=0.05
y=1000
init= c(y=y)
parms = c(k = k)
t=seq(0,53,1)
out = ode(y=init, times=t,func= ODE, parms=parms,method = "rk4")
head(out)
plot(out[,1],out[,2], type="l",xlab= "Tiempo",
      ylab= "Poblacion total")
```

² Karlne Soetaert, Thomas Petzoldt y R. Woodrow Setzer. Solving Differential Equations in R: Package `deSolve`. En: *Journal of Statistical Software* 33.9 (2010), págs. 1-25. DOI: 10.18637/jss.v033.i09.

Cuya gráfica obtenida corresponde a la figura 2.1.

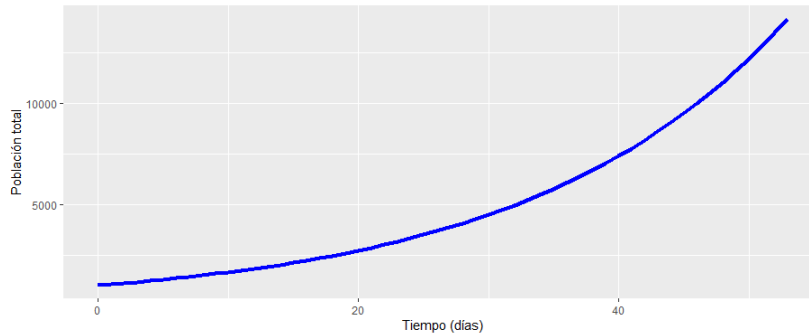


Figura 2.1: solución al problema de valor inicial
Fuente: elaboración propia

2.2. Métodos de optimización

En esta sección, se explica el algoritmo iterativo para minimizar una función $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$. El algoritmo se define de manera recursiva por:

$$x_{k+1} = \phi(x_1, x_2, \dots, x_k), \quad x_i \in \mathbb{R}^n, \quad (2.4)$$

de tal forma que la sucesión $\{x_k\}$ converge al minimizador de la función f dentro del conjunto Ω , lo cual se expresa como

$$\lim_{k \rightarrow \infty} f(x_k) = \min_{x \in \Omega} f(x).$$

Para minimizar una función $f(x)$, generalmente se consideran sus puntos críticos, es decir, aquellos puntos en los cuales $f'(x) = 0$. Por lo tanto, minimizar una función se reduce a encontrar raíces de funciones. Uno de los algoritmos iterativos más conocidos para encontrar raíces de funciones es el método de Newton o el método de Newton-Raphson. Este método se emplea para calcular las raíces de una función real $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$, y así encontrar los valores de x que satisfacen la ecuación $f(x) = 0$. El método se basa en la idea de aproximar la función f mediante polinomios de Taylor de segundo orden.

Considere $f \in C^2[a, b]$ (esto es, existen $f(x)$, $f'(x)$ y $f''(x)$ en $[a, b]$) y sea el punto inicial $p_0 \in [a, b]$ con $f(p_0) \neq 0$. Este es el punto a partir del cual se aplica el método iterativo. Una aproximación a la raíz p se define a partir de la sucesión $\{p_n\}_{n=0}^{\infty}$ dada por

$$p_n = p_{n-1} - \frac{f(p_{n-1})}{f'(p_{n-1})}, \text{ para } n \geq 1.$$

Es adecuado tomar el valor inicial cercano a la raíz p , para garantizar que la aproximación sea precisa y sobre todo, que el método converja. Para minimizar una función $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$, se requiere que f sea dos veces continuamente diferenciable y usando la expansión de Taylor centrada en x_k , se obtiene el método de Newton que de hecho sigue una ecuación recursiva, como en la expresión 2.4, la cual viene dada por:

$$f(x) \approx f(x_k) + (x - x_k)^T g_k + \frac{1}{2}(x - x_k)^T \mathbf{H}(x_k)(x - x_k),$$

donde $g_k = \nabla f(x_k)$ y \mathbf{H} es la matriz Hessiana. La definición de esta matriz se puede consultar en el anexo 5 (página 86).

El Teorema 2.2.1 es de gran importancia, pues garantiza que los puntos x_k obtenidos con el método de Newton satisfacen la propiedad de descenso, es decir, $f(x_{k+1}) \leq f(x_k)$. En caso tal de tener $f(x_{k+1}) = f(x_k)$, se ha alcanzado un punto en el que la derivada es cero o se aproxima a cero. Esto indica que x_k está cercano a un mínimo, máximo o punto de silla.

Teorema 2.2.1. *Sea $\{x_k\}$ la sucesión generada por el método de Newton para minimizar una función $f(x)$. Si la matriz Hessiana $\mathbf{H}(x) > 0$, ver Definición (0.11), y $g_k = \nabla f(x_k) \neq 0$, entonces la dirección*

$$d_k = -\mathbf{H}(x_k)^{-1} \nabla f(x_k) = x_{k+1} - x_k,$$

es una dirección de descenso para f . Entonces existe $\bar{\alpha} > 0$ tal que para todo $\alpha \in (0, \bar{\alpha})$, se tiene

$$f(x_k + \alpha d_k) < f(x_k).$$

El algoritmo de Newton consiste en minimizar utilizando de manera iterativa que:

$$d_k = -\mathbf{H}(x_k)^{-1} \cdot \nabla f(x_k)$$

$$= - \left(\begin{pmatrix} \frac{\partial^2 f(x_k)}{\partial x_1^2} & \dots & \frac{\partial^2 f(x_k)}{\partial x_n \partial x_1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial^2 f(x_k)}{\partial x_1 \partial x_n} & \dots & \frac{\partial^2 f(x_k)}{\partial x_n^2} \end{pmatrix} \right)^{-1} \cdot \begin{bmatrix} \frac{\partial f(x_k)}{\partial x_1} \\ \frac{\partial f(x_k)}{\partial x_2} \\ \vdots \\ \frac{\partial f(x_k)}{\partial x_n} \end{bmatrix},$$

Dado que el método de Newton no garantiza convergencia a una solución desde un punto arbitrario x_0 para una función objetivo $f(x)$ que no sea lineal, se debe considerar que, en el caso de una función cuadrática, es crucial identificar la ubicación del vértice de la parábola ya que para valores cercanos a este la derivada de la función es cero, lo que impediría que el método de Newton calcule la siguiente iteración. Además, el algoritmo podría no poseer la propiedad de descenso, lo que significa que no se garantiza que el valor de la función $f(x)$ disminuya en cada iteración. Sin embargo, cuando se cumple la propiedad de descenso, es decir, $f(x_k) \geq f(x_{k+1})$ con $x_{k+1} > x_k$, el algoritmo se aproxima progresivamente al mínimo local de la función $f(x)$.

Se presenta el siguiente desarrollo para definir los métodos **DFP**, **BFGS** y el método **CG**, a partir de los cuales se establece posteriormente el método **L-BFGS**. Este último es empleado por defecto en lenguaje R mediante la función `optim` del paquete `stats` instalado por defecto en lenguaje R ⁶.

Considere la modificación para obtener los puntos x_{k+1} dada por:

$$x_{k+1} \approx x_k - \alpha_k \mathbf{H}(x_k)^{-1} g_k,$$

donde $\alpha_k = \arg \min_{\alpha > 0} f(x_k - \alpha \mathbf{H}(x_k)^{-1} g_k)$ y $g_k = \nabla f(x_k)$. Esta modificación, junto con el teorema (2.2.1), asegura que el método de Newton con esta actualización cumple la propiedad de descenso.

Con el fin de evitar el cálculo de la inversa de la matriz Hessiana $\mathbf{H}(x_k)^{-1}$, para resolver el sistema $\mathbf{H}(x_k) d_k = -g_k$ con respecto a d_k , los métodos cuasi-Newton utilizan una aproximación de la inversa de la matriz Hessiana representada como \mathbf{H}_k , la cual es definida positiva (ver definición .0.11). Esta aproximación reduce significativamente el costo computacional. De esta manera, se obtiene:

$$x_{k+1} \approx x_k - \alpha \mathbf{H}_k g_k, \tag{2.5}$$

donde α es un parámetro positivo de búsqueda y \mathbf{H}_k es la aproximación utilizada en cada iteración del método. Las aproximaciones $\mathbf{H}_0, \mathbf{H}_1, \dots$, corresponden a la estimación de la inversa de la matriz Hessiana para x_0, x_1, \dots , respectivamente.

Se determinan ahora las condiciones sobre las aproximaciones de la Hessiana para desarrollar los algoritmos cuasi-Newton: en el caso en el que la función objetivo $f(x)$ sea una forma cuadrática (para más detalle, ver definición (.0.9) en el anexo 1), su la matriz Hessiana está dada por $\mathbf{H}(x) = Q$, tal que $Q = Q^T$. Por lo tanto, se tiene que:

$$g_{k+1} - g_k = Q \cdot (x_{k+1} - x_k),$$

Notacionalmente se escribe $g_{k+1} - g_k := \Delta g_k$ y $x_{k+1} - x_k := \Delta x_k$, por lo tanto,

$$Q \cdot \Delta x_k = \Delta g_k. \quad (2.6)$$

Multiplicando por izquierda la ecuación (2.6) por la matriz Q^{-1} , se encuentra que

$$\Delta x_i = Q^{-1} \Delta g_i, \quad 0 \leq i \leq k. \quad (2.7)$$

Por lo tanto, la aproximación \mathbf{H}_{k+1} , debe satisfacer la condición de la ecuación (2.7), es decir,

$$\Delta x_i = \mathbf{H}_{k+1} \Delta g_i, \quad 0 \leq i \leq k.$$

De manera alternativa, se puede aproximar directamente la matriz Hessiana de la función objetivo, asumiendo que la matriz B_{k+1} es dicha aproximación. De acuerdo con la ecuación (2.6), se debe cumplir que:

$$B_{k+1} \Delta x_i = \Delta g_i, \quad 0 \leq i \leq k. \quad (2.8)$$

Entre los métodos existentes para actualizar con cada iteración la matriz \mathbf{H}_k , no siempre se tiene que para todo valor k dicha aproximación sea definida positiva de modo que Davidon, Fletcher y Powell en ³ desarrollaron el algoritmo **DFP**.

Definición 2.2.2. *La aproximación de la matriz Hessiana inversa mediante el método **DFP***

³ William Davidon. Variable metric method for minimization. En: *SIAM Journal on optimization* 1.1 (1991), págs. 1-17.

está dada por:

$$\mathbf{H}_{k+1} \approx \mathbf{H}_k + \frac{\Delta x_k \Delta x_k^T}{\Delta x_k^T \Delta g_k} - \frac{[\mathbf{H}_k \Delta g_k][\mathbf{H}_k \Delta g_k]^T}{\Delta g_k^T \mathbf{H}_k \Delta g_k}. \quad (2.9)$$

Es posible probar que si la matriz \mathbf{H}_k es definida positiva y cuando $g_k \neq 0$, entonces la iteración \mathbf{H}_{k+1} dada por la ecuación (2.9) también es definida positiva de acuerdo con Edwin KP Chong, Wu-Sheng Lu y Stanislaw H Zak. *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*. John Wiley & Sons, 2023, teorema 11.4, pág. 169.

El método definido en la Definición 2.2.2, presenta limitaciones, lo que conlleva a la necesidad de crear un algoritmo de memoria limitada para la optimización sin restricciones, especialmente para problemas de gran escala. Para estos problemas, Broyden, Fletcher, Goldfarb y Shanno desarrollaron el método **BFGS** a partir de las ecuaciones (2.7), (2.8) y de las aproximaciones del método **DFP** en la ecuación (2.9).

Definición 2.2.3. Se define la aproximación de la matriz Hessiana del método **BFGS** por

$$\mathbf{B}_{k+1} = \mathbf{B}_k + \frac{\Delta g_k \Delta g_k^T}{\Delta g_k^T \Delta x_k} - \frac{[\mathbf{B}_k \Delta x_k][\mathbf{B}_k \Delta x_k]^T}{\Delta x_k^T \mathbf{B}_k \Delta x_k}. \quad (2.10)$$

Por otra parte, el método **BFGS** para la aproximación de la matriz Hessiana inversa consiste en tomar la inversa de la matriz \mathbf{B}_{k+1} .

$$\begin{aligned} \mathbf{H}_{k+1}^{\text{BFGS}} &= (\mathbf{B}_{k+1})^{-1} \\ &= \left(\mathbf{B}_k + \frac{\Delta g_k \Delta g_k^T}{\Delta g_k^T \Delta x_k} - \frac{[\mathbf{B}_k \Delta x_k][\mathbf{B}_k \Delta x_k]^T}{\Delta x_k^T \mathbf{B}_k \Delta x_k} \right)^{-1}. \end{aligned}$$

Usando la fórmula de Scherman-Morrison, como se detalla en ⁴, se obtiene explícitamente la siguiente expresión para la aproximación de la matriz Hessiana inversa en el método **BFGS**.

Definición 2.2.4. Se define la aproximación de la matriz Hessiana inversa del método

⁴ Stephen J Wright. *Numerical optimization*. 2006.

BFGS por:

$$\mathbf{H}_{k+1}^{\text{BFGS}} = \mathbf{H}_k + \left(1 + \frac{\Delta g_k^T \mathbf{H}_k \Delta g_k}{\Delta g_k^T \delta x_k}\right) \frac{\Delta x_k \Delta x_k^T}{\Delta x_k^T \Delta g_k} - \frac{\mathbf{H}_k \Delta g_k \Delta x_k^T + (\mathbf{H}_k \Delta g_k \Delta x_k^T)^T}{\Delta g_k^T \Delta x_k}. \quad (2.11)$$

De esta manera el algoritmo BFGS aproxima los valores máximos o mínimos mediante la igualdad $x_{k+1} \approx x_k - \alpha_k \mathbf{H}_{k+1}^{\text{BFGS}} g_k$, el correspondiente razonamiento se puede consultar en Chong, Lu y Zak, *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*, capítulo 11.2, pág. 160.

Para realizar la implementación del método **BFGS** se sigue el procedimiento descrito en Wright, *Numerical optimization*, Capítulo 6, pág. 140.

Entradas: un punto inicial x_0 , una tolerancia $\epsilon > 0$, una aproximación de la matriz Hessiana inversa H_0 ;

$k \leftarrow 0$;

while $\|\nabla f(x)\| > \epsilon$;

Calcular la dirección de búsqueda:

$$d_k = -H_k \nabla f_k,$$

$$x_{k+1} = x_k + \alpha_k d_k.$$

Definir

$$s_k = x_{k+1} - x_k,$$

$$y_k = \nabla f_{k+1} - \nabla f_k.$$

Seguendo la ecuación (2.11), calcular

$$H_{k+1}^{\text{BFGS}}.$$

$k \leftarrow k + 1$;

repeat.

end(while)

Salida: $x^* = x_{k+1}$, el punto que minimiza la función $f(x)$.

En la práctica, se suelen encontrar ecuaciones a minimizar con miles de variables; sin embargo, se debe tener en cuenta el costo computacional al resolver este tipo de problemas. Una forma de abordar esto es buscar generalizar resultados para cierta clase de problemas o intentar reducir las operaciones requeridas por el computador. De esta manera, se construye el algoritmo de gradiente conjugado (CG), el cual tiene las siguientes ventajas sobre el algoritmo BFGS:

1. No requiere evaluar matrices Hessianas.
2. No es necesario almacenar una matriz de tamaño $n \times n$ en la memoria del computador.

Se dice que este método es "libre de Hessianas", ya que en el algoritmo no se busca el cálculo explícito de estas. En su lugar, se resuelve el sistema

$$\mathbf{H}(x_k)d_k = -g_k = -\nabla f(x_k),$$

donde d_k una dirección de búsqueda. Para más detalle se puede consultar Chong, Lu y Zak, *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*, Capítulo 10.3 y Wright, *Numerical optimization*, Capítulo 5.

A continuación se hace una deducción del método CG, el cual se utiliza para minimizar la **SCE**. Esta función está representada de la forma:

$$f(x) = \frac{1}{2}x^T Qx - x^T b, \quad x \in \mathbb{R}^n,$$

tal que Q es una matriz simétrica definida positiva. En la **SCE** $Q = I_n$ (matriz identidad de $n \times n$) y $x = (I_h(t_1) - \phi_I(t_1), \dots, I_h(t_n) - \phi_I(t_n))^T$ en la ecuación 2.1.

Dado un punto inicial x_0 , se toma la siguiente dirección de búsqueda

$$d_0 = -g_0 = -\nabla f(x_0).$$

Así, se tiene que para

$$\alpha_0 = \arg \min_{\alpha > 0} f(x_0 + \alpha d_0) = -\frac{g_0^T d_0}{d_0^T Q d_0},$$

se define

$$x_1 = x_0 + \alpha_0 d_0.$$

De manera general, en el paso $k + 1$, la forma de elegir la dirección de búsqueda es mediante la fórmula recursiva que depende de los valores d_k y g_{k+1} , las cuales vienen dadas por:

$$d_{k+1} = -g_{k+1} + \beta_k d_k, \quad k = 0, 1, 2, \dots,$$

con β_k establecido por:

$$\beta_k = \frac{g_{k+1}^T Q d_k}{d_k^T Q d_k}.$$

Así, se tiene la definición para el método CG está dada por:

Definición 2.2.5. *Se define la aproximación del mínimo de la función f por el método de gradiente conjugado (CG) por:*

$$x_{k+1} = x_k + \alpha_k d_k, \tag{2.12}$$

con $\alpha_k = -\frac{g_k^T d_k}{d_k^T Q d_k}$.

El algoritmo de este método se escribe como:

Entradas: Un punto inicial x_0 , Q una matriz simétrica y definida positiva asociada a f , b (el vector columna de tamaño n);

$k \leftarrow 0$;

calcular:

$$g_0 = \nabla f(x_0);$$

si $g_0 \neq 0$

$$d_0 = -g_0;$$

Calcular:

$$\alpha_k = -\frac{g_k^T d_k}{d_k^T Q d_k};$$

$$x_{k+1} = x_k + \alpha_k d_k;$$

$$g_{k+1} = \nabla f(x_{k+1});$$

si $g_{k+1} = 0$, **stop**.

$$\beta_k = \frac{g_{k+1}^T Q d_k}{d_k^T Q d_k};$$

$$d_{k+1} = -g_{k+1} + \beta_k d_k;$$

$k \leftarrow k + 1$

repeat.

Salida: $x^* = x_{k+1}$, el punto que minimiza la función f .

El método L-BFGS reduce el costo computacional asociado con el calculo de la matriz Hessiana. En lugar de calcular directamente la matriz de $n \times n$ entradas, en este método se aproxima n vectores de longitud n . De este modo, es posible obtener las entradas de la matriz Hessiana de la forma más eficiente. Además, se incorporan m vectores s_k y y_k , para los cuales el máximo o mínimo están más próximos. Estos vectores se obtienen utilizando inicialmente el método **BFGS** (ver la Definición 2.2.4).

Se define la aproximación de la matriz $\mathbf{H}(x_k)^{-1}$, mediante \mathbf{H}_k^0 dada por

$$\mathbf{H}_k^0 = \gamma_k I_n, \quad (2.13)$$

donde I_n es la matriz identidad y γ_k es la dirección de búsqueda más cercana ⁴, la cual está dada por:

$$\gamma_k = \frac{s_{k-1}^T y_{k-1}}{y_{k-1}^T y_{k-1}}.$$

El escalar γ_k depende a su vez de los valores obtenidos en cada iteración. Este permite establecer la longitud de paso $\alpha_k = 1$ en más iteraciones lo cual hace aún más evidente la diferencia con el método **CG**, el cual se actualiza con cada iteración Wright, *Numerical optimization*, Capítulo 7, pág. 178.

Definición 2.2.6. Se define la aproximación del valor mínimo de la función f mediante el método **L-BFGS** se define como:

$$x_{k+1} \approx x_k - \alpha_k \mathbf{H}_k^0 \nabla f_k,$$

donde α_k es la longitud del paso y \mathbf{H}_k^0 está definido por la ecuación 2.13.

El algoritmo del método está determinado por:

Entradas: Un punto inicial x_0 , un entero $m > 0$;

$$q \leftarrow \nabla f_k;$$

De acuerdo con la ecuación 2.13, definir la matriz \mathbf{H}_k^0 ;

Calcular:

$$\rho_k \leftarrow -\mathbf{H}_k^0 \nabla f_k;$$

Considerando α_k , como en las ecuaciones de Wolfe (ver el anexo 4);

$$x_{k+1} \leftarrow x_k + \alpha_k \rho_k;$$

if $k > m$

Descartar los vectores $\{s_{k-m}, y_{k-m}\}$ del almacenamiento y calcular:

$$s_k \leftarrow x_{k+1} - x_k;$$

$$y_k = \nabla f_{k+1} - \nabla f_k;$$

$$k \leftarrow k + 1;$$

repeat

until convergence.

Salida: $x^* = x_{k+1}$, el punto que minimiza la función $f(x)$.

2.3. Regresión no paramétrica

La regresión tiene un papel muy importante en la estadística y análisis de datos ya que busca explicar la relación que tienen algunas variables explicativas con la variable respuesta. De este modo, un modelo de regresión, en el cual la variable respuesta se denota como Y , y la variable regresora como X , está representado por la siguiente expresión:

$$Y = m(X) + \epsilon, \quad (2.14)$$

donde m es una función de suavización desconocida y ϵ es el error de regresión con media cero. Una de las principales ventajas de este enfoque es la facilidad con la que se puede interpretar la función m , lo que permite una mejor comprensión de la relación entre las variables.

Una generalización del modelo presentado en la ecuación (2.14), es el modelo de **regresión con interacciones factor-curva**. En ese tipo de modelos la relación entre la respuesta y las covariables puede variar según los niveles de una variable categórica F . Para más detalles sobre este enfoque, véase ⁵. Para estudiar el efecto de F en la respuesta se considera el siguiente modelo de regresión no paramétrico que incluye interacciones:

$$Y = f_0(X) + \begin{cases} f_1(X) + \epsilon_1 \text{ si } F = 1, \\ f_2(X) + \epsilon_2 \text{ si } F = 2, \\ \vdots \\ f_M(X) + \epsilon_M \text{ si } F = M, \end{cases} \quad (2.15)$$

donde $\epsilon_1, \epsilon_2, \dots, \epsilon_M$ son las variables aleatorias de los errores con media cero. La función f_0 representa el efecto global de X en la respuesta, mientras que f_l para $l = \{2, \dots, M\}$, es el efecto específico de X asociado con el l -ésimo nivel del factor F . El modelo de regresión factor-curva descrito en (2.15), se estima utilizando funciones polinómicas. Dada una muestra $\{X_i, F_i, Y_i\}_{i=1}^n$ de observaciones independientes, y considerando observaciones en todos los niveles de F , la estimación de f_0 en un punto x corresponde a $\hat{f}_0 = \hat{\alpha}_0(x)$, siendo $\hat{\alpha}_0$ la primera posición del vector $(\hat{\alpha}_0(x), \hat{\alpha}_1(x), \dots, \hat{\alpha}_K(x))$, el cual corresponde al vector que minimiza

$$\sum_{i=1}^n \left(Y_i - \sum_{r=0}^{\mathcal{K}} \alpha_r (x_i - x)^r \right)^2 K \left(\frac{X_i - x}{h_0} \right), \quad (2.16)$$

donde K es una función Kernel (es decir, una función de densidad de probabilidad simétrica), h_0 es el parámetro suavizado o el ancho de banda, y \mathcal{K} es el grado del

⁵ Trevor J Hastie. Generalized additive models. En: *Statistical models in S*. Routledge, 2017, págs. 249-307.

polinomio. Para más detalles, se puede consultar ⁶. El factor en este trabajo corresponde a cada uno de los tiempos para los cuales se tienen los datos de casos de dengue, es decir, el número de niveles del factor es el número de datos.

En este trabajo se pretende encontrar una curva que se ajuste a los datos presentados en la figura (3.1), sin embargo, debido a la gran presencia de picos y de valles que presentan los datos se aborda un enfoque no paramétrico ⁷, donde $Y =$ “Número de casos de dengue”, que depende de la variable X la cual denota el tiempo donde se tiene información de los casos de dengue, es decir:

$$Y = \phi(X) + \epsilon, \quad (2.17)$$

tal que ϵ corresponde el error del modelo de regresión.

La derivada de este modelo, es decir, $Y' = \phi'(X)$, representa la tasa de cambio de los casos de dengue con respecto al tiempo en un momento dado. Por ende, si dicha razón es positiva, implica que hay aumento en los casos de dengue, y si es negativa, indicaría una disminución. La ecuación de la derivada no paramétrica corresponde a:

$$\phi'(x) = \sum_{r=0}^{\kappa} r\alpha_r(x_i - x)^{r-1}. \quad (2.18)$$

⁶ David Ruppert y Matthew P Wand. Multivariate locally weighted least squares regression. En: *The annals of statistics* (1994), págs. 1346-1370.

⁷ Marta Sestelo et al. npregfast: an R package for nonparametric estimation and inference in life sciences. En: *Journal of Statistical Software* 82 (2017), págs. 1-27.

3. Caso de estudio: El Dengue en Bucaramanga

En las últimas décadas, el dengue ha aumentado rápidamente. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), se registran clínicamente entre 50 y 100 millones de casos de dengue anualmente en todo el mundo. Algunas estimaciones indican que hasta un 54,7% de la población mundial está en riesgo de contraer la enfermedad Brady et al., Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus, pág. 1. La mayoría de las personas afectadas presentan síntomas leves o no presentan síntomas y se recuperan en un periodo de entre una y dos semanas. No obstante, en raras ocasiones puede ser extremadamente grave, hasta el punto de provocar la muerte ¹. Algunos de los síntomas del dengue incluyen fiebre alta, entre (40°C y 104°F), así como un intenso dolor de cabeza. En los casos más graves, los síntomas incluyen dolor detrás de los ojos, presencia de sangre en vómito y piel pálida.

En Colombia, como en otras regiones tropicales, los zancudos, tienen todas las condiciones para su adecuada reproducción, las cuales incluyen altas precipitaciones y climas cálidos. Esto hace que se reduzca significativamente las expectativas de eliminación.

El dengue cuenta con cuatro serotipos o variantes inmunológicas las cuales son: DENV-1, DENV-2, DENV-3, DENV-4. Según la Organización Mundial de la Salud², la infección de un ser humano con algún serotipo proporciona la inmunidad a largo plazo para este y solo una inmunidad transitoria para los otros serotipos, la cual dura entre tres y nueve meses ³. De esta forma, no se considera una reinfección a causa del virus que provoca el dengue, ya que la correspondiente tasa es muy cercana a cero.

Los vectores, como los anteriormente mencionados para el *Aedes aegypti* (mosquito vector del dengue) se vuelven infecciosos luego de la picadura durante el período habitual

¹ Julieta Beguerie et al. Dengue. Revisión actualizada. En: *Archivos Argentinos de Dermatología* 70 (mar. de 2022), págs. 1-7.

² ver (<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>)

³ Maíra Aguiar, Bob Kooi y Nico Stollenwerk. Epidemiology of dengue fever: A model with temporary cross-immunity and possible secondary infection shows bifurcations and chaotic behaviour in wide parameter regions. En: *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* 3.4 (2008), págs. 48-70.

de cinco días de viremia⁴. El virus pasa del tracto intestinal del mosquito hacia sus glándulas salivares. Este proceso toma aproximadamente 10 días y es más rápido a mayores temperaturas Maria Eugenia Guzman Siritt et al. Dengue: a continuing global threat. En: *Nature Reviews Microbiology* 8.12 (2010), S7-S16, pág. 58.

3.1. Datos del Dengue

En Bucaramanga, se tiene que en el mes de marzo del año 2023 se reportaron en promedio 15 casos semanales, de acuerdo con los datos del Sistema de Salud Pública (SIVIGILA)⁵.

Para mayo del año 2024, la Secretaría de Salud y Medio Ambiente reportó 219 casos semanales, lo que evidencia una diferencia sustancial en el número de casos entre un año y el inmediatamente anterior⁶.

La base de datos del "Dengue en el municipio de Bucaramanga"⁷ presenta las siguientes variables:

Nombre de la variable	Variable	Tipo de variable y valores de la variable
Fec\not	Fecha de notificación de la enfermedad	cualitativa de razón
semana	Se tiene en cuenta la semana de notificación de la enfermedad	Cuantitativa discreta (1 – 53)
año	El año del reporte	Cuantitativa discreta (2015 – 2022)
comuna	son las comunas del municipio de Bucaramanga	Cuantitativo discreto (01, . . . , 10, . . . 17)
sexo	Característica fisiológica al momento de nacer	Cualitativa nominal (Masculino, Femenino)

Tabla 3.1: Variables de la base de datos
Fuente: elaboración propia

Las comunas, en la base de datos, corresponden a: 01. Norte, 02. Nor Oriental, 03. San Francisco, 04. Occidental, 05. García Rovira, 06. La Concordia, 07. La Ciudadela, 08. Sur Occidente, 09. La Pedregosa, 10. Provenza, 11. Sur, 12. Cabecera del Llano, 13. Oriental, 14. Morrórico, 15. Centro, 16. Lagos del Cacique, 17. Mutis.

⁴ Es decir, de la entrada de virus en el torrente sanguíneo desde que se puede extender a todos los órganos.

⁵ Se puede consultar en https://www.datos.gov.co/Salud-y-Proteccion-Social/Dengue-Dengue-grave-y-mortalidad-por-dengue-munici/qzc7-jbg3/about_data.

⁶ Ver <https://www.vanguardia.com/area-metropolitana/bucaramanga/2024/05/29/estos-son-los-sectores-de-bucaramanga-mas-afectados-por-el-dengue/>.

⁷ Ver https://www.datos.gov.co/Salud-y-Proteccion-Social/Dengue-Dengue-grave-y-mortalidad-por-dengue-munici/qzc7-jbg3/about_data.

Estos datos se recolectaron a través de El Portal Único del Estado Colombiano, el cual tiene acceso a la información de las entidades públicas a nivel nacional y a nivel territorial. La entidad que suministra los datos es la Secretaría de Salud y Ambiente Municipal de Bucaramanga⁸

La figura (3.1) muestra el número de casos de dengue registrados en Bucaramanga por cada semana epidemiológica durante los años 2015 y 2022. En la gráfica se observan picos de casos entre febrero y junio de 2015, así como entre agosto y diciembre del mismo año, de igual manera, se presenta un pico entre febrero y junio de 2016. Entre febrero de 2017 y septiembre de 2018 se presentan picos. Entre junio de 2019 y febrero del 2020 se presente el pico de casos más alto, superior a 90 individuos. A partir de septiembre de 2020 hasta agosto de 2022, la cantidad de casos se mantiene.

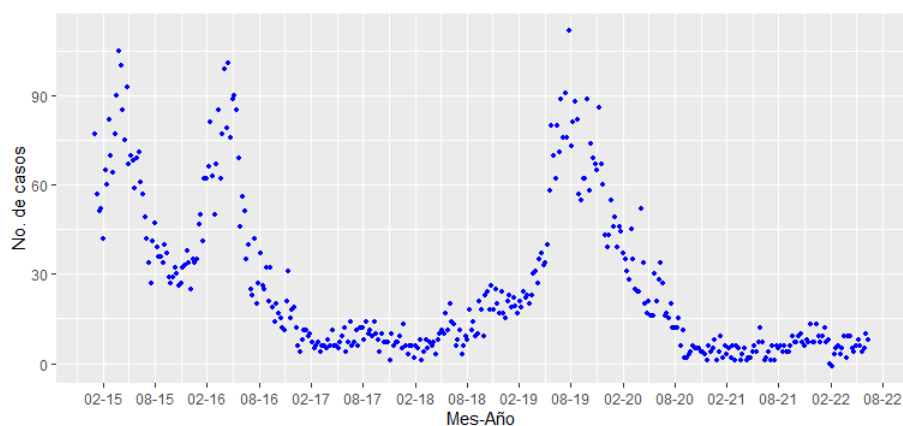


Figura 3.1: Casos de dengue reportados en Bucaramanga
Fuente: elaboración propia.

En la tabla (3.2) se anotan los parámetros del modelo SIR-SI, tomados a partir de un *meta-análisis*, es decir, de otros artículos y literatura médica donde se realizan estudios del dengue y estiman estos mismos parámetros.

⁸ Ver https://www.datos.gov.co/Salud-y-Proteccion-Social/Dengue-Dengue-grave-y-mortalidad-por-dengue-munici/qzc7-jbg3/about_data.

Par.	Significado biológico	Posibles valores	Referencia
γ_h	Tasa de recuperación de humanos	0,07142 día ⁻¹ = 0,49994 semanas ⁻¹	9
μ_v	Tasa de mortalidad para los vectores	[0, 0,3] semanas ⁻¹	Se asume a partir de 10
β_h	Tasa transmisión de vector a humano	0,0245 día ⁻¹ = 0,1715 semanas ⁻¹	11
β_v	Tasa transmisión de humano a vector	0,00392 día ⁻¹ = 0,02744 semanas ⁻¹	12
λ	Número promedio de nuevos vectores	400 día ⁻¹ = 2800 semanas ⁻¹	13

Tabla 3.2: valores de referencia para los parámetros del modelo de dengue
Fuente: elaboración propia

El parámetro μ representa la tasa de mortalidad por dengue para los humanos, medida que se expresa en muertes por cada 100000 habitantes. Este valor fue obtenido de Pablo Chaparro-Narváez, Willian León-Quevedo y Carlos Andrés Castañeda-Orjuela. Comportamiento de la mortalidad por dengue en Colombia entre 1985 y 2012. En: *Biomédica* 36 (2016), págs. 125-134, cuadro 3, pág 5, basado en la información suministrada por DANE¹⁴ a partir de las proyecciones del total de la población colombiana durante los años 2005 y 2012.

¹⁴ Departamento Administrativo Nacional de Estadística- DANE

Parámetro	Tasa de mortalidad	Grupo de edad	Población
μ_1	5,24 meses ⁻¹	0 a 4	$N_1 = 4297121$
μ_2	2,25 meses ⁻¹	5 a 14	$N_2 = 7825628$
μ_3	2,42 meses ⁻¹	15 a 44	$N_3 = 8812462$
μ_4	0,70 meses ⁻¹	45 a 64	$N_4 = 20851315$
μ_5	4,66 meses ⁻¹	65 o más	$N_5 = 2936907$

Tabla 3.3: Tasa de mortalidad de humanos. Fuente: elaboración propia.

Se considera el parámetro $\hat{\mu}$ como la media ponderada de los datos presentados, de manera que las ponderaciones están dadas por el total de la población. Es decir, se denota N_i con $i \in \{1, 2, \dots, 5\}$ como el total de la población para el i -ésimo grupo de edad de acuerdo con la tabla 3.3. En consecuencia, se estima $\hat{\mu}$ como:

$$\hat{\mu} = \frac{\mu_1 N_1 + \mu_2 N_2 + \mu_3 N_3 + \mu_4 N_4 + \mu_5 N_5}{N} = 2,01 \text{ meses}^{-1} = 0,5025 \text{ semanas}^{-1}. \quad (3.1)$$

El parámetro μ_h , el cual corresponde a la tasa de mortalidad general en Colombia se considera como $\mu_h = \frac{642,3}{100000}$ de acuerdo con ², y cuyo valor fue determinado a partir de las proyecciones realizadas por la Dirección de Censos y Demografía del DANE en ¹⁵.

De acuerdo con las proyecciones de la población suministradas por el DANE¹⁶ a partir de la metodología dada en ¹⁵, es posible estimar el promedio de nuevos individuos que ingresan a Bucaramanga como las diferencias de la población entre un año y otro, durante el 2014 y el 2023. Es decir, la estimación se realiza mediante el cálculo de $\hat{\Lambda}$ como se muestra a continuación:

$$\hat{\Lambda} = \frac{1}{10} \sum_{j=1}^{10} N(t_j) - N(t_{j-1}). \quad (3.2)$$

La proyección de la población total en Bucaramanga, denotada por $N(t_j)$, están representados

¹⁵ DANE, Dirección de Censos y Demografía. *Metodología General de Proyecciones de Población y Estudios Demográficos (PPED)*. 2021.

¹⁶ En el enlace <https://www.dane.gov.co/index.php/estadisticas-por-tema/demografia-y-poblacion/proyecciones-de-poblacion>

en la figura 3.2.

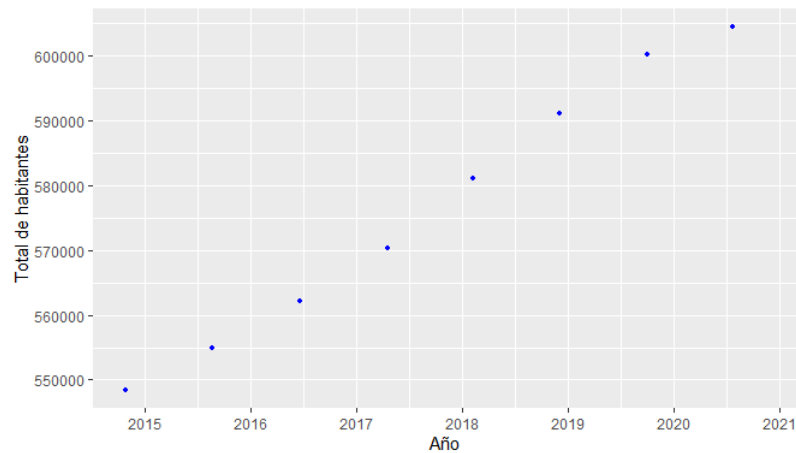


Figura 3.2: población en Bucaramanga por año
Fuente: elaboración propia.

Con los datos de la figura (3.2), se estima el promedio de individuos que ingresan a Bucaramanga por:

$$\Lambda = 7379,222 \text{ año}^{-1} = 141,908 \text{ semanas}^{-1}, \quad (3.3)$$

es decir, que en promedio hay aproximadamente 7379 personas más cada año en esta ciudad.

Para la proporción de recuperados por dengue se utilizan los datos suministrados por el Instituto Nacional de Salud¹⁷. En estos se determina que hubo 185 muertes atribuidas posiblemente al dengue de un total de 50265 casos reportados¹⁸ en el año 2021. De esta manera, la proporción de muertes por dengue, denotada por ρ viene dada por:

$$\rho = \frac{185}{50265} \cdot 100 = 0,368049. \quad (3.4)$$

En consecuencia, se estima que la proporción de recuperados corresponde a 99,631951 %.

¹⁷ ver(<https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/Informesdeevento/DENGUE%20INFORME%202021.pdf>)

¹⁸ Instituto Nacional de Salud. *Informe de evento Dengue, Código 210, 220, 580 de 2021*. Enlace web: <https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/Informesdeevento/DENGUE%20INFORME%202021.pdf>. 2021.

En la figura (3.3), la línea en color rojo representa la suavización de los casos registrados por semana epidemiológica de dengue en Bucaramanga. A partir de esta función se estiman los valores máximos y mínimos para el número de casos. Para ello se toma la derivada a partir de la regresión no paramétrica (ecuación 2.18), cuya gráfica corresponde a la figura (3.4).

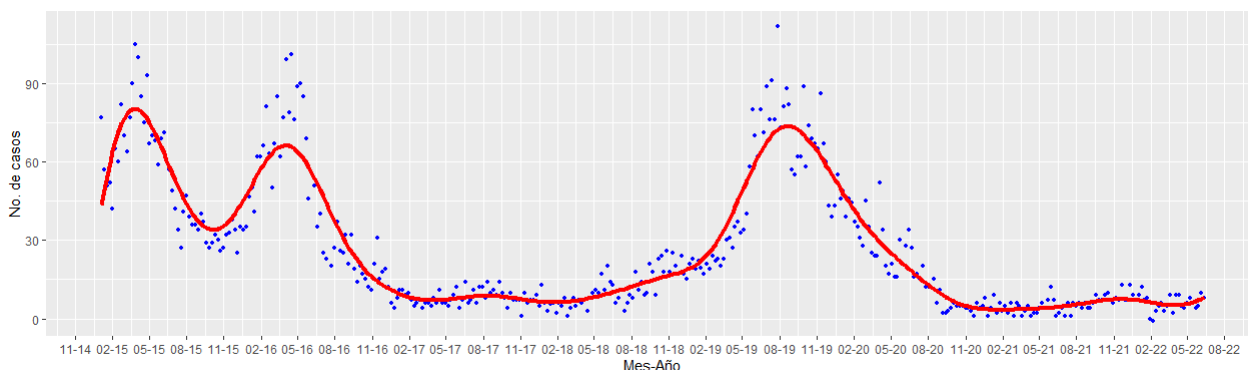


Figura 3.3: regresión para los casos de dengue por mes y año
Fuente: elaboración propia.

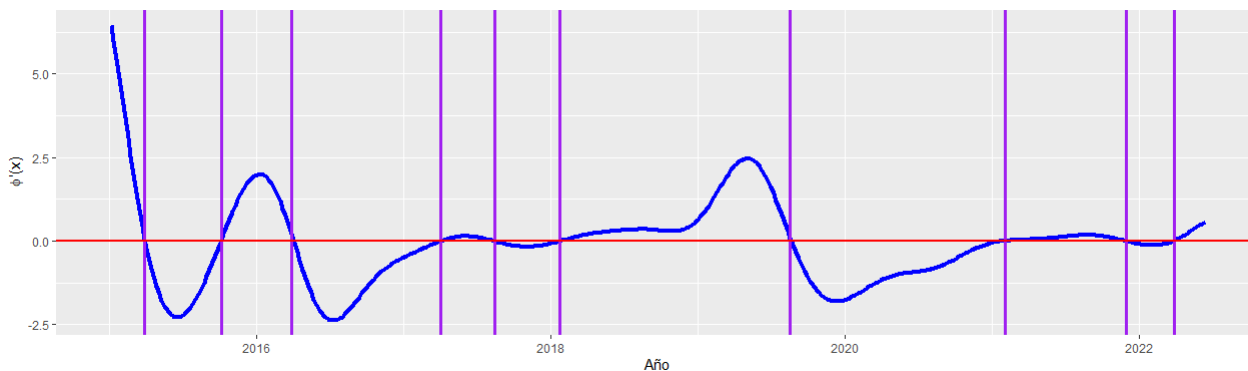


Figura 3.4: derivada del ajuste de los datos
Fuente: elaboración propia

En la figura (3.4) se determinan los puntos donde $\phi'(x) \approx 0$. Para determinar si un punto es máximo o mínimo, en la figura (3.5), se establece con las líneas de color morado los cambios de concavidad. Con esta información, es posible identificar intervalos de crecimiento y decrecimiento. Por ejemplo, entre los meses de febrero y mayo del año

2015, se observó un aumento significativo en el número de casos de dengue.

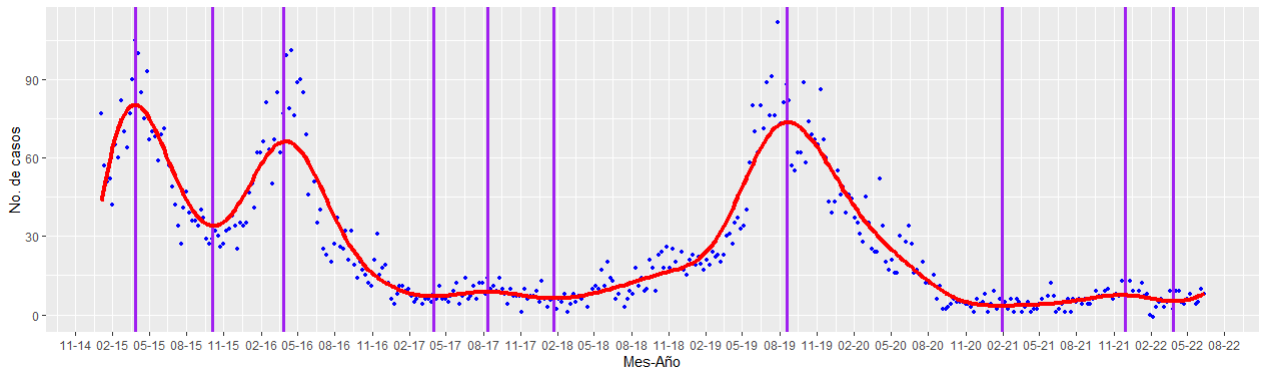


Figura 3.5: máximos y mínimos para los casos de dengue
Fuente: elaboración propia.

En la tabla (3.4) se listan los picos y los valles del número de casos reportados del dengue.

Intervalo de tiempo de estimación	Fecha (Año - Mes-Día)	Máximo \ Mínimo
2015 – 01 y 2015 – 03	2015 – 03 – 29	Máximo local
2015 – 03 y 2015 – 10	2015 – 10 – 04	Mínimo local
2015 – 10 y 2016 – 03	2016 – 03 – 27	Máximo local
2016 – 03 y 2017 – 04	2017 – 04 – 02	Mínimo local
2017 – 04 y 2017 – 08	2017 – 08 – 13	Mínimo local
2017 – 08 y 2018 – 01	2018 – 01 – 21	Mínimo local
2018 – 01 y 2019 – 08	2019 – 08 – 18	Máximo local
2019 – 08 y 2021 – 01	2021 – 01 – 31	Mínimo local
2021 – 01 y 2021 – 11	2021 – 11 – 28	Mínimo local
2021 – 11 y 2022 – 03	2022 – 03 – 27	Mínimo local

Tabla 3.4: Intervalos de estimación
Fuente: elaboración propia

Dado que no se cuenta con información suficiente, se asume que la población inicial de vectores $S_v(0)$ es de 2384212, cuyo valor es calculado con una regla de tres de acuerdo con la tabla presentada en ¹⁹, en la cual se enuncia que para la ciudad de Río de Janeiro (con una población de 16,231,365 habitantes) hay un número de 70,000,000 de vectores.

¹⁹ Eva K Lee, Yifan Liu y Ferdinand H Pietz. A compartmental model for Zika virus with dynamic human and vector populations. En: *AMIA Annual Symposium Proceedings*. Vol. 2016. American Medical Informatics Association. 2016, pág. 743.

De otra parte, en ¹⁹ se toman 5 vectores infectados iniciales²⁰. Por lo tanto, se asume $I_v(0) = 1$ para Bucaramanga teniendo en cuenta la regla de tres respecto al total de la población de ambas ciudades, y que el número mínimo de vectores infectados es igual a uno.

El número de casos reportados (personas infectadas), en la base de datos²¹, para el tiempo t_0 (que es la semana epidemiológica del 4 de enero de 2015) es de 77 casos. Considerando que el tiempo de recuperación por dengue es de aproximadamente dos semanas ², se deduce de la ecuación 3.4, que en esta primera semana se recuperan la mitad de las personas, es decir,

$$\hat{R}_h(t_0) = \frac{77 \times 0,99631951}{2} = \frac{76,71660227}{2} = 38,3583. \quad (3.5)$$

Como la población proyectada en Bucaramanga en el instante t_0 es de $N_h(t_0) = 553038$ personas ²², y considerando que se dispone de la información tanto de recuperados como de infectados, se obtiene que:

$$\hat{S}_h(t_0) = N_h(t_0) - R_h(t_0) - I_h(t_0) = 552922,50 \quad (3.6)$$

En la siguiente tabla se presentan todos los parámetros recopilados de la literatura o calculados en esta sección, los cuales se toman como base para las simulaciones y las estimaciones del modelo SIR-SI presentadas en la sección (3.2). Las simulaciones, en lenguaje R ⁶, están para el periodo de comprendido entre el 4 de enero de 2015 y el 11 de enero de 2015, correspondiente al primer intervalo de la tabla (3.4). Para ello, se utilizan los valores iniciales y los parámetros especificados en la tabla (3.5).

²⁰ Con este valor se obtiene que hay un buen ajuste de los datos de infectados de dengue y la solución de infectados del modelo de ecuaciones diferenciales ordinarias utilizado en (Eva K Lee, Yifan Liu y Ferdinand H Pietz. A compartmental model for Zika virus with dynamic human and vector populations. En: *AMIA Annual Symposium Proceedings*. Vol. 2016. American Medical Informatics Association. 2016, pág. 743).

²¹ Consultar el enlace https://www.datos.gov.co/Salud-y-Proteccion-Social/Dengue-Dengue-grave-y-mortalidad-y-mortalidad-por-dengue-munici/qzc7-jbg3/about_data.

²² DANE, Dirección de Censos y Demografía. *Metodología General de Proyecciones de Población y Estudios Demográficos (PPED)*. 2021.

Parámetro	Significado	Valores	Referencia
$\hat{\mu}$	tasa de mortalidad por dengue	0.5025 por semana	Ecuación 3.1 calculado a partir de ²³
Λ	promedio de nuevos individuos humanos	141,908 por semana	3.3
β_h	tasa de transmisión de vector a humano	0,1715 por semana	²⁴
β_v	tasa de transmisión de humano a vector	0,012744 por semana	se asume a partir de ²⁵
λ	número promedio de nuevos vectores	2800 por semana	²⁶
γ	tasa de recuperación de humanos	0,49994 por semana	²⁷
$\hat{\mu}_h$	tasa de mortalidad general en Colombia	642,3/100000	²⁸
μ_v	tasa de mortalidad para vectores	0,0011 por semana	se asume a partir de ²⁹
$S_v(0)$	población inicial de vectores	2384212	³⁰
$I_v(0)$	población inicial de vectores infectados	1	se asume a partir de ³¹
$I_h(0)$	población inicial de humanos infectados	77	tomado a partir de la base de datos
$\hat{R}_h(0)$	población inicial de humanos recuperados	38,3583	3.5
$\hat{S}_h(0)$	población inicial de humanos susceptibles	552922, 50	Ecuación 3.6 calculado a partir de ³²

Tabla 3.5: parámetros y valores iniciales
Fuente: elaboración propia.

El código con la implementación de la regresión no paramétrica para los datos del dengue en Bucaramanga se puede consultar en (<https://github.com/Christian-1R/Regresion>), el cual corresponde a un repositorio abierto de Github.

3.2. Simulación para el dengue en Bucaramanga

Esta sección tiene como propósito simular las trayectorias del modelo SIR-SI con base en los valores iniciales y parámetros de la tabla 3.5, cuyos valores fueron estimados con respecto a la información del dengue en Bucaramanga. Para llevar a cabo estas se emplean métodos numéricos de aproximación de EDO, como el método de Runge-Kutta de cuarto orden explicado detalladamente en la página (22).

Simulación 3.2.1. *Utilizando los parámetros y los valores iniciales de la tabla 3.5, se presenta el siguiente código en lenguaje R, mediante el cual se aproxima la solución del modelo SIR-SI (ecuación 1.4):*

```
my_ode = function(t, state, parms){
  with(as.list(state),{
    dsdt = rep(0,length(state))
    dsdt[1] = Lambda- mu_h*Sh- beta_h*Sh*Iv
    dsdt[2] = beta_h*Sh*Iv - (mu_h+gam)*Ih-mu*Ih
    dsdt[3] = gam*Ih-mu_h*R
    dsdt[4] = lambda - mu_v*Sv- beta_v*Sv*Ih
```

```

    dsdt[5] = beta_v*Sv*Ih - mu_v*Iv
    return(list(dsdt))
  })}
Sh = 552922.50/1000000
Ih =77/1000000
R = 38.3583/1000000
Iv = 1/1000000
Sv = 2384212/1000000
mu = 0.5025
mu_h = 642.3/100000
mu_v = 0.0011
Lambda = 141.90812/1000000
lambda = 2800/1000000
beta_h = 0.1715
beta_v = 0.02744
gam = 0.49994
init= c(Sh=Sh,Ih=Ih,R=R,Iv=Iv,Sv=Sv)
out = ode(y=init, times=1:53,func= my_ode, parms=c(Lambda = Lambda,
    mu_h = mu_h, beta_h = beta_h, gam = gam, mu = mu,
    lambda = lambda, mu_v = mu_v, beta_v = beta_v)))
plot(out[, 1], out[,2]*1000000, type = "l", lwd = 2, col = "blue")
plot(out[, 1], out[,3]*1000000, type = "l", lwd = 2, col = "red")
plot(out[, 1], out[,4]*1000000, type = "l", lwd = 2, col = "green")
plot(out[, 1], out[,5]*1000000, type = "l", lwd = 2, col = "purple")
plot(out[, 1], out[,6]*1000000, type = "l", lwd = 2, col = "brown")

```

*Al momento de ejecutar el código se observa en la implementación del modelo que las condiciones iniciales y el número promedio de nuevos individuos tanto de humanos como de vectores se dividen entre 1000000 (ver tabla 3.5. Esto porque los valores de $\beta_h * S_h * I_v$ pueden ser significativamente altos, impidiendo que el software presente las correspondientes soluciones. De esta manera, las salida de la función `ode` se multiplica por 1000000 para tener la solución estimada para cada población. Una vez se ejecuta el código se obtienen las las soluciones del sistema de ecuaciones diferenciales, representados en las figuras (3.6), (3.7), (3.8), (3.9) y (3.10), para $S_h(t)$, $I_h(t)$, $R(t)$, $S_v(t)$, e $I_v(t)$, respectivamente.*

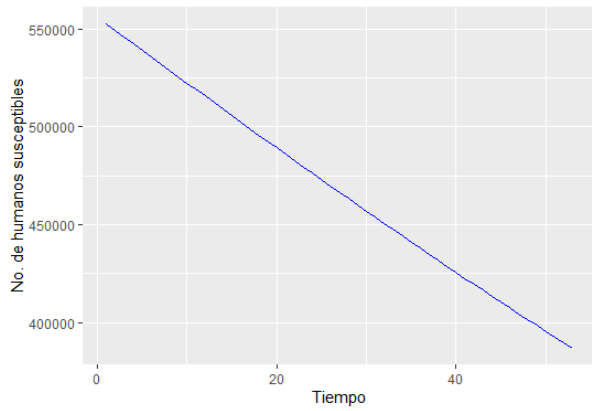


Figura 3.6: Susceptibles Vs Tiempo
Fuente: elaboración propia.

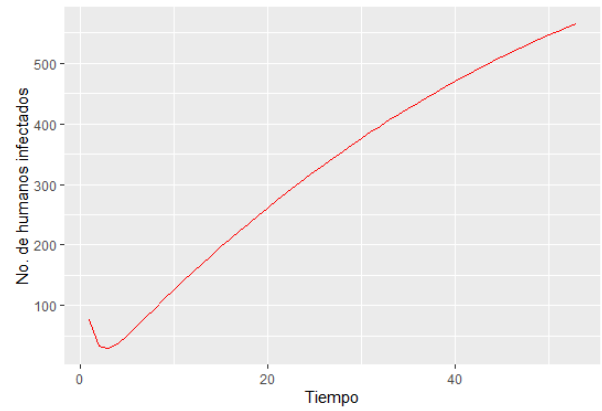


Figura 3.7: Infectados Vs Tiempo
Fuente: elaboración propia.

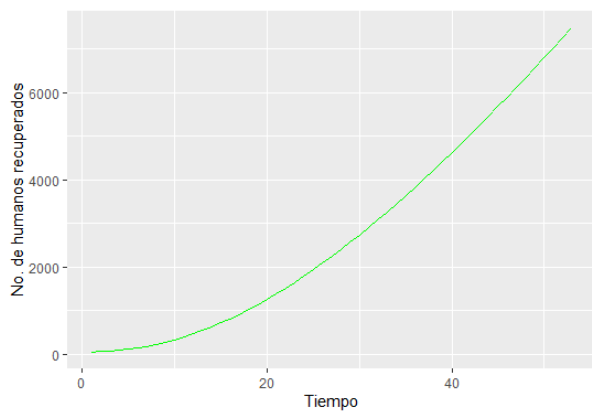


Figura 3.8: Recuperados Vs Tiempo
Fuente: elaboración propia.

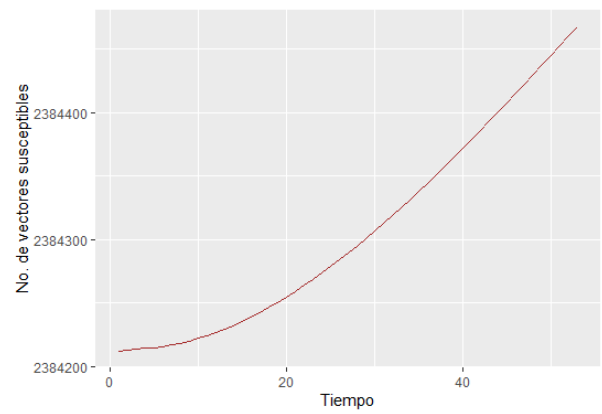


Figura 3.9: Vectores susceptibles Vs Tiempo
Fuente: elaboración propia.

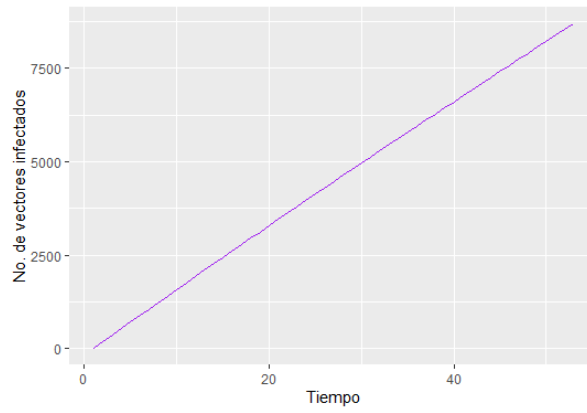


Figura 3.10: Vectores infectados Vs Tiempo
Fuente: elaboración propia.

En la figura (3.6) se observa que el comportamiento de los humanos susceptibles sigue una tendencia decreciente, el cual es diferente a los datos observados en Bucaramanga, según la figura (3.5). Esto sugiere que los parámetros presentados en la simulación no son adecuados para un escenario real, por lo que algunos de estos deben ser estimados directamente de los datos tomados.

La figura (3.7) representa una disminución en el número de humanos infectados en un pequeño intervalo de tiempo, seguida de una tendencia decreciente. La cantidad de humanos recuperados y de vectores susceptibles, de acuerdo con las figuras (3.8), (3.9), presenta una tendencia creciente.

Por otro lado, en lo que respecta a los vectores infectados, la gráfica (3.10) muestra una tendencia creciente, sin fluctuaciones, a pesar de las campañas preventivas y otros factores, como los cambios en la temperatura ², presentes en el municipio de Bucaramanga ³³.

3.3. Estimaciones

Al minimizar la **SCE** (ecuación 2.2) se garantiza que bajo el modelo escogido se obtienen los parámetros con mejor ajuste. En esta sección, se estima por mínimos cuadrados ordinarios los parámetros β_h y γ , utilizando el método de RK4 (definición 2.1.2) para aproximar las soluciones de la EDO del modelo SIR-SI (Definición 1.4) y la función **SCE** se optimiza utilizando el método BFGS (Definición 2.2.4). Adicionalmente, se utilizan como parámetros conocidos los valores de la tabla (3.5).

Debido a que en la literatura no se presentan solo un valor para los parámetros β_h y γ , sino que se presentan múltiples valores de estos (ver ³⁴³⁵), dichos parámetros se asumen como desconocidos, por lo tanto, se estiman. Además, β_h y γ están vinculados directamente con la población de humanos infectados en el modelo SIR-SI.

³³ Fredi Díaz-Quijano et al. Pluviosidad como predictor de consulta por síndrome febril agudo en un área endémica de dengue. En: *Revista de Salud Pública* 10 (2008), págs. 250-259.

³⁴ Murali Krishna Enduri y Shivakumar Jolad. Dynamics of dengue disease with human and vector mobility. En: *Spatial and spatio-temporal epidemiology* 25 (2018), págs. 57-66.

Con el fin de corroborar que el método de mínimos cuadrados ordinarios es adecuado para el modelo SIR-SI, se llevan a estimaciones a partir de los datos simulados en 3.3.1, 3.3.2 y 3.3.3. Los datos que se utilizan se modelan por los pasos 1 y 2:

1. Se realiza una aproximación de la solución de la ecuación diferencial ordinaria (EDO) por el método RK4 (definición 2.1.2), tomando los valores iniciales y β_h, γ relacionados en la tabla 3.6. Los otros parámetros son tomados de la tabla 3.5.

Parámetro	$S_h(0)$	$I_h(0)$	$R(0)$	$S_v(0)$	$I_v(0)$	β_h	μ_h
Valores simulación 3.3.1	1000	0.1	0	100	0.1	0.0001	0.0001
Valores simulación 3.3.2	1500	0.2	1	1000	10	0.0004	0.001
Valores simulación 3.3.3	1500	0.2	1	1000	10	0.0019	0.00197

Tabla 3.6: condiciones iniciales y parámetros para las simulaciones

Fuente: elaboración propia

2. A partir del resultado del paso 1, se simulan los datos de humanos infectados, ajustando los valores por:
 - $I_h(t_j) + 5$, si j es par, o, $I_h(t_j) - 5$ si j es impar para la simulación 3.3.1;
 - $I_h(t_j) + 10$, si j es par, o, $I_h(t_j) - 10$ si j es impar para la simulación 3.3.2;
 - $I_h(t_j) + 10$, si j es par, o, $I_h(t_j) - 10$ si j es impar para la simulación 3.3.3.
3. Se estiman los parámetros β_h y γ por mínimos cuadrados ordinarios utilizando el método L-BFGS (definición 2.13).

Simulación 3.3.1. El código donde se realizan los pasos 1, 2, y 3 para los valores de la tabla 3.6 corresponde a:

```
my_ode1 = function(t, state, par) {
  with(as.list(c(state, par)), {
    mu_h = 642.3 / 100000
    Lambda = 141.90812 / 1000000
    lambda = 2800 / 1000000
    betav = 0.012744
    mu_v = 0.0011
    dSh = Lambda - mu_h * Sh - par[1] * Sh * Iv
```

```

    dIh = par[1] * Sh * Iv - (mu_h + par[2]) * Ih - 0.5025 * Ih
    dR = par[2] * Ih - mu_h * R
    dSv = lambda - mu_v * Sv - betav * Sv * Ih
    dIv = 0.012744 * Sv * Ih - mu_v * Iv
    return(list(c(dSh, dIh, dR, dSv, dIv)))
  })
}
state = c(Sh = 1000, Ih = 0.1, R = 0, Sv = 100, Iv = 0.1)
out2 <- ode(y = state, times = 1:20, func = my_ode1, parms = c(0.001, 0.002))
nuevos_datos_infectados = out2[,"Ih"]
for(i in 1:20){
  if(i%% 2==0){
    nuevos_datos_infectados[i]= out2[i,"Ih"]+5
  }
  else{
    nuevos_datos_infectados[i]= out2[i,"Ih"]-5
  }
}
}

```

Con el siguiente código en lenguaje R se genera una gráfica de los datos simulados junto con la solución real planteada en el paso 1. La salida de este es la figura [3.11](#).

```

plot(nuevos_datos_infectados, pch=20, main="ajuste de datos",
xlab="Tiempo", ylab="Infectados")
x = t[1:20]
y = out2[,3]
z = nuevos_datos_infectados
Nuevadata = data.frame(x=x,y=y)
ggplot(Nuevadata,aes(x=x,y=y))+
geom_point(aes(x=x,
y=nuevos_datos_infectados[1:20]), color="red",linetype="solid")+
  geom_line(aes(x=x,y=out2[,3]),color= "blue2",linetype="solid")+
  xlab("Tiempo"), ylab(expression(I[h](t)))

```

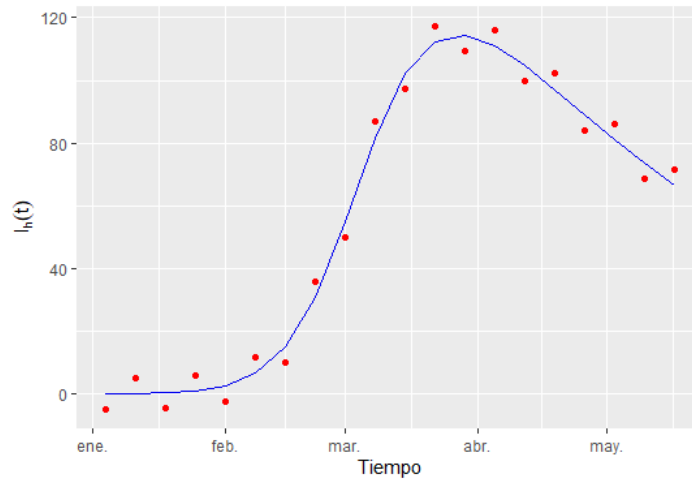


Figura 3.11: simulación de humanos infectados.
Fuente: elaboración propia

Se representa la **SCE** para el parámetro β_h en $[0, 0,002]$ y γ en $[0, 0,004]$, a través de la figura 3.12. Se observa que tanto para β_h como para γ hay un valor mínimo de esta función de pérdida que es 506,346. Este valor se alcanza cuando $\beta_h = 0,0009898$ y $\gamma = 0,0000019$, los cuales son valores cercanos a los parámetros inicialmente simulados. A continuación, se presenta el código para construir la figura:

```
min_residuals <- function(data, par, state, t) {
  names(state) = c("Sh", "Ih", "R", "Sv", "Iv")
  out <- ode(y = state, times = t, func = my_ode1, parms = par)
  if (nrow(out) != length(data)) {
    stop("La longitud de 'data' no coincide con el número de filas de 'out'.")
  }
  colnames(out) <- c("time", "Sh", "Ih", "R", "Sv", "Iv")
  residuals <- sum((out[, "Ih"] - data)^2)
  return(residuals) }
min_residuals(data = nuevos_datos_infectados, par = c(0.001, 0.002),
              t = 1:20, state = c(1000, 0.1, 0, 100, 0.1))
x = seq(0, 0.002, length = 100)
y = seq(0, 0.004, length = 100)
z = matrix(0, nrow = length(x), ncol = length(y))
for (i in 1:length(x)) {
```

```

for (j in 1:length(y)) {
  z[i, j] = min_residuals(data = nuevos_datos_infectados, par = c(x[i], y[j]),
                          t = 1:20, state = c(1000, 0.1,0, 100, 0.1))
}
min_value = min(z)
z_table <- as.data.frame(z)
z_table <- cbind(expand.grid(x = x, y = y), head(z_table[, 3], length(x)))
print(z_table)
plot3d(z_table[,1], z_table[,2], z_table[,3], col = "lightblue", alpha = 0.5,
axes = TRUE, box = TRUE,
       xlab= expression(beta[h]), ylab=expression(gamma), zlab="SCE")
axes3d(edges = 'bbox', labels = TRUE)

```

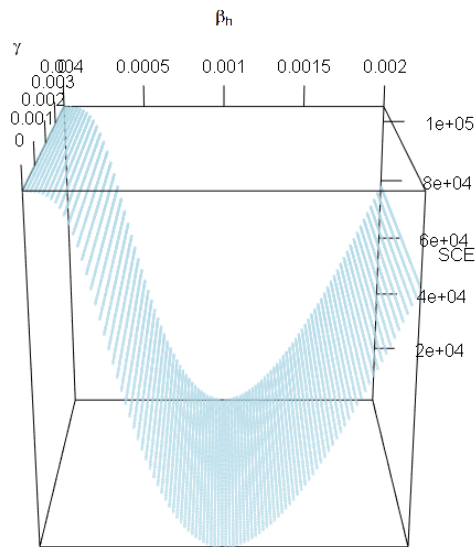


Figura 3.12: mínimos cuadrados ordinarios para la simulación
Fuente: elaboración propia.

Se minimiza la función del elemento *min_residuals*, la cual corresponde a la **SCE** (ecuación 2.2) utilizando como valores iniciales $\beta_{h,0} = 0,0009898$ y $\gamma_0 = 0,0000019$. Se aplica el método L-BFGS (definición 2.2.6) para optimizar esta función y el método RK4 (definición 2.1.2) para aproximar las soluciones de la EDO. El código que realiza esta implementación está dado por:

```

opt <- optim(par = c(0.0009898, 0.0000019),
fn = min_residuals,
data = nuevos_datos_infectados,
state = c(1000, 0.1, 0, 100, 0.1),
t = 1:20)
print(opt)
out3 <- ode(y = state, times = 1:20, func = my_ode1, parms = c(9.972272e-04,
-3.177421e-05), method="rk4")
library(ggplot2)
x = t[1:20]
y = out3[,3]
z = nuevos_datos_infectados
ggplot(Nuevadata,aes(x=x,y=y))+
geom_point(aes(x=x,y=nuevos_datos_infectados[1:20]), color="red")+
geom_line(aes(x=x,y=out2[,3]), color= "purple",linetype="solid",size=1.6)+
geom_line(aes(x=x,y=out3[,3]), color= "turquoise",linetype="dashed",size=1.4)+
xlab("Tiempo")+
ylab(expression(I[h](t)))

```

Los estimadores de β_h y γ obtenidos al utilizar la función `optim` corresponden, respectivamente, a $9,972272 \times 10^{-4}$ y a $1,979798 \times 10^{-3}$. En la figura 3.13 se ilustra la solución real (representada en color morado), los datos simulados (puntos en color rojo) y la solución estimada por el método L-BFGS (línea punteada en color turquesa). Se observa que hay buen ajuste de la solución estimada con respecto a los datos, y, que la solución estimada es muy similar a la solución real.

Para las simulaciones 3.3.2 y 3.3.3 se realiza un código similar al de la simulación 3.3.1. A continuación se relacionan los resultados:

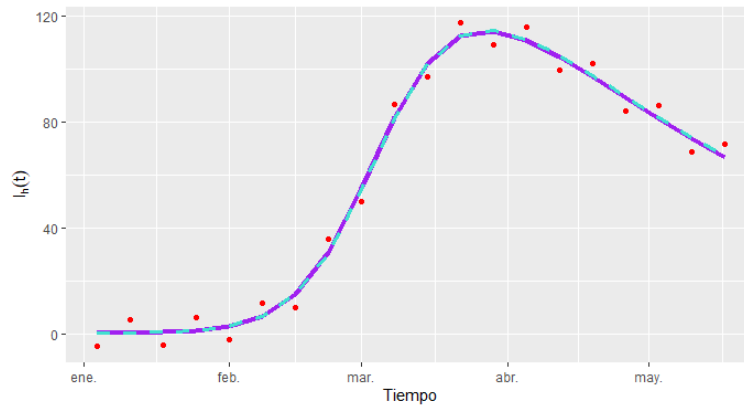


Figura 3.13: Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados
Fuente: elaboración propia.

Simulación 3.3.2. En la figura 3.14 se representa la **SCE** con parámetros β_h y γ en el intervalo $[0, 0,008]$. Los otros parámetros relacionados en la tabla 3.6. Se observa que esta función de pérdida tiene un mínimo, el cual se ubica en $\beta_h = 0,0004040404$ y $\gamma = 0,002020202$.

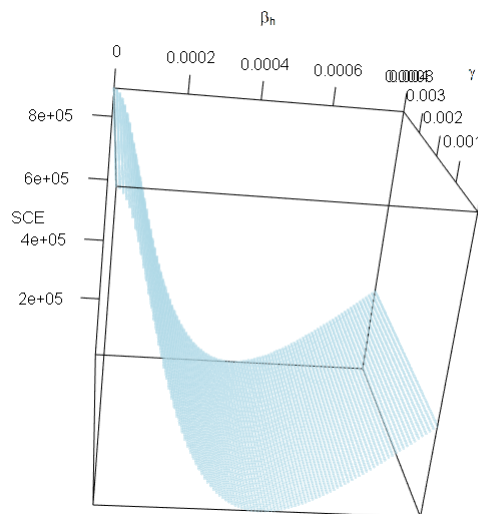


Figura 3.14: mínimos cuadrados ordinarios para la simulación
Fuente: elaboración propia.

Al minimizar la **SCE** (ecuación 2.2) por el método **L-BFGS** (definición 2.2.6), utilizando como valores iniciales $\beta_{h,0} = 0,0004040404$ y $\gamma_0 = 0,002020202$, se determinan que los valores mínimos están en $\beta_h = 0,0004000723$ y $\gamma = 0,0009251652$. En la figura 3.15 se

observa que las soluciones real (color morado) y estimada (color turquesa) de la población infectada son similares.

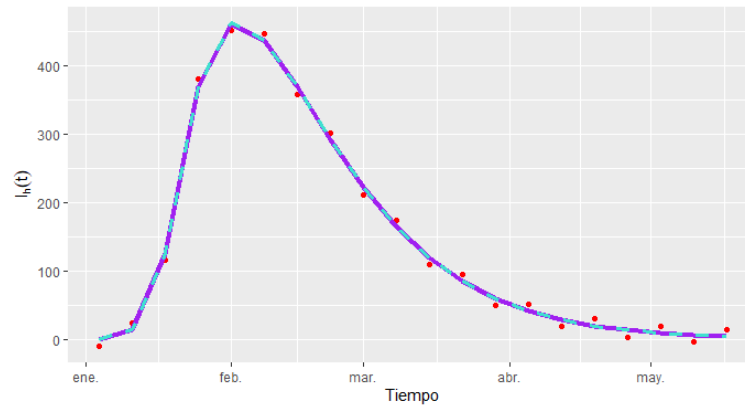


Figura 3.15: Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados
Fuente: elaboración propia.

Simulación 3.3.3. En la figura 3.16 se representa la **SCE** con parámetros β_h y γ en el intervalo $[0, 0,002]$. Los otros parámetros se relacionan en la tabla 3.6. Se observa que esta función de pérdida tiene un mínimo, el cual se ubica en $\beta_h = 0,001333$ y $\gamma = 0,002$.

Al minimizar la **SCE** por el método L-BFGS, utilizando como valores iniciales $\beta_{h,0} = 0,001333$ y $\gamma_0 = 0,002$, se determinan que los valores mínimos están en $\beta_h = 0,001333$ y $\gamma = 0,002$. En la figura 3.17 se observa que la solución real (color morado) y la estimada (color turquesa) son similares, lo que quiere decir, para estos datos simulados, que el método de estimación es adecuado.

De acuerdo con las observaciones hechas en las las simulaciones 3.3.1, 3.3.2 y 3.3.3 se determina que el método de mínimos cuadrados ordinarios, al optimizar computacionalmente utilizando la función `optim` es adecuado para la estimación de los parámetros, siempre y cuando se utilicen valores iniciales apropiados.

Se tiene como objetivo minimizar la **SCE** de acuerdo con el meta-análisis³⁵ realizado en

³⁵ La cual es una técnica de investigación utilizada para combinar los resultados de varios estudios científicos sobre un tema o hipótesis particular, con el fin de obtener una estimación generalizable (Young Ho Lee. An overview of meta-analysis for clinicians. En: *The Korean journal of internal medicine* 33.2 [2017], pág. 277)

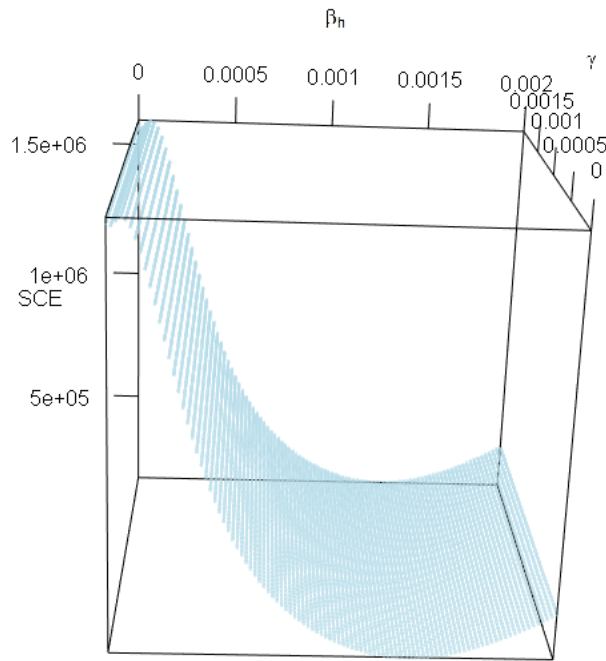


Figura 3.16: mínimos cuadrados ordinarios
Fuente: elaboración propia.

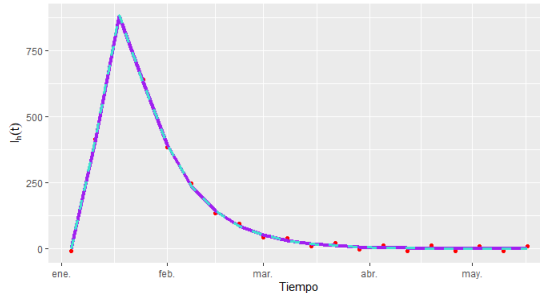


Figura 3.17: Solución real, datos simulados y solución estimada para humanos infectados
Fuente: elaboración propia.

la tabla 3.5 con el objetivo de estimar los parámetros β_h y γ (en el modelo SIR-SI, dada por la ecuación (1.4)) para los datos del dengue en Bucaramanga. En la figura 3.18 se representa la **SCE** para los parámetros β_h y γ entre 0 y 1, utilizando los datos del primer intervalo relacionado en la tabla 3.4. Se observa que la función de pérdida no presenta un mínimo para valores positivos de los parámetros.

El valor mínimo encontrado para la **SCE** fue de aproximadamente $1,905398 \times 10^{-9}$ en $\beta_h = 1$ y $\gamma = -0,42$. Este resultado carece de sentido, ya que γ representa la tasa de recuperación que es positiva. Estadísticamente esto quiere decir que el modelo SIR-SI

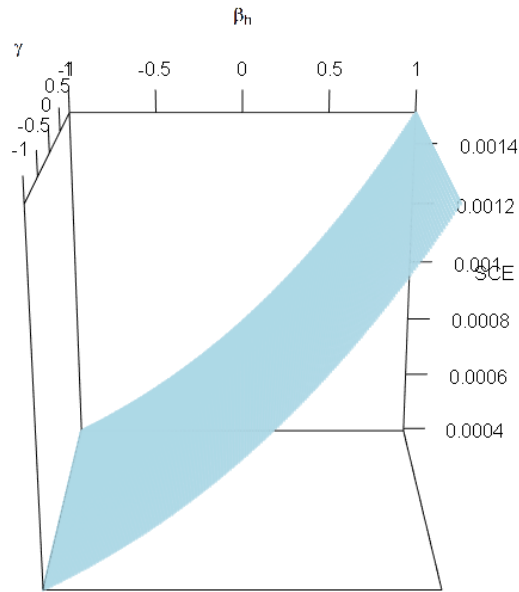


Figura 3.18: mínimos cuadrados ordinarios
Fuente: elaboración propia

no es adecuado para explicar la dinámica del dengue en Bucaramanga, o bien por no tener valores iniciales adecuados, o, el meta-análisis no funciona para los datos ³⁶.

3.4. Método de actualización de datos

Un método de *actualización de datos* tiene como objetivo utilizar el meta-análisis para estimar tanto las poblaciones sin información como los parámetros faltantes, de manera no paramétrica a partir de los datos de la población infectada ³⁵. En este método se utilizan las razones de cambio de las poblaciones consideradas en el modelo. Por ejemplo, el diferencial $\frac{dS_h(t)}{dt}$ se puede escribir por el método de Euler ³⁷ como:

$$\frac{S_h(t_{j+1}) - S_h(t_j)}{t_{j+1} - t_j} = (\Lambda - \mu_h S_h(t_j) - \beta_h S_h(t_j) I_v(t_j)).$$

³⁶ Hui-Ming Wei, Xue-Zhi Li y Maia Martcheva. An epidemic model of a vector-borne disease with direct transmission and time delay. En: *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 342.2 (2008), págs. 895-908.

³⁷ Carlos Bouza, Sira Allende y Malay Taylor. Un análisis matemático de epidemias transmitidas por el Aedes Aegypti: Dengue, Chikungunya y Zika. En: *Modelos Matemáticos para el Estudio de Medio Ambiente, Salud y Desarrollo Humano* 3 (2017), págs. 135-146.

De modo que despejando $S_h(t_{j+1})$, se tiene que:

$$S_h(t_{j+1}) = S_h(t_j) + (\Lambda - \mu_h S_h(t_j) - \beta_h S_h(t_j) I_v(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j).$$

Siguiendo el anterior procedimiento para las derivadas $\frac{dI_h}{dt}$, $\frac{dR_h}{dt}$, $\frac{dS_v}{dt}$, $\frac{dI_v}{dt}$, se obtiene el siguiente sistema discretizado:

$$\begin{aligned} S_h(t_{j+1}) &= (\Lambda - \mu_h S_h(t_j) - \beta_h S_h(t_j) I_v(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j) + S_h(t_j) \\ I_h(t_{j+1}) &= (\beta_h S_h(t_j) I_v(t_j) - (\mu_h + \gamma + \mu) I_h(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j) + I_h(t_j) \\ R_h(t_{j+1}) &= (\gamma I_h(t_j) - \mu_h R_h(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j) + R_h(t_j) \\ S_v(t_{j+1}) &= (\lambda - \mu_v S_v(t_j) - \beta_v S_v(t_j) I_h(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j) + S_v(t_j) \\ I_v(t_{j+1}) &= (\beta_v S_v(t_j) I_h(t_j) - \mu_v I_v(t_j)) \cdot (t_{j+1} - t_j) + I_v(t_j). \end{aligned} \quad (3.7)$$

Usando la discretización anterior, se procede a estimar el parámetro μ_h en función del tiempo. Dado que la tasa de mortalidad varía, es necesario ajustar el parámetro μ_h para reflejar de manera apropiada el comportamiento de la enfermedad. La población total de humanos se define como la suma de susceptibles, infectados y recuperados, es decir, $N_h(t_j) = S_h(t_j) + I_h(t_j) + R_h(t_j)$. A partir de las ecuaciones del sistema (3.7), se obtiene lo siguiente:

$$\begin{aligned} S_h(t_{j+1}) + I_h(t_{j+1}) + R_h(t_{j+1}) &= [\Lambda - \mu_h (S_h(t_j) + I_h(t_j) + R_h(t_j))] \cdot \Delta t + N_h(t_j) \\ N_h(t_{j+1}) &= [\Lambda - \mu_h N_h(t_j) - \mu I_h(t_j)] \Delta t + N_h(t_j), \end{aligned}$$

de manera que, despejando se obtiene la estimación de μ_h , dada por:

$$\hat{\mu}_h(t_j) = \frac{\Lambda - N_h(t_{j+1}) + N_h(t_j) + \mu I_h(t_j)}{N_h(t_j) \Delta t} \quad (3.8)$$

donde Λ representa el promedio de nuevos individuos (personas) por semana en la ciudad.

La gráfica correspondiente a la estimación $\hat{\mu}_h$ (ver ecuación 3.8), para $\Lambda = 7379,222 \text{ año}^{-1}$, y los datos de infectados de Bucaramanga es la figura (3.19).

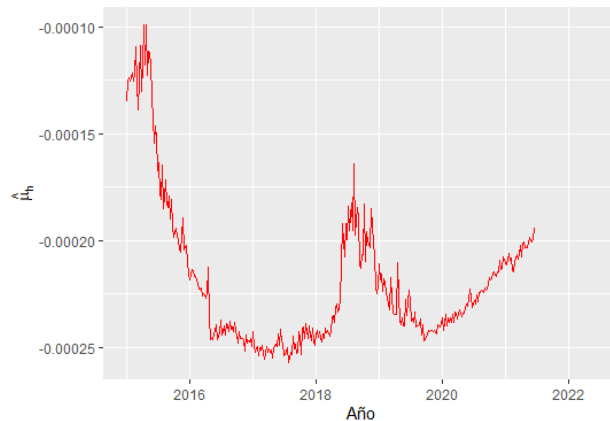


Figura 3.19: estimación de la tasa de mortalidad de humanos ($\hat{\mu}_h$)
Fuente: elaboración propia

Como se observa en la figura (3.19), la tasa de mortalidad de humanos es menor entre los años 2016 y 2018. Dado que el dengue puede llegar a ser una causa de muerte y considerando que $\hat{\mu}_h$ presenta una tendencia decreciente, este comportamiento es coherente con la cantidad de casos de dengue reportados, como se muestra en la figura (3.5). Algunos factores que pueden estar asociados a este comportamiento son los siguientes:

- **Control de Mosquitos:** Programas para controlar la población de mosquitos (*Aedes aegypti*) mediante fumigación y eliminación de criaderos reducen la incidencia del dengue ³⁸.
- **Tratamientos efectivos:** El desarrollo de tratamientos más efectivos y accesibles ayuda a manejar los síntomas del dengue de manera más eficiente ³⁹.
- **Educación Pública:** Campañas de educación pública que enseñan a las personas cómo protegerse contra las picaduras de mosquitos y cómo identificar síntomas tempranos ⁴⁰.

³⁸ Flor de María Cáceres-Manrique et al. Conocimientos, actitudes y prácticas sobre dengue en dos barrios de Bucaramanga, Colombia. En: *Revista de Salud Pública* 11 (2009), págs. 27-38.

³⁹ Stefany Alejandra Albañil Sánchez, Gueyller Yulisa Garzón Ariza y Leidy Daniela Rivera Ciendúa. Estudio descriptivo espacial de la frecuencia de los casos de dengue en los habitantes de la ciudad de Bucaramanga en el año 2010. En: (2015).

⁴⁰ Celmira Vesga-Gómez y Flor de María Cáceres-Manrique. Eficacia de la educación lúdica en la prevención del Dengue en escolares. En: *Revista de salud pública* 12 (2010), págs. 558-569.

- **Mejoras en el Saneamiento:** Mejoras en las infraestructuras de saneamiento pueden reducir los criaderos de mosquitos ³⁸.

Por otra parte, se puede estimar $\beta_h S_h(t_j) I_v(t_j)$, que representa el número de S_h susceptibles por vectores infectados I_v , por unidad de tiempo. Utilizando la recursión dada para $I_h(t_{j+1})$, se obtiene que:

$$\hat{\beta}_h S_h(t_j) I_v(t_j) = \frac{I_h(t_{j+1}) - I_h(t_j) + [(\hat{\mu}_h + \gamma + \mu) I_h(t_j)] \Delta t}{\Delta t}, \quad (3.9)$$

donde $\gamma = 0,49994$ semanas⁻¹, corresponde a la tasa de recuperación de humanos (ver la tabla (3.2)). La gráfica de la estimación $\hat{\beta}_h S_h I_v$ corresponde a la figura 3.20.

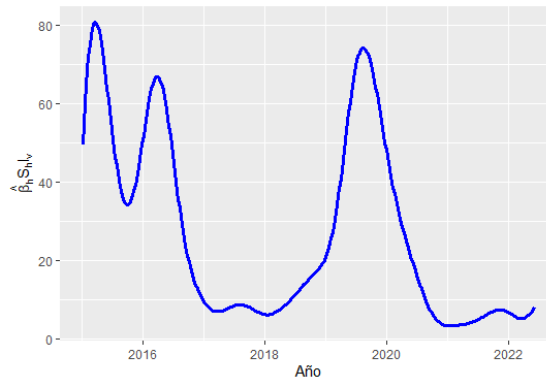


Figura 3.20: estimación $\hat{\beta}_h S_h I_v$
Fuente: elaboración propia.

De la figura (3.20), se observa que la cantidad de humanos susceptibles por los vectores infectados, presenta picos y valles. Los picos se dan en épocas secas como se puede verificar en ⁴¹.

Siguiendo el razonamiento de actualización de datos, se puede estimar que la población recuperada, $\hat{R}_h(t_{j+1})$, por:

$$\hat{R}_h(t_{j+1}) = \left[\gamma I_h(t_j) - \hat{\mu}_h(t_j) \hat{R}_h(t_j) \right] \Delta t + \hat{R}_h(t_j), \quad j \in \{1, 2, \dots, 388\}. \quad (3.10)$$

⁴¹ Giannina Torres Pérez y Daniel Ernesto Aguilar Rodríguez. Comportamiento humano y prevención de dengue: Estudio en barrios endémicos de Barranquilla, Bucaramanga y Armenia (Colombia). En: *Campos en Ciencias Sociales* 3.2 (2015), págs. 199-214.

La figura (3.21) corresponde a la estimación de humanos recuperados, tomando γ y el valor inicial del número de recuperados como en la tabla (3.5).

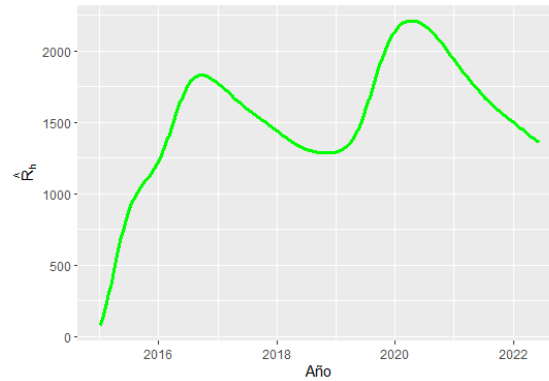


Figura 3.21: estimación de población de humanos recuperados $\hat{R}_h(t_{j+1})$
Fuente: elaboración propia.

Acorde a la figura (3.21), durante el periodo de tiempo analizado en este estudio, la cantidad de personas recuperadas por dengue muestra un aumento constante. Entre los años 2017 y 2019, dicho crecimiento fue menor; sin embargo, es importante considerar que, en ese intervalo, la cantidad de personas infectadas por dengue fue muy baja, como se observa en la gráfica (3.3).

Dado que la población susceptible en el tiempo t_n se define como $S_h(t_n) = N_h(t_n) - I_h(t_n) - R_h(t_n)$, al sustituir en la ecuación 3.7 para $S_h(t)$, se estima que la cantidad de personas susceptibles viene dada por:

$$\hat{S}_h(t_n) = [\Lambda - \mu_h S_h(t_n) - \beta_h S_h(t_n) I_v(t_n)] \cdot \Delta t + S_h(t_n),$$

La figura (3.22) corresponde a la estimación de humanos susceptibles tomando μ_h como en la tabla (3.5).

Entre los años 2015 y 2017, se registraron dos picos con un elevado número de casos de dengue (ver figura 3.1), lo que redujo la cantidad de personas susceptibles. Por otro lado, la cantidad de humanos recuperados por dengue muestra un comportamiento creciente para el mismo intervalo de tiempo. Estos hechos explican el por qué la población susceptible ha decrecido.

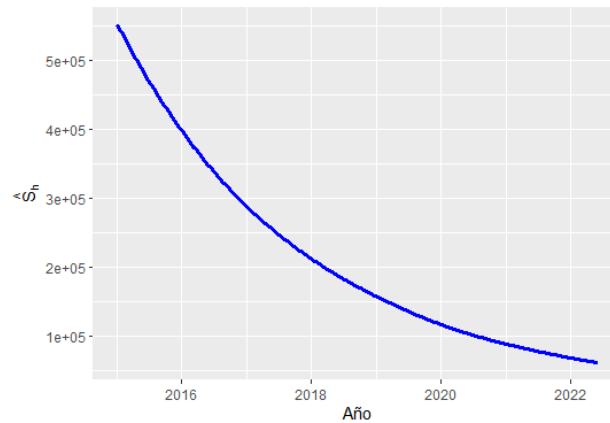


Figura 3.22: estimación $\hat{S}_h(t_{j+1})$
 Fuente: elaboración propia.

A continuación se presenta la figura (3.23), en la cual se observa la aproximación para el número de humanos infectados en función del tiempo y su comparación con los datos reales.

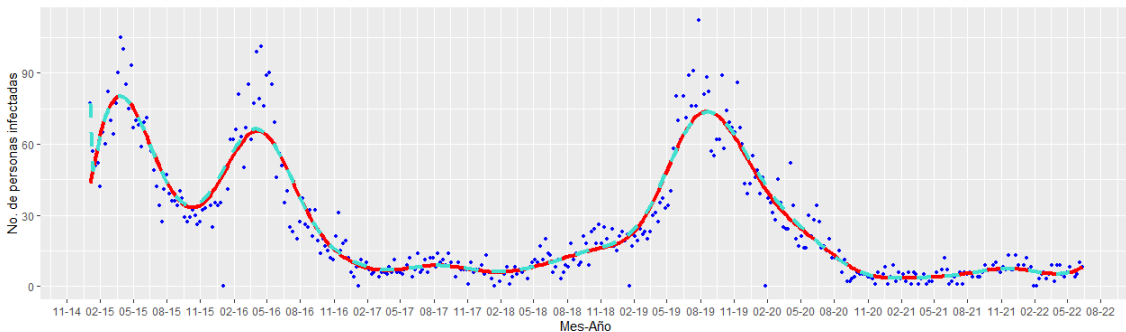


Figura 3.23: estimación $\hat{I}_h(t_{j+1})$
 Fuente: elaboración propia.

En la figura (3.23), la línea en color rojo representa la solución real obtenida de la base de datos, mientras que la línea en color turquesa muestra la aproximación $\hat{I}_h(t)$ por el método de actualización de datos, es decir, utilizando la ecuación 3.7. Los datos de infectados utilizados corresponden a la suavización del número de casos (ver figura (3.3)). Se aprecia un buen ajuste entre ambas curvas, lo que confirma la correcta implementación del método de actualización de datos en este caso.

Como no se dispone de una base de datos de la cantidad de mosquitos infectados y los susceptibles al dengue, se procede a realizar la siguiente estimación para la población de

vectores susceptible:

$$\hat{S}_v(t_{j+1}) = \lambda - \mu_v \hat{S}_v(t_j) - \beta_v \hat{S}_v(t_j) I_h(t_j) + \hat{S}_v(t_j), \quad j \in \{1, 2, \dots, 388\}. \quad (3.11)$$

donde $\lambda = 2800$, $\mu_v = 0,001 \text{ semanas}^{-1}$ y $\beta_v = 0,012744 \text{ semanas}^{-1}$, de acuerdo con la Tabla (3.2).

Al realizar la gráfica de vectores susceptibles, de acuerdo con la ecuación la ecuación (3.11), se obtiene la figura 3.24.

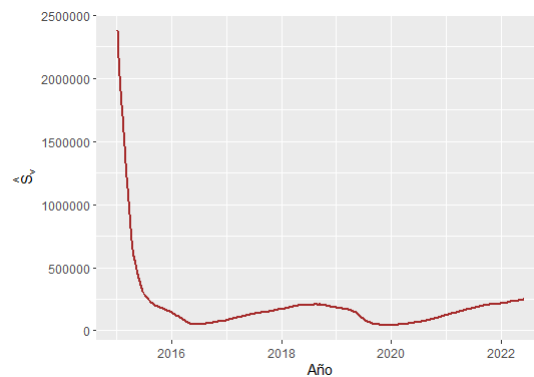


Figura 3.24: simulación de vectores susceptibles
Fuente: elaboración propia.

En la figura (3.24), se observa una disminución inicial en la población de mosquitos en el año 2015. Sin embargo, entre los años 2016 y 2022, dicha población se ha estabilizado en aproximadamente 250,000 mosquitos. La razón de cambio de los vectores susceptibles con respecto al tiempo depende directamente del parámetro β_v , el cual toma valores en el intervalo $[0, 0,75]$ días⁻¹ de acuerdo con Maíra Aguiar et al. *Mathematical models for dengue fever epidemiology: A 10-year systematic review*. En: *Physics of Life Reviews* 40 (2022), págs. 65-92, pág. 83. Se observa en la figura (3.24) que hay el número de vectores susceptibles presenta picos y valles. Los valles de esta población se tienen cuando hay picos de los vectores infectados, y, viceversa.

Dado que existen diversos valores de β_v reportados en la literatura ³, se opta por tomar diferentes valores de β_v dados en las figuras (3.25), (3.26), (3.27), (3.28), (3.29), (3.30). Esto se hace con el propósito de verificar que el número de vectores susceptible es positivo para cualquier tiempo.



Figura 3.25: Simulación de vectores susceptibles
Fuente: elaboración propia.

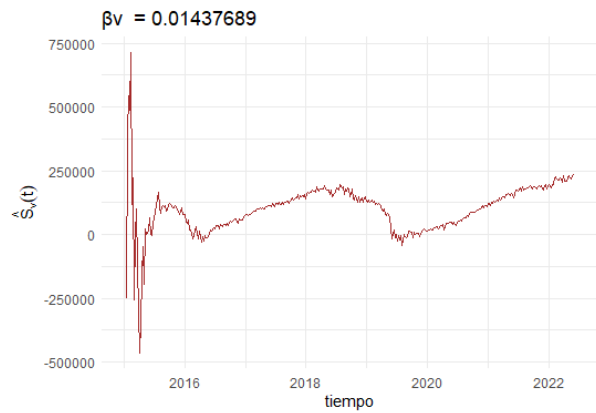


Figura 3.26: Simulación de vectores susceptibles variando β_v
Fuente: elaboración propia.

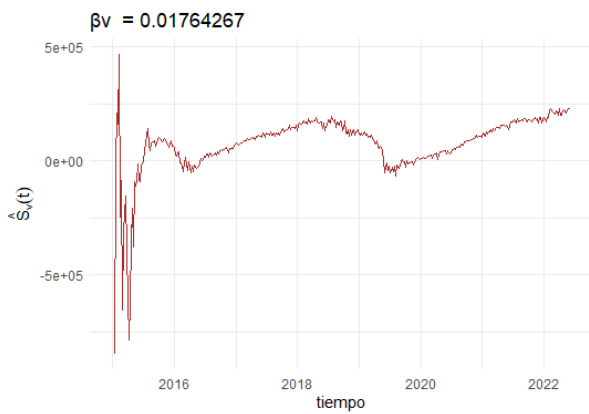


Figura 3.27: Simulación de vectores susceptibles variando β_v
Fuente: elaboración propia.

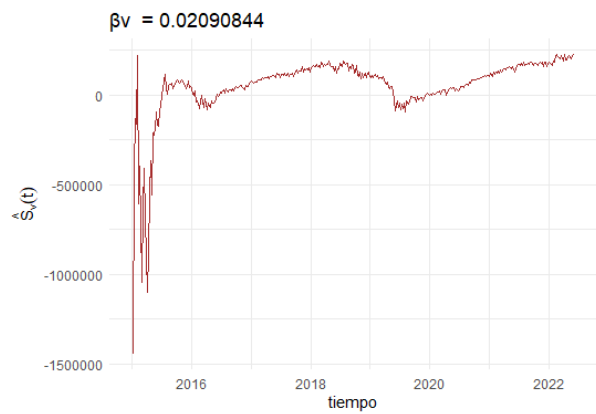


Figura 3.28: Simulación de vectores susceptibles variando β_v
Fuente: elaboración propia.

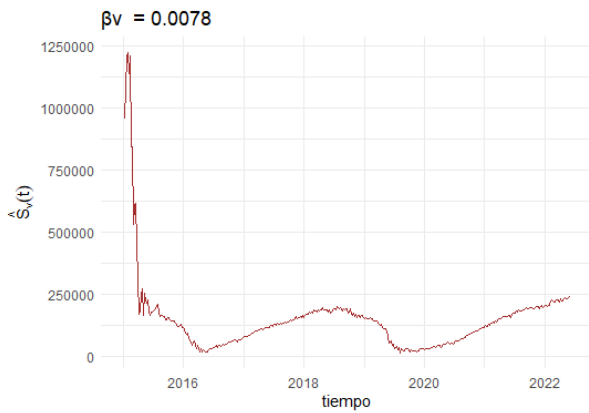


Figura 3.29: Simulación de vectores susceptibles variando β_v
Fuente: elaboración propia.



Figura 3.30: Simulación de vectores susceptibles variando β_v
Fuente: elaboración propia.

La figura (3.25) se toma el valor de $\beta_v = 0,013$, mayor que el valor dado en la tabla (3.5) para este parámetro. Se observa que el número de vectores susceptibles puede ser negativo en los primeros tiempos de la figura.

En las figuras (3.26), (3.27), y (3.28), se evidencia que el número de vectores susceptibles es negativo para un periodo de tiempo inicial. La característica de estos valores es que todos son valores del parámetro β_v son mayores que el encontrado en la literatura ³. Por otro lado, en las figuras (3.29) y (3.30), se toma el valor de β_v menor. Se observa que la estimación del número de vectores susceptibles toma valores plausibles para cada tiempo, por ser todos mayores que cero.

Del anterior párrafo se concluye que es necesario considerar el parámetro β_v mayor que algún valor, el cual de acuerdo con el método de actualización de datos es mayor que 0,0078. Esto quiere decir que este parámetro es desconocido, y por consiguiente se sugiere tomarlo aleatorio, es decir, asumir una distribución que tenga un valor mínimo, como por ejemplo, una distribución Pareto ⁴².

Dado que la ecuación que representa el comportamiento de los vectores infectados está directamente relacionada con el parámetro β_v , y que se encontró que algunos valores

⁴² Barry C Arnold. Pareto and generalized Pareto distributions. En: *Modeling income distributions and Lorenz curves*. Springer, 2008, págs. 119-145.

de este parámetro provocan inconsistencias en el modelo SIR-SI, se presentan en las figuras (3.31) y (3.32) la estimación de esta población con los valores plausibles de los estimadores, de acuerdo con las figuras (3.29) y (3.30).

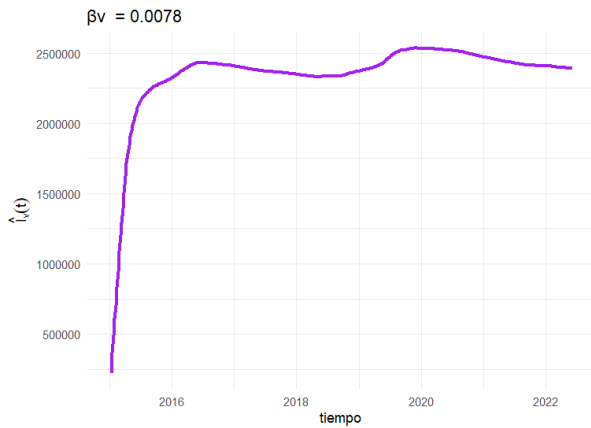


Figura 3.31: Simulación de vectores infectados variando β_v
Fuente: elaboración propia.

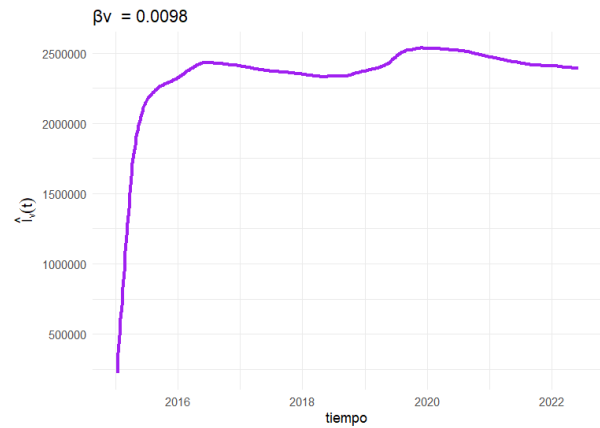


Figura 3.32: Simulación de vectores infectados variando β_v
Fuente: elaboración propia.

En las figuras (3.29) y (3.30) se observa el número de vectores susceptibles está alrededor de 250000 individuos, sin importar el parámetro β_v considerado. Esto quiere decir que el dengue es una enfermedad endémica, porque siempre se va a tener individuos infectados.

4. Conclusiones

La estimación inicialmente en este trabajo es por mínimos cuadrados ordinarios (MCO), implementando el método cuasi-Newton L-BFGS, mediante la función `optim` en lenguaje R. A través de simulaciones se determina que los parámetros estimados son cercanos a los parámetros reales, por lo que, en un principio se garantiza que es adecuada esta metodología para un conjunto de datos de infectados con un meta-análisis robusto, como lo es la base de datos del dengue en Bucaramanga. Sin embargo, se determina que para estos datos los valores mínimos se presentan para alguno de los parámetros negativos, por lo que se sugiere utilizar una estimación por un método no paramétrico que utilice el meta-análisis realizado y los datos del número de infectados: El *método de actualización de datos* ha sido explorado en análisis previos⁴³.

Se determina que el parámetro β_v , tasa de infección de los vectores, debe considerarse como una variable aleatoria que sigue una distribución de probabilidad, ya que para distintos valores de este parámetro se estima la población de vectores susceptibles como valores negativos. Así, la distribución de β_v debe ser modelada con base en aquellos valores donde el número de susceptibles e infectados son positivos.

⁴³ A. Ríos-Gutiérrez, S. Torres y V. Arunachalam, "An updated estimation approach for SEIR models with stochastic perturbations: Application to COVID-19 data in Bogotá," *PLOS ONE*, vol. 18, no. 8, p. e0285624, 2023.

Bibliografía

- Aguiar, Maíra, Bob Kooi y Nico Stollenwerk. Epidemiology of dengue fever: A model with temporary cross-immunity and possible secondary infection shows bifurcations and chaotic behaviour in wide parameter regions. En: *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* 3.4 (2008), págs. 48-70 (vid. págs. 38, 66, 68).
- Aguiar, Maíra et al. Mathematical models for dengue fever epidemiology: A 10-year systematic review. En: *Physics of Life Reviews* 40 (2022), págs. 65-92 (vid. pág. 66).
- Albañil Sánchez, Stefany Alejandra, Gueyller Yulisa Garzón Ariza y Leidy Daniela Rivera Ciendúa. Estudio descriptivo espacial de la frecuencia de los casos de dengue en los habitantes de la ciudad de Bucaramanga en el año 2010. En: (2015) (vid. pág. 62).
- Anderson, David F y SysBioM Seminar. Connections, similarities, and differences between stochastic and deterministic models of biochemical reaction systems. En: *Systems Biomedical Seminar*. 2014 (vid. pág. 16).
- Arnold, Barry C. Pareto and generalized Pareto distributions. En: *Modeling income distributions and Lorenz curves*. Springer, 2008, págs. 119-145 (vid. pág. 68).
- Beguirie, Julieta et al. Dengue. Revisión actualizada. En: *Archivos Argentinos de Dermatología* 70 (mar. de 2022), págs. 1-7 (vid. pág. 38).
- Bhatt, Samir et al. The global distribution and burden of dengue. En: *Nature* 496.7446 (2013), págs. 504-507 (vid. pág. 18).
- Bonyah, Ebenezer y Kazeem Oare Okosun. Mathematical modeling of Zika virus. En: *Asian Pacific Journal of Tropical Disease* 6.9 (2016), págs. 673-679.
- Bouza, Carlos, Sira Allende y Malay Taylor. Un análisis matemático de epidemias transmitidas por el Aedes Aegypti: Dengue, Chikungunya y Zika. En: *Modelos Matemáticos para el Estudio de Medio Ambiente, Salud y Desarrollo Humano* 3 (2017), págs. 135-146 (vid. pág. 60).

- Brady, Oliver J et al. Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus. En: *PLoS Negl Trop Dis*. 8 (2012) (vid. págs. 17, 38).
- Burden, Richard L y J Douglas Faires. *Numerical analysis*. Brooks Cole, 1997 (vid. págs. 22, 23, 81).
- Byrd, Richard H et al. A limited memory algorithm for bound constrained optimization. En: *SIAM Journal on scientific computing* 16.5 (1995), págs. 1190-1208 (vid. pág. 11).
- C., Pérez López. *Econometria basica: tecnicas y herramientas*. Pearson, 2007.
- Cáceres-Manrique, Flor de María et al. Conocimientos, actitudes y prácticas sobre dengue en dos barrios de Bucaramanga, Colombia. En: *Revista de Salud Pública* 11 (2009), págs. 27-38 (vid. págs. 62, 63).
- Cai, Li-Ming, Xue-Zhi Li y Zhaoqiang Li. Dynamical behavior of an epidemic model for a vector-borne disease with direct transmission. En: *Chaos, Solitons & Fractals* 46 (2013), págs. 54-64 (vid. pág. 17).
- Chaparro-Narváez, Pablo, Willian León-Quevedo y Carlos Andrés Castañeda-Orjuela. Comportamiento de la mortalidad por dengue en Colombia entre 1985 y 2012. En: *Biomédica* 36 (2016), págs. 125-134 (vid. págs. 41, 47).
- Chong, Edwin KP, Wu-Sheng Lu y Stanislaw H Zak. *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*. John Wiley & Sons, 2023 (vid. págs. 29, 30, 32, 77, 80, 89).
- DANE, Dirección de Censos y Demografía. *Estadísticas Vitales - EEVV, Cifras Definitivas año 2021*. 2022.
- *Metodología General de Proyecciones de Población y Estudios Demográficos (PPED)*. 2021 (vid. págs. 46, 47).
 - *Metodología General de Proyecciones de Población y Estudios Demográficos (PPED)*. 2021 (vid. pág. 42).

- Davidon, William. Variable metric method for minimization. En: *SIAM Journal on optimization* 1.1 (1991), págs. 1-17 (vid. pág. 28).
- Díaz-Quijano, Fredi et al. Pluviosidad como predictor de consulta por síndrome febril agudo en un área endémica de dengue. En: *Revista de Salud Pública* 10 (2008), págs. 250-259 (vid. pág. 51).
- Dietz, Klaus y JAP Heesterbeek. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. En: *Mathematical biosciences* 180.1-2 (2002), págs. 1-21 (vid. págs. 13, 14).
- documentation, R. *Ode function*. 2024. URL: <https://www.rdocumentation.org/packages/deSolve/versions/1.40/topics/ode>.
- Enduri, Murali Krishna y Shivakumar Jolad. Dynamics of dengue disease with human and vector mobility. En: *Spatial and spatio-temporal epidemiology* 25 (2018), págs. 57-66 (vid. págs. 41, 47, 51).
- Feng, Zhilan y Jorge X Velasco-Hernández. Competitive exclusion in a vector-host model for the dengue fever. En: *Journal of mathematical biology* 35 (1997), págs. 523-544 (vid. pág. 17).
- George Casella, Roger L. Berger. *Statistical Inference*. 2.^a ed. Duxbury Press, 2001.
- Hastie, Trevor J. Generalized additive models. En: *Statistical models in S*. Routledge, 2017, págs. 249-307 (vid. pág. 36).
- Instituto Nacional de Salud. *Informe de evento Dengue, Código 210, 220, 580 de 2021*. Enlace web: <https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/Informesdeevento/DENGUE%20INFORME%202021.pdf>. 2021 (vid. pág. 43).
- Karline Soetaert, Thomas Petzoldt y R. Woodrow Setzer. Solving Differential Equations in R: Package deSolve. En: *Journal of Statistical Software* 33.9 (2010), págs. 1-25. DOI: 10.18637/jss.v033.i09 (vid. pág. 24).
- Kermack, MKAM y A Mckendrick. Contributions to the mathematical theory of epidemics. Part I. En: *Proc. r. soc. a* 115.5 (1927), págs. 700-721 (vid. págs. 14, 15).

- Kristiani, Farah, Nor Azah Samat y Sazelli bin Ab Ghani. The SIR-SI model with age-structured human population for dengue disease mapping in Bandung, Indonesia. En: *Model Assisted Statistics and Applications* 12.2 (2017), págs. 151-161 (vid. pág. 11).
- Lee, Eva K, Yifan Liu y Ferdinand H Pietz. A compartmental model for Zika virus with dynamic human and vector populations. En: *AMIA Annual Symposium Proceedings*. Vol. 2016. American Medical Informatics Association. 2016, pág. 743 (vid. págs. 45-47).
- Lee, Young Ho. An overview of meta-analysis for clinicians. En: *The Korean journal of internal medicine* 33.2 (2017), pág. 277 (vid. pág. 58).
- Lizarralde-Bejarano, Diana Paola, Sair Arboleda-Sánchez y María Eugenia Puerta-Yepes. Understanding epidemics from mathematical models: Details of the 2010 dengue epidemic in Bello (Antioquia, Colombia). En: *Applied Mathematical Modelling* 43 (2017), págs. 566-578 (vid. págs. 41, 47).
- López, Leonardo y Xavier Rodo. A modified SEIR model to predict the COVID-19 outbreak in Spain and Italy: simulating control scenarios and multi-scale epidemics. En: *Results in Physics* 21 (2021), pág. 103746 (vid. pág. 89).
- Organización Mundial de la Salud. *Dengue y dengue grave*. Enlace web: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>. 2024 (vid. págs. 11, 46, 51).
- Pérez, Giannina Torres y Daniel Ernesto Aguilar Rodríguez. Comportamiento humano y prevención de dengue: Estudio en barrios endémicos de Barranquilla, Bucaramanga y Armenia (Colombia). En: *Campos en Ciencias Sociales* 3.2 (2015), págs. 199-214 (vid. pág. 63).
- Poole, David. *Algebra Lineal. Una Introducción Moderna*. 3.^a ed. Cengage Learning, 2011 (vid. pág. 77).
- R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2018 (vid. págs. 11, 24, 27, 46).

- Ramírez-Soto, M. et al. SIR-SI model with a Gaussian transmission rate: Understanding the dynamics of dengue outbreaks in Lima, Peru. En: *Plos one* 18.4 (2023), e0284263 (vid. pág. 11).
- Ríos-Gutiérrez, Andrés, Soledad Torres y Viswanathan Arunachalam. An updated estimation approach for SEIR models with stochastic perturbations: Application to COVID-19 data in Bogotá. En: *Plos One* 18.8 (2023), e0285624 (vid. págs. 14, 42).
- An updated estimation approach for SEIR models with stochastic perturbations: Application to COVID-19 data in Bogotá. En: *Plos one* 18.8 (2023), e0285624 (vid. págs. 12, 47).
- Rubenstein, Paul K et al. From deterministic ODEs to dynamic structural causal models. En: *arXiv preprint arXiv:1608.08028* (2016) (vid. pág. 16).
- Ruiz, Nicolás et al. Dinámica de oviposición de *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Diptera: Culicidae), estado gonadotrófico y coexistencia con otros culícidos en el área Metropolitana de Bucaramanga, Colombia. En: *Revista de la Universidad Industrial de Santander. Salud* 50.4 (2018), págs. 308-319.
- Ruppert, David y Matthew P Wand. Multivariate locally weighted least squares regression. En: *The annals of statistics* (1994), págs. 1346-1370 (vid. pág. 37).
- Samat, NA y SH Mohd Imam Ma'arof. Disease mapping based on stochastic SIR-SI model for Dengue and Chikungunya in Malaysia. En: *AIP Conference Proceedings*. Vol. 1635. 1. American Institute of Physics. 2014, págs. 227-234 (vid. pág. 11).
- Sardar, Tridip, Sourav Rana y Joydev Chattopadhyay. A mathematical model of dengue transmission with memory. En: *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation* 22.1-3 (2015), págs. 511-525 (vid. págs. 41, 47).
- Sebastián, Ríos Gutiérrez Andrés. *Modelos epidemiológicos estocásticos y su inferencia: casos SIS y SEIR*. 2018-11-08 (vid. págs. 15, 16).
- Sestelo, Marta et al. npregfast: an R package for nonparametric estimation and inference in life sciences. En: *Journal of Statistical Software* 82 (2017), págs. 1-27 (vid. págs. 37, 85).

- Siritt, Maria Eugenia Guzman et al. Dengue: a continuing global threat. En: *Nature Reviews Microbiology* 8.12 (2010), S7-S16 (vid. pág. 39).
- Sowilem, Mohamed M, Hany A Kamal y Emad I Khater. Life table characteristics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Saudi Arabia. En: (2013) (vid. pág. 18).
- Uribarri, Salvador Galindo, Mario Alberto Rodríguez Meza y Jorge Luis Cervantes Cota. Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. En: *CIENCIA ergo-sum, Revista Científica Multidisciplinaria de Prospectiva* 20.3 (2013), págs. 238-246 (vid. págs. 15, 16).
- Vesga-Gómez, Celmira y Flor de María Cáceres-Manrique. Eficacia de la educación lúdica en la prevención del Dengue en escolares. En: *Revista de salud pública* 12 (2010), págs. 558-569 (vid. pág. 62).
- Wei, Hui-Ming, Xue-Zhi Li y Maia Martcheva. An epidemic model of a vector-borne disease with direct transmission and time delay. En: *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 342.2 (2008), págs. 895-908 (vid. pág. 60).
- Wright, Stephen J. *Numerical optimization*. 2006 (vid. págs. 29, 30, 32, 34, 85).
- Zill, Dennis G, Michael R Cullen y Warren S Wright. *Differential equations with boundary-value problems*. Brooks/Cole Publishing Company, 1997.

ANEXOS

Anexo A. Fundamentos de Álgebra Lineal

A continuación, se presentarán algunas definiciones importantes en este contexto, como por ejemplo, producto punto de vectores en \mathbb{R}^n , distancia o norma y diferenciabilidad. Para detalles adicionales, consultar las referencias David Poole. *Algebra Lineal. Una Introducción Moderna*. 3.^a ed. Cengage Learning, 2011, Capítulo 1, pág. 20 y Chong, Lu y Zak, *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*, Chapter 3.4, 5, 6.

Definición .0.1. Si $u = (u_1, u_2, \dots, u_n)$ y $v = (v_1, v_2, \dots, v_n)$ son dos vectores de \mathbb{R}^n , el **producto punto** $u \cdot v$ de u y v se define mediante

$$u \cdot v = u_1v_1 + u_2v_2 + \dots + u_nv_n.$$

La **longitud** o **norma** de un vector $v = (v_1, v_2, \dots, v_n)$ en \mathbb{R}^n es el escalar no negativo $\|v\|$ definido por

$$\|v\| = \sqrt{v \cdot v} = \sqrt{v_1^2 + v_2^2 + \dots + v_n^2}.$$

Observación .0.2. La distancia entre dos vectores es el análogo a distancia entre dos puntos en el plano cartesiano.

Las operaciones matriciales son análogas a las operaciones sobre los números reales, sin embargo, veamos una operación que no tiene tal análogo.

Definición .0.3. La **transpuesta** de una matriz A de $m \times n$ es la matriz A^T , de $n \times m$ que se obtiene al intercambiar los renglones y columnas de A . Esto es: la i -ésima columna de A^T es el i -ésimo renglón de A para toda i .

Sean X y Y matrices (cuyos tamaños son tales que pueden realizarse las operaciones indicadas) y k un escalar, las siguientes afirmaciones son algunas propiedades de la transpuesta.

1. $(X^T)^T = X$
2. $(X + Y)^T = X^T + Y^T$

$$3. (XY)^T = Y^T X^T$$

$$4. (kX)^T = kX^T$$

Para el caso de matrices cuadradas, es decir, de tamaño $n \times n$ se define el siguiente tipo especial de matriz.

Definición .0.4. Una matriz cuadrada A es **simétrica** si $A = A^T$; es decir, si A es igual a su matriz transpuesta.

Ejemplo .0.5. La siguiente matriz es simétrica, considere

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 2 \\ 3 & 5 & 0 \\ 2 & 0 & 4 \end{pmatrix} = A^T.$$

Dada una matriz Q que no sea simétrica, podemos encontrar una matriz Q_0 que si sea simétrica mediante el siguiente procedimiento:

$$Q_0 = Q_0^T = \frac{1}{2}(Q + Q^T). \quad (1)$$

Ejemplo .0.6. Sea Q una matriz que no es simétrica, es decir:

$$Q = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ -1 & 3 \end{pmatrix} \neq \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ 2 & 3 \end{pmatrix} = Q^T,$$

notemos que aplicando 1, la matriz

$$\begin{aligned} Q_0 = Q_0^T &= \frac{1}{2} \left(\begin{pmatrix} 1 & 2 \\ -1 & 3 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ 2 & 3 \end{pmatrix} \right) \\ &= \begin{pmatrix} 1 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & 3 \end{pmatrix}, \end{aligned}$$

es una matriz simétrica.

Definición .0.7. Sea A una matriz cuadrada de tamaño $n \times n$, $\lambda \in \mathbb{R}$ es un **valor propio** de A si existe un vector $x \neq 0$, $x \in \mathbb{R}^n$ tal que:

$$Ax = \lambda x.$$

Al vector $x \in \mathbb{R}^n$ se le conoce como valor propio asociado a λ .

Ejemplo .0.8. 5 es un valor propio de la matriz A , definida como

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 4 & 3 \end{bmatrix}.$$

Este hecho se evidencia al encontrar un vector $x \neq 0 \in \mathbb{R}^2$ tal que la ecuación $(A - 5I)x = 0$, donde I es la matriz identidad de 2×2 , es decir

$$(A - 5I)x = \left(\begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 4 & 3 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} 5 & 0 \\ 0 & 5 \end{bmatrix} \right) x = \begin{bmatrix} -4 & 2 \\ 4 & -2 \end{bmatrix} x = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

Por consiguiente, si $x = (x_1, x_2)$,

$$\begin{bmatrix} -4 & 2 \\ 4 & -2 \end{bmatrix} (x_1, x_2) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} -4x_1 + 2x_2 \\ 4x_1 - 2x_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix},$$

luego, resolviendo el sistema lineal de ecuaciones 2×2 se llega a la solución $x_1 = \frac{1}{2}x_2$.

Así, $x = (x_1, x_2) = (\frac{1}{2}x_2, x_2) \neq 0$.

Definición .0.9. Una forma **cuadrática** $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ es una función

$$f(x) = x^T Q x,$$

donde Q es una matriz de tamaño $n \times n$.

Observación .0.10. Si la matriz Q no fuese simétrica, utilizando la ecuación (1), tenemos que la forma cuadrática es:

$$x^T \left(\frac{1}{2}Q + \frac{1}{2}Q^T \right) x.$$

Definición .0.11. Una matriz simétrica A con entradas reales es **definida positiva**, lo cual denotaremos por $A > 0$, si $x^T A x > 0$ para todo vector $x \in \mathbb{R}^n$.

Análogamente, diremos que A es **definida negativa**, $A < 0$, si $x^t Ax < 0$ para todo vector $x \in \mathbb{R}^n$.

En la práctica el anterior procedimiento para determinar si la matriz es definida positiva no es necesariamente sencillo, por ende, una forma alternativa de probar esto es usando determinantes, dada la matriz

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \cdots & a_{nn} \end{pmatrix}$$

Consideremos el determinante de A y los determinantes obtenidos luego de remover la última fila y la última columna de la siguiente manera:

$$\Delta_1 = a_{11}, \Delta_2 = \det \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix}, \Delta_3 = \det \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \end{bmatrix}, \dots, \Delta_n = \det A,$$

donde Δ_i , con $i = \{1, 2, \dots, n\}$ denota un determinante principal de A .

El siguiente resultado, enuncia como a partir de conocer los determinantes principales de la matriz A , podemos determinar cuando la matriz es definida positiva, también conocido como el criterio de Sylvester, ver Chong, Lu y Zak, *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*, Chapter 3.4.

Teorema .0.12. *Una forma cuadrática $x^T Q x$ con $Q = Q^T$, es definida positiva si y solo si los determinantes principales de Q son positivos.*

Ejemplo .0.13. *Consideremos la matriz*

$$A = \begin{pmatrix} 3 & 0 & 1 \\ 0 & 4 & 2 \\ 1 & 2 & 3 \end{pmatrix},$$

todos sus determinantes principales son positivos, es decir, tenemos:

$$\Delta_1 = 3 > 0, \Delta_2 = \det \begin{pmatrix} 3 & 0 \\ 0 & 4 \end{pmatrix} = 12 > 0, \Delta_3 = \det A = 20 > 0.$$

Por lo tanto, la matriz A es definida positiva.

El siguiente resultado es la conocida formula de **Sherman-Morrison**.

Teorema .0.14. *Suponga que A es una matriz cuadrada de tamaño $n \times n$ con entradas reales y sean $u, v \in \mathbb{R}^n$, vectores columna. Entonces $A + uv^T$ es invertible si y solo si $1 + v^T A^{-1}u \neq 0$. En este caso*

$$(A + uv)^{-1} = A^{-1} - \frac{A^{-1}uv^T A^{-1}}{1 + v^T A^{-1}u}.$$

Anexo B. Condiciones iniciales de un sistema bien planteado

Es fundamental tener en cuenta las siguientes definiciones y resultados de la teoría de ecuaciones diferenciales Burden y Faires, *Numerical analysis*, Capítulo 5, para determinar que un sistema tiene bien planteadas sus condiciones iniciales, y con ello, posteriormente se pueda aproximar su solución por métodos numéricos.

Definición .0.15. *Una función $f(t, y)$ se dice que satisface la **condición de Lipschitz** en la variable y en un conjunto $D \subseteq \mathbb{R}^2$, si existe una constante $L > 0$ tal que*

$$|f(t, y_1) - f(t, y_2)| \leq L|y_1 - y_2|,$$

para (t, y_1) y (t, y_2) en el conjunto D . La constante L es llamada **constante de Lipschitz** para f .

En la práctica, verificar si una función es Lipschitz a partir de esta definición no suele ser el método más eficiente. Sin embargo, existe un teorema que permite establecer la condición de Lipschitz de una manera alternativa, ver Burden y Faires, *Numerical analysis*, Capítulo 5.1, pág 261.

Definición .0.16. *Un conjunto $D \subseteq \mathbb{R}^2$ es llamado **convexo** si para cualesquiera $(t, y_1), (t, y_2)$ que pertenecen al conjunto D se tiene que $((1 - \lambda)t_1 + \lambda t_2, (1 - \lambda)y_1 + \lambda y_2)$ también pertenece a D , para todo λ en $[0, 1]$.*

Desde un punto de vista geométrico, la definición anterior implica que si para cualquier par de puntos en D , el segmento de recta que los une también se encuentra completamente contenido en D entonces el conjunto es convexo.

Teorema .0.17. Supongamos que $f(t, y)$ está definida en un conjunto $D \subseteq \mathbb{R}^2$ convexo. Si existe una constante $L > 0$ tal que

$$\left| \frac{\partial f(t, y)}{\partial y} \right| \leq L, \text{ para todo } (t, y) \in D,$$

entonces f satisface la **condición de Lipschitz** en D .

El siguiente resultado es de suma importancia porque establece las condiciones necesarias para que estudiar el problema de valor inicial sea significativo.

Teorema .0.18. Supongamos que $D = \{(t, y) \mid a \leq t \leq b, -\infty < y < \infty\}$. Si f es continua y satisface la condición de Lipschitz en la variable y , sobre el conjunto D , entonces el problema de valor inicial

$$\frac{dy}{dt} = f(t, y), \quad a \leq t \leq b, \quad y(a) = \alpha,$$

está bien planteado.

Ejemplo .0.19. Considere el problema de valor inicial

$$\frac{dy}{dt} = y - t^2 + 1, \quad 0 \leq t \leq 2, \quad y(0) = \frac{1}{2}.$$

Si $D = \{(t, y) \mid 0 \leq t \leq 2, -\infty < y < \infty\}$, se puede mostrar que D es convexo y como $f(t, y)$ es continua, basta verificar que f satisface la condición de Lipschitz, con ayuda del Teorema .0.17.

$$\left| \frac{\partial (y - t^2 + 1)}{\partial y} \right| = |1| = 1,$$

entonces f satisface la condición de Lipschitz con constante $L = 1$ y por el Teorema .0.18, el problema **está bien planteado.**

Por otra parte, la siguiente definición también permite establecer en qué circunstancias un problema de valor inicial está bien planteado.

Definición .0.20. El problema de valor inicial

$$\frac{dy}{dt} = f(t, y), \quad a \leq t \leq b, \quad y(a) = \alpha,$$

está bien planteado si:

1. existe solución única $y(t)$,
2. existen constantes ϵ_0 y $k > 0$, tales que para todo ϵ , con $\epsilon_0 > \epsilon > 0$, siempre que $\delta(t)$ sea una función continua con $|\delta(t)| < \epsilon$ para todo $t \in [a, b]$, y $|\delta_0| < \epsilon$, el problema de valor inicial

$$\frac{dz}{dt} = f(t, z) + \delta(t), \quad a \leq t \leq b, \quad z(a) = \alpha + \delta_0,$$

tiene solución única $z(t)$, tal que $|z(t) - y(t)| < k\epsilon, \quad \forall t \in [a, b]$.

Anexo C. Regresión no paramétrica

Para estimar la función de regresión se debe tener en cuenta que:

$$\phi(x) = E(Y|X) = \int y f(x|y) dy = \int y \frac{f(x, y)}{f(x)} dy = \frac{1}{f(x)} \int y f(x, y) dy. \quad (2)$$

Donde $E(Y|X)$ es la variable aleatoria de la esperanza condicional de Y dado X . La expresión $f(x|y)$ corresponde a la función de densidad de probabilidad condicional de Y dado X la cual se calcula a través de la función de densidad de probabilidad de X y la función **densidad de probabilidad conjunta** de X, Y .

Se utiliza una función tipo Kernel, por ejemplo, el Kernel Gaussiano, para estimar las funciones $f(x, y)$ y $f(x)$. El Kernel Gaussiano se define por:

$$K(s) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{s^2}{2}\right) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{\left(-\frac{s^2}{2}\right)}. \quad (3)$$

Luego de calcular la función de tipo Kernel al valor $\frac{x-x_i}{h}$, se obtiene la función de **densidad de probabilidad** para X_i , si $X_i \sim Normal(x_i, h^2)$.

$$\frac{1}{h} K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}h} \exp\left(-\frac{(x-x_i)^2}{2h^2}\right), \quad (4)$$

donde h se conoce como ancho de banda.

Usando la ecuación (4), se estima la función de densidad de probabilidad conjunta para el vector (x_i, y_i) , la cual viene dada por:

$$\hat{f}(x_i, y_i) = \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) \frac{1}{h_y} K\left(\frac{y-y_i}{h_y}\right),$$

asumiendo que las variables aleatorias correspondientes X_i y Y_i son independientes. En consecuencia, se estima la función **densidad de probabilidad conjunta** de X, Y mediante la siguiente media aritmética:

$$\hat{f}(x, y) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) \frac{1}{h_y} K\left(\frac{y-y_i}{h_y}\right). \quad (5)$$

Así, reemplazando la ecuación (5), en (2), la estimación de la **función de regresión** por el método Kernel corresponde a:

$$\hat{\phi}(x) = \frac{1}{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h}\right)} \int y \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) \frac{1}{h_y} K\left(\frac{y-y_i}{h_y}\right) dy. \quad (6)$$

Se puede verificar que $\int y \frac{1}{h_y} K\left(\frac{y-y_i}{h_y}\right) dy = y_i$; de manera que la función de regresión estimada tipo Kernel corresponde a

$$\hat{\phi}(x) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h_x}\right) y_i}{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h_x}\right)}. \quad (7)$$

Tomando $w_i = \frac{K\left(\frac{x-x_i}{h_x}\right)}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x-x_i}{h_x}\right)}$, se tiene que el estimador de la función de regresión por el método Kernel corresponde a:

$$\hat{\phi}(x) = \sum_{i=1}^n w_i y_i. \quad (8)$$

De esta manera, se escribe la regresión tipo Kernel por:

$$\begin{pmatrix} \phi_1(x) \\ \phi_2(x) \\ \vdots \\ \phi_n(x) \end{pmatrix} = \mathbf{WY} + \epsilon = \begin{pmatrix} w_{11} & w_{12} & \cdots & w_{1n} \\ w_{21} & w_{22} & \cdots & w_{2n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ w_{n1} & w_{n2} & \cdots & w_{nn} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \\ \vdots \\ \epsilon_n \end{pmatrix},$$

donde $w_{ij} = \frac{K\left(\frac{x_i-x_j}{h_x}\right)}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{h_x} K\left(\frac{x_i-x_j}{h_x}\right)}$. La matriz \mathbf{W} es la matriz de suavizado.

Por otra parte, en ⁷, se implementa la regresión tipo **LOESS** ponderada (**LOWESS**), en la cual se minimiza la siguiente expresión:

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{\phi}(x))^2 w_{ij}.$$

Anexo D. Ecuaciones de Wolfe

Se busca determinar condiciones para encontrar el mínimo de una función ϕ definida por:

$$\phi(\alpha) = f(x_k + \alpha p_k), \quad \alpha > 0, \quad (9)$$

donde $p_k = B_k^{-1} \nabla f_k$. En el marco de los métodos cuasi-Newton, se considera que la longitud de paso inicial es $\alpha = 1$ y B_k representa una aproximación de la Hessiana $\nabla^2 f(x_k)$, la cual es actualizada en cada iteración.

A continuación se describen las condiciones fundamentales para garantizar el descenso de la función objetivo ϕ (ver ecuación 9). Para más detalles, se recomienda consultar ⁴.

Definición .0.21. La **condición de descenso** de la función $\phi(\alpha)$ se define como:

$$f(x_k + \alpha p_k) \leq f(x_k) + c_1 \alpha \nabla f_k^T p_k, \quad (10)$$

donde $c_1 \in (0, 1)$ es una constante que controla la magnitud del descenso, en la práctica esta constante suele ser muy pequeña; por ejemplo, se utiliza frecuentemente $c_1 = 10^{-4}$.

Debido a que la condición de descenso (ver definición .0.21) por sí sola no resulta siempre suficiente y es necesario excluir algunos pasos demasiado cortos entre iteraciones, se establece la condición de curvatura como complemento para asegurar un comportamiento adecuado de la función.

Definición .0.22. La **condición de curvatura** para la función $\phi(\alpha)$, con longitud de paso α_k se define como:

$$\nabla f(x_k + \alpha_k p_k)^T p_k \geq c_2 \nabla f_k^T p_k, \quad (11)$$

donde la constante $c_2 \in (c_1, 1)$, siendo c_1 el valor obtenido a partir de la condición de descenso (ver definición .0.21).

Las condiciones suficientes de descenso y curvatura son ampliamente conocidas como las **ecuaciones de Wolfe**. Las ecuaciones relacionadas con estas condiciones son:

$$\begin{aligned} f(x_k + \alpha_k p_k) &\leq f(x_k) + c_1 \alpha_k \nabla f_k^T p_k, \\ \nabla f(x_k + \alpha_k p_k)^T p_k &\geq c_2 \nabla f_k^T p_k, \end{aligned} \quad (12)$$

donde $0 < c_1 < c_2 < 1$.

Anexo E. Preliminares teóricos de los métodos de optimización

La siguiente definición introduce el concepto de **diferenciabilidad**, una herramienta fundamental para minimizar una función sujeta a unas restricciones, es decir, resolver el problema

$$\begin{aligned} &\text{mín } f(x) \\ &\text{sujeto a } l \leq x \leq u. \end{aligned}$$

Definición .0.23. Una función $\mathcal{A} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^m$ es **afín** si existe una función lineal $\mathcal{L} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^m$ y un vector $y \in \mathbb{R}^m$ tal que

$$\mathcal{A}(x) = \mathcal{L}(x) + y,$$

para todo $x \in \mathbb{R}^n$.

Una función afín es de hecho una función lineal con una traslación.

Ejemplo .0.24. Considere la función $\mathcal{L}(x, y) = (2x, y - 4x)$ y el vector $y = (3, 1) \in \mathbb{R}^2$, entonces la función

$$\begin{aligned} \mathcal{A}(x) : \mathbb{R}^2 &\rightarrow \mathbb{R}^2 \\ (x, y) &\mapsto (2x, y - 4x) + (3, 1), \end{aligned}$$

es una función afín.

Con base en la definición anterior, una función $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^m$, con $\Omega \subseteq \mathbb{R}^n$ es **diferenciable** en $x_0 \in \Omega$ si existe una función afín que se aproxime a f cerca de x_0 , es decir, existe una función $\mathcal{L} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^m$ tal que

$$\lim_{x \rightarrow x_0, x \in \Omega} \frac{\|f(x) - (\mathcal{L}(x - x_0) + f(x_0))\|}{\|x - x_0\|} = 0,$$

donde $\|\cdot\|$ es la norma. La función lineal \mathcal{L} es llamada la derivada de f en x_0 . Más aún, f se dice diferenciable en Ω , si f es diferenciable en todo punto de Ω .

El estudio de los métodos de optimización Newton y cuasi-Newton, se basa en aproximar la función a optimizar mediante la expansión de Taylor. Esta aproximación requiere que la función f cumpla con ciertas condiciones, como se define a continuación.

Definición .0.25. Una función $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^m$, se considera **continuamente diferenciable** en Ω , si es diferenciable en Ω y además, $Df : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^{m \times n}$ es continua. Es decir, las componentes de f tienen derivadas parciales continuas. Cuando se verifica lo anterior, se dirá que $f \in \mathcal{C}^1$.

Por otro lado, si $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ es diferenciable, el gradiente de f viene dado por:

$$\nabla f(x) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f(x)}{\partial x_1} \\ \frac{\partial f(x)}{\partial x_2} \\ \vdots \\ \frac{\partial f(x)}{\partial x_n} \end{bmatrix},$$

más aún, si $f(x)$ es dos veces diferenciable, tenemos que la derivada de $\nabla f(x)$, conocida como la matriz **Hessiana** de $f(x)$, denotada por $\mathbf{H}(x) = D^2 f(x)$, se define como:

$$\mathbf{H}(x) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f(x)}{\partial x_1^2} & \frac{\partial f(x)}{\partial x_2 \partial x_1} & \cdots & \frac{\partial f(x)}{\partial x_n \partial x_1} \\ \frac{\partial f(x)}{\partial x_1 \partial x_2} & \frac{\partial f(x)}{\partial x_2^2} & \cdots & \frac{\partial f(x)}{\partial x_n \partial x_2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f(x)}{\partial x_n} & \frac{\partial f(x)}{\partial x_2 \partial x_n} & \cdots & \frac{\partial f(x)}{\partial x_n^2} \end{pmatrix}.$$

En adelante, se considerara $\nabla f(x_k) = g_k$.

Para definir mínimo local, se define la vecindad como:

Definición .0.26. Una **vecindad de un punto** $x \in \mathbb{R}^n$ es el conjunto

$$\{y \in \mathbb{R}^n : \|y - x\| < \epsilon\},$$

donde ϵ es algún número positivo.

Definición .0.27. Un punto $x \in \Omega$ es llamado punto **interior** de Ω , si dada V una vecindad de x , V está completamente contenida en Ω , es decir $V \subset \Omega$. El conjunto Ω es **abierto** si todos los puntos en Ω son puntos interiores.

Las funciones pueden presentar múltiples puntos mínimos. En estos casos, se requiere de una estrategia para poder determinarlos. Por ejemplo, sea la función $f(x) = x^4 - 3x^2 - x + 2$. Se observa en la figura 1 que hay mínimos locales y globales, por ejemplo en el intervalo $(-2, 0)$ hay un mínimo local de $f(x)$, mientras que en el mínimo global de $f(x)$ se encuentra en el intervalo $(1, 2)$.

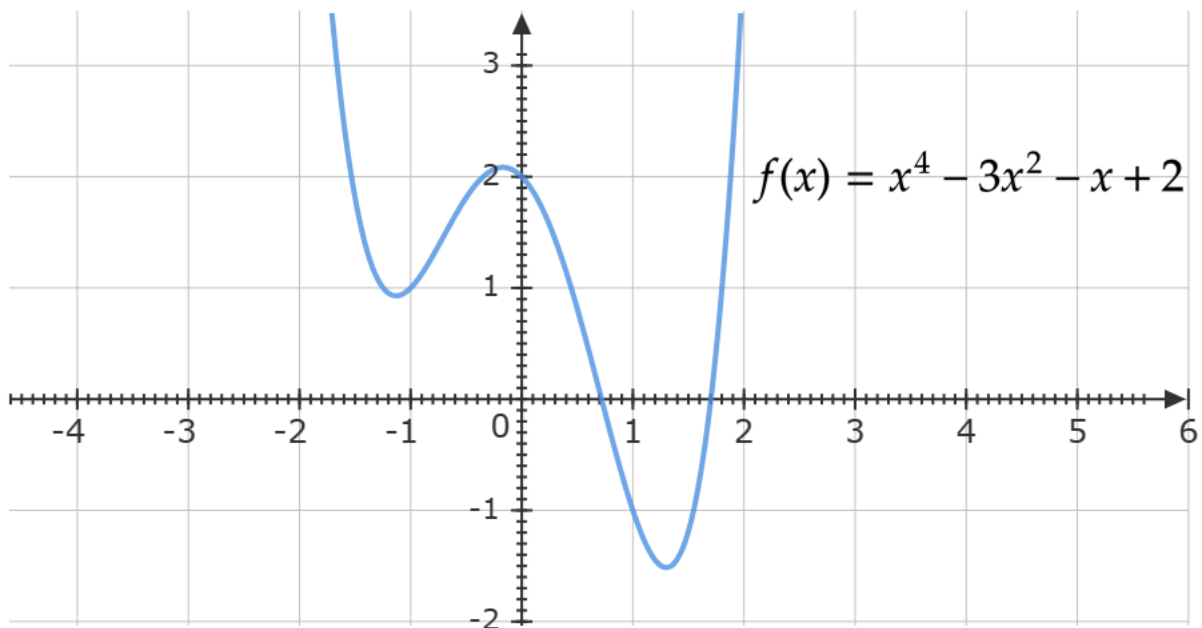


Figura 1: gráfica de la función $f(x)$.
Fuente: elaboración propia.

De esta manera, se definen el minimizador local y el global teniendo en cuenta que como se observa en la figura 1 se pueden encontrar puntos mínimos locales que no son globales (y viceversa).

Definición .0.28. Supongamos $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ una función de valor real, definida en algún

conjunto $\Omega \subseteq \mathbb{R}^n$. un punto $x^* \in \Omega$ es un **minimizador local** de f sobre Ω si existe $\epsilon > 0$ tal que $f(x) \geq f(x^*)$ para todo $x \in \Omega \setminus \{x^*\}$ y $\|x - x^*\| < \epsilon$.

Definición .0.29. Un punto $x^* \in \Omega \subseteq \mathbb{R}^n$ es un **minimizador global** de f sobre Ω si $f(x) \geq f(x^*)$, $\forall x \in \Omega \setminus \{x^*\}$. Si se tiene que $f(x) > f(x^*)$, entonces x^* se denomina un **minimizador local estricto** de $f(x)$

En la práctica, encontrar minimizadores globales no es una tarea sencilla. Esto se debe a que por lo general solo se conoce la función pérdida o función costo $f(x)$ de manera local. En este trabajo, debido a que la suma de cuadrados del error, con respecto a la población infectada, dado el modelo SIR-SI presenta múltiples mínimos locales, hay dificultad para determinar el mínimo global para cada parámetro. En consecuencia, se toman diferentes valores iniciales, lo que conlleva a varias implementaciones para determinar el mínimo global, hasta obtener un buen ajuste de los datos con respecto a la solución de la población infectada del modelo. Este enfoque de ajuste se conoce como *ajuste a ojo* y es implementada en ¹.

Definición .0.30 (Chong, Lu y Zak, *An Introduction to Optimization: With Applications to Machine Learning*, Capítulo 6, pág. 74). Dada una función f , el valor del dominio que minimiza la función $f(x)$ se define como:

$$\arg \min_{x \in \Omega} f(x).$$

El conjunto Ω se debe entender como el dominio de la función f . Así, en caso de tener la función un minimizador global, este coincide con el valor de $\arg \min_{x \in \Omega} f(x)$. Un minimizador puede encontrarse tanto en el interior como en la frontera del conjunto Ω .

¹ Leonardo López y Xavier Rodo. A modified SEIR model to predict the COVID-19 outbreak in Spain and Italy: simulating control scenarios and multi-scale epidemics. En: *Results in Physics* 21 (2021), pág. 103746.