

**UNIVERSIDAD MIGUEL HERNÁNDEZ DE ELCHE**

**FACULTAD DE CIENCIAS SOCIALES Y JURÍDICAS DE ELCHE**

**GRADO EN ESTADÍSTICA EMPRESARIAL**



**UNIVERSITAS**  
*Miguel Hernández*

**TRABAJO DE FIN DE GRADO**

**CURSO 2020-2021**

**ESTIMACIÓN DE LOS PARÁMETROS DE MODELOS  
EPIDEMIOLÓGICOS APLICADOS A LA EVOLUCIÓN DE LA  
PANDEMIA COVID-19**

**ALUMNA: CRISTINA SOTOS SERRANO**

**TUTOR: JOSE LUIS SAINZ-PARDO AUÑON**

## Índice

<b>1. Resumen</b> .....	5
<b>2. Abstract</b> .....	5
<b>3. Introducción</b> .....	6
<b>3.1 Finalidad</b> .....	7
<b>3.2 Motivación</b> .....	7
<b>4. Estado de la cuestión</b> .....	7
<b>4.1 Historia de los modelos epidemiológicos</b> .....	7
<b>4.2 Covid-19</b> .....	8
<b>5. Modelos epidemiológicos</b> .....	10
<b>6. Métodos de control de pandemias</b> .....	12
<b>7. Modelo SIR</b> .....	13
<b>7.1 Introducción</b> .....	13
<b>7.2 Formulación del modelo</b> .....	14
<b>7.3 Modelo SIR en la Comunidad Valenciana</b> .....	17
<b>8. Modelo SEIR</b> .....	20
<b>8.1 Introducción</b> .....	20
<b>8.2 Formulación</b> .....	21
<b>9. Objetivos</b> .....	22
<b>10. Experiencia computacional</b> .....	22
<b>11. Análisis y discusión</b> .....	37
<b>12. Conclusiones y propuestas</b> .....	37
<b>13. Bibliografía</b> .....	38
<b>14. Anexos</b> .....	40

## Índice Figuras

<b>Figura 1:</b> Representación gráfica de un posible ejemplo del modelo SIR. ....	15
<b>Figura 2:</b> Gráfico que indica el índice reproductivo básico en la Comunidad Valenciana tomando como $t$ el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021. ....	18
<b>Figura 3:</b> Gráfico que indica la evolución de la población infectada en la Comunidad Valenciana tomando como $t$ el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021. ....	18

<b>Figura 4:</b> Gráfico de las soluciones $S(t)$ , $I(t)$ y $R(t)$ , tomando como $t$ el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021 en la Comunidad Valenciana suponiendo la inexistencia de medidas. ....	19
<b>Figura 5:</b> Representación gráfica de un posible ejemplo del modelo SEIR.....	21
<b>Figura 6:</b> Estimación de la población infectada en la Comunidad Valenciana del 17 de julio al 11 de septiembre del 2020.....	24
<b>Figura 7:</b> Estimación de la población infectada en la Comunidad Valenciana del 17 de julio al 11 de septiembre del 2020.....	24
<b>Figura 8:</b> Representación gráfica del Índice Reproductivo Básico en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020.....	26
<b>Figura 9:</b> Representación gráfica de los activos diarios en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020. ....	27
<b>Figura 10:</b> Representación gráfica de los recuperados diarios en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020.....	27
<b>Figura 11:</b> Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020.....	29
<b>Figura 12:</b> Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020.....	29
<b>Figura 13:</b> Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. ....	30
<b>Figura 14:</b> Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. (fórmula acumulados) .....	32
<b>Figura 15:</b> Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020 (fórmula acumulados) .....	32
<b>Figura 16:</b> Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020 (fórmula acumulados) .....	32
<b>Figura 17:</b> Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.....	34
<b>Figura 18:</b> Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.....	34
<b>Figura 19:</b> Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.....	34
<b>Figura 20:</b> Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados).....	36
<b>Figura 21:</b> Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados).....	36

**Figura 22:** Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados)..... 36

**Índice Tablas**

**Tabla 1:** Estimación de los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ ..... 24

**Tabla 2:** Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España. .... 29

**Tabla 3:** Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España.(datos acumulados) ..... 31

**Tabla 4:** Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España. .... 33

**Tabla 5:** Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España.(datos acumulados) ..... 35



## 1. Resumen

En diciembre del 2019 se inició una pandemia mundial con origen en Wuhan (China), se trata de una enfermedad por coronavirus causada por el SARS-CoV-2. Fue rápidamente expandida por todo el mundo debido a su carácter infeccioso. Con el fin de frenar esta pandemia cada uno de los Estados afectados impusieron medidas epidemiológicas como un confinamiento territorial y poblacional, lo que conllevó a la paralización de algunos países dejando atrás una gran crisis económica. Para la predicción de la evolución de estas epidemias en las poblaciones existen diversos modelos matemáticos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales, como son el SIR, SIS, SIRS, SEIS, SEIR, MSIR y MSEIR. Sin embargo, a pesar de no ser el modelo que mejor se adapte a la expansión del COVID-19, el modelo SIR es el que se lleva a cabo en el presente trabajo y el más utilizado tanto por su simplicidad como por ser uno de los primeros modelos en formularse, éste consiste en diferentes ecuaciones diferenciales que estudian la transmisión del virus dividiendo a la población en tres grupos, susceptibles, infectados y recuperados. En el presente trabajo se llevan a cabo cuatro escenarios diferentes con el objetivo de encontrar el modelo que mejor se ajuste a la evolución de la pandemia sufrida en el territorio español durante la primera oleada. Finalmente, ha sido un modelo SIR, establecido para las fechas correspondientes del 1 de enero al 19 de abril del 2020, el que mejor se ajusta a esta evolución y que mejores resultados nos ha proporcionado.

## 2. Abstract

In December 2019, a global pandemic started with origin in Wuhan (China), it is a coronavirus disease caused by SARS-CoV-2. It was rapidly spread throughout the world due to its infectious nature. In order to curb this pandemic, each of the affected countries imposed epidemiological measures such as territorial and population confinement, which led to the paralysis of some countries, leaving behind a major economic crisis. For the prediction of the evolution of different epidemics in populations, there are several epidemiological mathematical models based on differential equations, such as SIR, SIS, SIRS, SEIS, SEIR, MSIR and MSEIR. However, in spite of not being the model best adapted to the expansion of COVID-19, the SIR model is the one used in the present work and the most widely used both for its simplicity and for being one of the first models to be formulated. It consists of different differential equations that study the transmission of the virus by dividing the population into three groups, susceptible, infected and recovered.

In the present work, four different scenarios are carried out with the aim of finding the model that best fits the evolution of the pandemic suffered in the Spanish territory during the first wave. Finally, a SIR model, established for the dates corresponding to January 1 to April 19, 2020, has been the one that best fits this evolution and that has provided the best results.

### **3. Introducción**

Las enfermedades han estado siempre presentes en la humanidad extendiéndose rápidamente e incluso llegando a acabar con poblaciones completas, como por ejemplo, la peste. En aquella época se llevaban a cabo algunas de las prácticas sanitarias básicas como es el higiene, el lavado de los alimentos o el aislamiento de personas enfermas. Los avances médicos han ido evolucionando en los países más desarrollados de forma considerable hasta conseguir reducir el número de defunciones por enfermedades infecciosas. Gracias a estos avances la población creía que las enfermedades infecciosas desaparecerían debido a que el mayor número de muertes era causa de enfermedades crónicas como puede ser el cáncer. Sin embargo, hoy en día este tipo de enfermedades infecciosas siguen acabando con la vida de millones de personas e incluso evolucionan y se regeneran como otras enfermedades, esta es una de las razones por las que investigadores centran sus estudios en modelos matemáticos epidemiológicos.

Hoy en día es imprescindible la construcción de estos modelos matemáticos con el objetivo de describir, explicar y predecir fenómenos y procesos en diversas áreas como epidemiología, medicina y biología entre otras [1]. Esta modelización nos permite relacionar dichos fenómenos mediante variables y parámetros para llevar a cabo el estudio de sistemas complejos. Además, mediante el pronóstico de estos modelos es posible el anticipo del avance de la pandemia y ello nos permite tomar decisiones como la imposición de restricciones más severas, como pueden ser confinamientos, o más moderadas. Por otro lado, también es posible saber con antelación si va a aumentar la presión hospitalaria y en qué grado.

### **3.1 Finalidad**

En el presente trabajo se estudiarán diversos modelos matemáticos del ámbito de la epidemiología que son utilizados para explicar y predecir el comportamiento de agentes infecciosos y dañinos a poblaciones humanas.

La finalidad fundamental consiste en llevar a cabo el estudio de distintos modelos epidemiológicos, así como la estimación de diferentes parámetros con el fin de encontrar un modelo que se ajuste lo más fielmente posible a la evolución de la pandemia. Para ello, se aplicarán dichos modelos y métodos de estimación a la evolución de la pandemia Covid-19 durante la primera oleada en España, midiendo por tanto la eficacia de los mismos a través de distintas simulaciones. Con ese fin, se programará y ajustará en el lenguaje informático R distintos modelos, obteniendo los parámetros que minimizan el error entre la evolución real de la pandemia y la evolución mostrada por el modelo.

### **3.2 Motivación**

La motivación de realizar el presente trabajo procede de la situación actual que se está viviendo en el mundo, ha habido numerosas enfermedades a lo largo de la historia pero el coronavirus ha tocado desde cerca a esas generaciones para las que era inconcebible no poder abrazar, besar, o estar cerca de las personas con las que gastamos la mayor parte de nuestro tiempo. Ha sido una situación que ha marcado nuestras vidas, sobre todo para aquellos que sufren una pérdida o que han tenido que luchar día sí y día también para combatir contra una pandemia mundial. Esta situación junto con mis estudios realizados me ha blindado la oportunidad de juntar dos cosas esenciales en la actualidad como son la estadística y la salud.

## **4. Estado de la cuestión**

### **4.1 Historia de los modelos epidemiológicos**

Fue en 1760 cuando D. Bernoulli propuso el primer modelo matemático epidemiológico para el estudio de la propagación de la viruela. Sin embargo, no fue hasta el siglo XX cuando empezó realmente a desarrollarse la modelación determinística en epidemiología. En 1906, Hamer fue el primero en considerar que la incidencia de una enfermedad esta

considerara con las densidades de población susceptible y población infecciosa. Este investigador formuló un modelo analizando la epidemia del sarampión. En 1911, Ross desarrollo un modelo de ecuaciones diferenciales que modelaban la propagación de la malaria. Por otro lado, en 1927, Kermack y McKendrick presentaron un modelo matemático que simula la propagación de la peste bubónica basado en un sistema de ecuaciones diferenciales, como refleja el libro Ecuaciones diferenciales, “Una ecuación diferencial es aquella ecuación que contiene derivadas o diferenciales” [2]. Cabe destacar que fue el primer modelo en el que la población es dividida en tres clases diferentes: individuos susceptibles, infecciosos y recuperados o muertos. A su vez, introdujeron el Teorema Umbral, que según algunos autores como Jaksic Andrade y Castro Morales este teorema “plantea que el brote de una enfermedad infecciosa requiere que la población de susceptibles supere un cierto valor ( $N_T$ ) llamado umbral. Este se deduce directamente de la necesidad de que la tasa instantánea de producción de nuevos casos sea mayor que cero.” [3].

A partir de entonces, se han ido creando diversos modelos matemáticos centrados en el estudio de enfermedades infecciosas como la peste negra, tuberculosis, meningitis meningocócica, gripe A, enfermedad de Chagas, viruela, SIDA, cólera, etc.

A mediados del siglo XX, los modelos para analizar la evolución de las enfermedades han ido creciendo considerablemente debido a la preocupación por la propagación de enfermedades infecciosas.

Hoy en día, debido a la situación que se está viviendo en el mundo, son empleados dichos modelos epidemiológicos con el fin de predecir y estudiar la transición de la pandemia por COVID-19.

## **4.2 Covid-19**

El año 2020 ha estado marcado por una pandemia mundial de COVID-19, conocida también como pandemia de coronavirus, cuando la Comisión Municipal de Salud y Sanidad de Wuhan comunicó de varios casos de neumonía de causa desconocida, incluyendo siete casos graves en la ciudad de Wuhan (China). Fue el 7 de enero de 2020 cuando identificaron un nuevo tipo de virus de la familia Coronaviridae conocido como SARS-CoV-2.

El 11 de marzo de 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) califica el brote de COVID como pandemia mundial siendo 2.002 las personas denotadas como infectadas y 47 como fallecidas. Pocos días después, el 14 de marzo fue declarado el estado de alarma durante 15 días en España para la gestión de la situación de crisis sanitaria ocasionada por dicha pandemia mundial, que tuvo que ser prorrogado en varias ocasiones. Durante este periodo se establecieron determinadas restricciones en todo el territorio nacional con el objetivo de frenar la expansión de la pandemia, destacando así, el establecimiento de un confinamiento poblacional y territorial permitiendo sólo los desplazamientos para adquirir alimentos, medicamentos o para acudir al puesto de trabajo siempre que fuese considerado como esencial.

El 4 de mayo se llevó a cabo un plan para la transición a una nueva normalidad conocido como la desescalada, compuesta por cuatro fases y que tuvo inicio en la fase 0, en la cual se permitía la realización de ejercicio físico de forma individual respetando las franjas horarias impuestas. La fase 1 tuvo lugar el 11 de mayo cuando se activó el pequeño comercio y el 30% de terrazas en hostelería. El 25 de mayo tuvo comienzo la fase 2 donde bares y restaurantes podían usar el espacio interior de sus locales y era posible la visita de equipamientos culturales con un 30% de su ocupación habitual. Finalmente, la fase 3 iniciada el 8 de junio destaca por la flexibilización de la movilidad general que era restringida si alguno de los dos territorios implicados en el desplazamiento no había llegado a la tercera fase.

El avance entre las fases era diferente para cada comunidad y se determinaba en función de diversos criterios que marcaban la disposición de cada provincia como la capacidad asistencial, la situación epidemiológica, la implantación de medidas de protección o datos de movilidad y socioeconómicos.

Como se ha mencionado antes se trata de una enfermedad infecciosa de fácil transmisión, según la OMS, el coronavirus se transmite a través de un contacto directo con otra persona infectada, incluso si no presenta síntomas, ya que ésta puede ser asintomática, es decir, no presentar síntomas de una enfermedad. El contagio se puede prevenir llevando un buen cuidado del higiene haciendo uso de mascarilla y de desinfectante.

A los inicios de la pandemia se consideraba esta enfermedad como una simple gripe, pero poco después, se fue investigando y descubriendo nuevos síntomas que no eran propios y que la hacían denotar diferente a la gripe. Los síntomas de la COVID-19 pueden variar

ampliamente, es decir, mientras que unas personas se califican como asintomáticas, otras presentan indicios graves, siendo más propensas aquellas personas mayores o de cualquier edad que tengan otros problemas de salud.

Algunos de los síntomas más comunes causados por esta enfermedad son los siguientes: fiebre; tos seca; dificultad para respirar; pérdida del olfato o el gusto; congestión; diarrea y dolor de cabeza entre otros.

Los hospitales de España llegaron a colapsarse, no había material sanitario suficiente para todos aquellos sanitarios que luchaban día tras día contra la pandemia incluso para todas aquellas personas que necesitaban atención médica para sobrevivir.

El 21 de marzo el IFEMA (Feria de Madrid), se convirtió en un hospital de campaña habilitando las primeras 1.396 camas y 16 camas UCI con el fin de descongestionar las hospitalizaciones.

Finalmente, el 21 de junio se puso fin al estado de alarma y se dio paso a la nueva normalidad, dejando España bajo una gran crisis sanitaria y económica.

En esta investigación se trata únicamente la primera oleada de la pandemia, pero se han obtenido hasta tres oleadas más, la segunda iniciada a finales de octubre y otra tercera oleada en enero del 2021. Un poco más de un año después gracias a la vacunación masiva que se está desarrollando, se empieza a entrar de nuevo a la normalidad.

## **5. Modelos epidemiológicos**

En primer lugar es de gran importancia conocer el concepto de epidemiología, que autores como Bonita, Beaglehole o Kjellström definen como “la ciencia que nos permite medir, definir y comparar los problemas y condiciones de salud y su distribución en un contexto poblacional, espacial y temporal” [4]. Su objetivo es llevar a cabo un control y vigilancia sobre las enfermedades a través de modelos matemáticos.

Como algunos autores indican los modelos epidemiológicos son “una representación matemática o lógica de la epidemiología de la transmisión de la enfermedad y de los procesos que van asociados con ella” [5]. Estos tratan de predecir la importancia y comportamiento de las enfermedades con el fin de prevenir todos los daños posibles. A su vez, los modelos epidemiológicos clasifican a la población en diferentes categorías

siguiendo la notación desarrollada por Kermack y Mckendrik y se basan en ecuaciones diferenciales para determinar cómo los individuos de una población pasan de un compartimento a otro. A lo largo de la historia se han desarrollado diversos modelos matemáticos como pueden ser el SIR, el SIS, el SIRS, el SEIS, el SEIR, el MSIR y el MSEIR entre otros, pero en este trabajo se estudiarán el modelo SIR y el SEIR.

Sin embargo, no todas las enfermedades tienen las mismas características, por lo que no podemos estudiar todas las enfermedades infecciosas del mismo modo. Algunas de esas características son las siguientes:

- El modo de transmisión, este varía en función de cómo se propaga el virus en cuestión, ya sea de forma directa de persona a persona, de animal a persona o de la madre al feto, o a través de un contacto indirecto, ya que muchos gérmenes se permanecen en objetos inanimados.
- Los agentes infecciosos por los que se transmite la enfermedad, éstos pueden ser microorganismos patógenos como bacterias, virus, parásitos u hongos entre otros. Son de gran importancia debido a que éstos determinan los estados por los que pasa un individuo cuando posee la enfermedad.
- El estado por el cual pasa un individuo cuando se trata de una enfermedad infecciosa, éstos van en función de la enfermedad en cuestión, alguno de ellos es el grupo M, el cual refleja los individuos que adquieren la inmunidad a la enfermedad durante un periodo de tiempo determinado. Una vez que finaliza esa inmunidad pasan a ser clasificados como susceptibles. Este grupo sólo forma parte de los modelos epidemiológicos MSIR y MSEIR.

Podemos encontrar diferencias entre algunos modelos matemáticos epidemiológicos, hablamos de modelo matemático epidemiológico estocástico cuando se considera a los individuos de una población de manera puntual, y por tanto, no es posible controlar todos los factores que intervienen, consecuentemente, no se tienen resultados únicos. Sin embargo, cuando hablamos de un modelo matemático determinista se tratan a los individuos como un conjunto, además se tiene un control absoluto acerca de los factores que intervienen en el estudio y que por tanto, predicen con mayor precisión.[6] Algunos de estos son el SIR, el SIS, el SIRS, el SEIS, el SEIR, el MSIR y el MSEIR.

Además es posible la clasificación de estos modelos en tres tipos:

- **Compartimentales:** pueden ser estudiados en poblaciones grandes y facilitan el estudio de la epidemia debido a que se consideran a los individuos de una población en conjunto, dividiéndolos así en diferentes compartimentos en función del estado en el que se encuentran. El nombre de estos modelos se determina según los patrones de flujo entre los diferentes estados por los que pasan los individuos, como por ejemplo, SIR, SIS, SIRS, SEIS, SEIR, MSIR, MSEIR,...
- Estos modelos son los que se utilizan para el estudio de las enfermedades que se transmiten de forma directa, es decir, a través del contacto directo con personas infecciosas.
- **Concentrados en individuos:** se tratan de modelos estocásticos en los que se estudia el comportamiento de forma individual.
  - **Híbridos:** como su nombre indica son aquellos modelos que combinan una parte estocástica y otra determinística.

El foco de estudio en estos modelos es la forma en la que se transmite una enfermedad ya sea a través de contacto directo o indirecto, así como la población susceptible a la enfermedad. La propagación de estas enfermedades tiene una forma compleja de entender, ya que depende de diversos factores sociales, económicos o ambientales, además, cabe destacar la posible evolución de los factores causantes de la enfermedad provocando así una mutación en virus, una reparación de la enfermedad o nuevos brotes esporádicos.

Para el estudio de dicha evolución se llevan a cabo algoritmos genéticos los cuales, se inspiran como señalan algunos autores como por ejemplo Estévez Valencia “en la mecánica de la selección natural y la genética para evolucionar una población inicial de puntos sucesivamente hacia mejores regiones del espacio de búsqueda” [7], es decir, se somete una población de individuos a acciones aleatorias similares a las que actúan en la evolución biológica. Es por ello el gran interés en utilizar métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para poder estudiar la dinámica y control de enfermedades infecciosas.

## **6. Métodos de control de pandemias**

Antes de estudiar los modelos es de gran importancia conocer algunas de las técnicas más comunes utilizadas en el control de las epidemias y el deterioro de las enfermedades.

- Vacunación: sabiendo que las vacunas no son efectivas al 100% y que pueden presentar efectos secundarios sobre los individuos, la vacunación es un proceso mediante el cual se puede reducir el número de susceptibles en una población sin que lleguen a pasar la enfermedad.
- Cuarentena: el periodo de cuarentena consiste en mantener aislados de la población a aquellas personas infectadas, y por tanto, portadoras de la enfermedad, con el fin de no propagarla reduciendo la tasa de contagio.
- Control sobre la transmisión: esta medida podría suponer costes económicos o medioambientales ya que consiste en el control de enfermedades de transmisión indirecta. Alguna medida de control podría ser el confinamiento y las restricciones de movilidad. Por ejemplo, en caso de malaria, una medida de control de transmisión sería la reducción de la población de mosquitos.
- Seguimiento de la enfermedad: con el fin de llevar a cabo otras medidas de control y aumentar su eficacia, esta técnica consiste en la búsqueda exhaustiva de personas que puedan ser infecciosas o que tengan mayor riesgo de serlo. Para ello se han llevado a cabo la realización de test que determinan si tienes la enfermedad o no, o las llamados “rastreadores” de COVID-19, que son profesionales encargados de buscar a todas aquellas personas que han estado en contacto con un positivo en coronavirus.

## **7. Modelo SIR**

### **7.1 Introducción**

El modelo SIR [8] es uno de los modelos matemáticos determinísticos más utilizados, fue desarrollado en 1927 por Kermack y McKendrick [9] y ha impactado de forma positiva en la modelización y control del epidemias. Este modelo se caracteriza por estudiar la evolución de una epidemia que se propaga a través del contacto directo, dividiendo a los individuos de una población en tres compartimentos diferentes que representan el nombre del modelo: S=susceptibles, I=infectados y R=recuperados (SIR) [10]. Cada miembro de la población en cuestión solo puede estar clasificado en un grupo en un tiempo determinado  $t$ . Sin embargo, éstos pueden cambiar de clasificación en una única dirección a lo largo del estudio.

**S → I → R**

Es decir, un individuo puede infectarse pasando de susceptible a infectado ( $S \rightarrow I$ ) y posteriormente, éste puede ser recuperado, o puede morir ( $I \rightarrow R$ ). Se considera que los recuperados son inmunes y por tanto, no vuelven a ser clasificados como susceptibles. El modelo básico SIR considera la población  $N$  como constante en el tiempo sin tener en cuenta los nacimientos y muertes que se producen a lo largo del estudio de la enfermedad, por ello:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$$

Donde  $t$  indica el tiempo y  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  indican el número de personas que hay en cada grupo en un momento  $t$  determinado. Es imprescindible conocer los tres tipos en los que se divide la población:

- Población susceptible ( $S$ ): individuos que pueden ser contagiados si son expuestos a los agentes infecciosos.
- Población infectada ( $I$ ): individuos que tienen la enfermedad en un momento dado y que por tanto, pueden transmitir la enfermedad a individuos de la población susceptible.
- Población recuperada ( $R$ ): individuos que han sido recuperados de la enfermedad y que no afectan a la transmisión puesto que son inmunes.

**7.2 Formulación del modelo**

El modelo cuenta con un sistema compuesto por tres ecuaciones diferenciales :

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - \gamma I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (3)$$

El contagio de la población susceptible se da por el contacto con individuos infectados, dado que el contagio depende de los contactos entre ambos grupos,  $S(t)I(t)$  representa la tasa de infección que determina el número de individuos por unidad de tiempo que pasan

de ser susceptibles a ser infectados. Asimismo, se debe multiplicar la tasa media de transmisión de la enfermedad ( $\beta/N$ ), con el fin de expresar la velocidad con la que se cambia de susceptible a infectado. En la evolución de una epidemia el número de susceptibles disminuye a medida que aumenta el de infectados, por ello, en la ecuación  $S(t)'$  se representa de forma negativa y en  $I(t)'$  de forma positiva.

Los individuos que pertenecen al compartimento de infectados padecen la enfermedad durante un periodo de tiempo determinado y posteriormente son clasificados como recuperados, independientemente de adquirir la inmunidad o fallecer. Para su cálculo se hace uso de la tasa de recuperación ( $\gamma$ ) que se multiplica por el número de individuos infectados. A medida que disminuyen los infectados, aumentan los recuperados, por este motivo, en la ecuación  $I(t)'$  aparece de forma negativa y en la ecuación  $R(t)'$  de forma positiva.

El modelo comienza a desarrollarse cuando el número de infectados es superior a cero, con la posibilidad de dar paso a un posible brote epidémico. El modelo parte de un número inicial de individuos susceptibles ( $S_0$ ), infectados ( $I_0$ ) y recuperados ( $R_0$ ) en una población de tamaño  $N$ . Se sabe que en el momento inicial  $t=0$ , no hay ninguna persona recuperada por tanto,  $R_0 = 0$ ,  $I_0 > 0$  y  $S_0 > 0$  y además  $\beta, \gamma > 0$ .

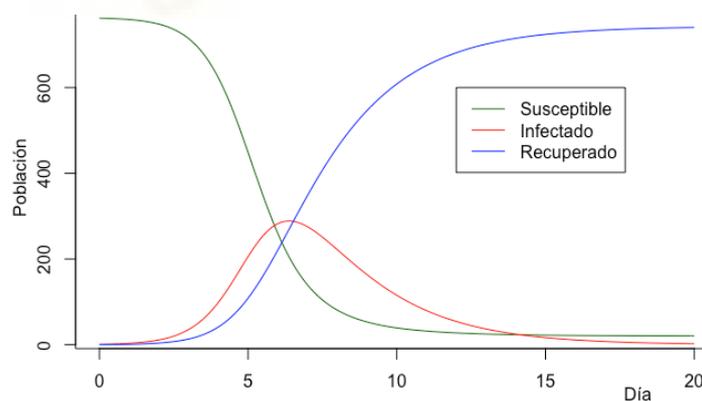


Figura 1: Representación gráfica de un posible ejemplo del modelo SIR. [16]

Asimismo, para saber si la epidemia comienza a crecer aumentando el número de individuos infectados o por el contrario, si comienza a decrecer consiguiendo la extinción del virus, es preciso el número reproductivo básico, denotado por  $R(t)$ , el cual representa

el número de casos nuevos por individuo infectados en un instante  $t$ , es decir, es la proporción de casos nuevos respecto a los activos que había en el día anterior.

$$R(t) = \beta S(t)/N\gamma$$

Si  $R(t) > 1$  esto significa que el virus comenzará a expandirse de forma acelerada, por el contrario, si tenemos un valor de  $R(t) < 1$ , se reducirá la expansión del virus ya que la proporción de individuos infectados es decreciente. Este índice puede variar en función de las medidas masivas que se adoptan en situación de pandemia como por ejemplo, el confinamiento, restricciones de movilidad, impedimento de concentraciones, test que informan de casos asintomáticos, etc.

La epidemia alcanza su punto más alto cuando  $S(t)$  o bien  $I(t)$  son cero, esto quiere decir que o todos los susceptibles pasan a ser contabilizados en el grupo de los infectados o bien que los infectados se extinguen. Un brote epidémico se da cuando la población susceptible decrece de forma infinita, mientras que la población infecciosa crece hasta llegar a un punto máximo y posteriormente, decrece hasta extinguirse completamente. Como se ha mencionado anteriormente este modelo no incluye los nacimientos ni las defunciones, por tanto, el grupo de recuperados representa un ligero aumento hasta alcanzar la inmunidad.

### **Intervención pública**

Es posible incidir en el número reproductivo básico para conseguir frenar la propagación de la enfermedad, para ello es precisa una intervención pública en la que se adopten medidas suficientes con el fin de detener el aumento de los contagios en toda la población. Estas acciones dependen del virus en cuestión y de como éste se propaga.

### **Plan de vacunación**

La vacunación es una medida que consiste en reducir la población susceptible convirtiendo la tasa de reproducción efectiva en  $\beta (1-p)/\gamma$ , donde  $p$  es la fracción vacunada de la población total, teniendo que la efectividad de la vacuna no es del 100% y que normalmente no se vacuna a toda la población, tendremos que  $p < 1$ .

De esta forma, si conocemos los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ , es posible calcular la proporción de la población que debe ser vacunada para deteriorar la propagación del virus. Se logra la inmunidad comunitaria cuando el número de personas susceptible se encuentra por debajo del valor umbral, es decir, por debajo del valor a partir del cual se propaga la enfermedad.

Se entiende por inmunidad comunitaria “la resistencia de un grupo a una infección ante la que una amplia proporción de individuos posee inmunidad, y en el que por ello ha disminuido de forma notable la probabilidad de que un sujeto con la enfermedad entre en contacto con un susceptible” [11]. Esta inmunidad deja de tener éxito si un porcentaje alto de la población se opone a la vacunación.

### 7.3 Modelo SIR en la Comunidad Valenciana

En el caso de la Comunidad Valenciana, en la primera oleada, los meses de marzo y abril fueron los que más contagios contabilizaron en el territorio valenciano, llegando a rozar los sesenta fallecimientos en un solo día. Sin embargo, las rigurosas medidas impuestas y el proceso de desescalada hicieron que el virus se contuviera logrando reducir el número de contagios diarios y dejando a cero la cifra de mortalidad.

La llegada a la nueva normalidad y la desaparición de algunas de las restricciones provocaron una nueva subida de contagios y defunciones dando lugar a una segunda oleada que tuvo inicio en el mes de octubre, dejando una cifra superior a los 3000 contagios diarios. No obstante, fue el 27 de enero de 2021 cuando se llegaron a 126 fallecidos por COVID-19 en la Comunidad Valenciana. [12]

El siguiente ejemplo se trata de estudiar la pandemia del coronavirus en la Comunidad Valenciana entre el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021 [13], suponiendo los siguientes parámetros:

- Número de personas infectadas por día ( $\beta = 0.1$ )
- Número de personas recuperas por día ( $\gamma = 0.001$ )
- Número de susceptibles en el momento  $t=0$  ( $S_0 = 5057353$ )
- Número de infectados en el momento  $t=0$  ( $I_0 = 209$ )

En primer lugar para analizar si los infectados crecen desencadenando una pandemia o si por el contrario decrecen hasta la posible extinción del virus es preciso conocer el índice reproductivo básico.

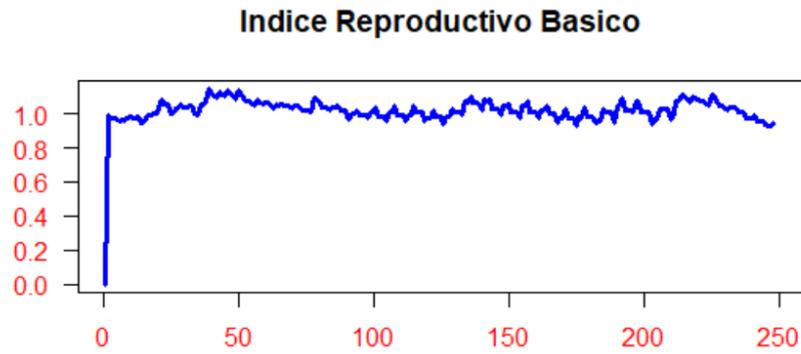


Figura 2: Gráfico que indica el índice reproductivo básico en la Comunidad Valenciana tomando como  $t$  el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021. Figura de fuente propia.

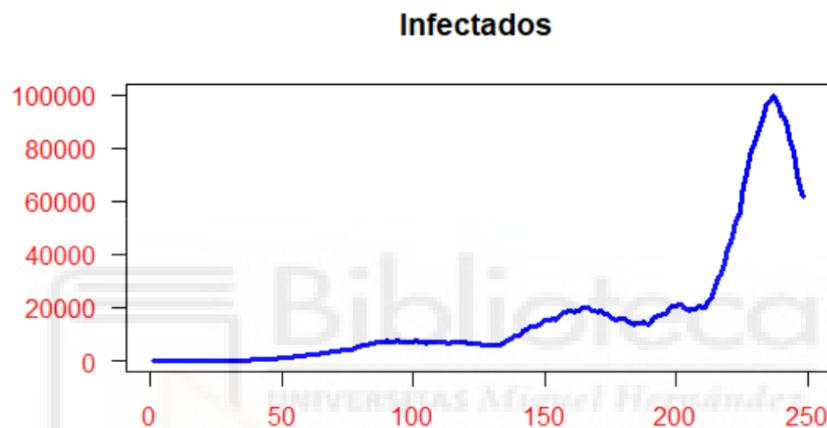


Figura 3: Gráfico que indica la evolución de la población infectada en la Comunidad Valenciana tomando como  $t$  el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021. Figura de fuente propia.

En la Figura 2 se observa como el índice crece repentinamente hasta mantenerse en torno a un valor de 1 a lo largo de todo el periodo de tiempo en cuestión, pero aun así se pueden distinguir simultáneas subidas y bajadas del brote epidémico que coinciden a su vez con la representación gráfica de la población infectada en ese periodo de tiempo en la Comunidad Valenciana (Figura 3).

Se puede apreciar como en los primeros meses del estudio correspondientes a junio y julio el índice de reproductivo básico no llega a sobrepasar el 1, esto puede deberse al periodo de desescalada que comenzó el 4 de mayo y que tuvo fin el 21 de junio debido a la finalización del estado de alarma. Seguidamente, se observa un ligero aumento tanto en el índice como en la representación de infectados hasta alcanzar valores superiores a 1 a mediados del mes de julio, agosto y septiembre a causa de las escasas restricciones impuestas en los meses de verano en la Comunidad Valenciana. Más adelante decrecieron

el número de individuos infectados hasta el 25 de octubre cuando se dio paso al inicio de la segunda oleada de Coronavirus en España y en todo el mundo. Como se puede observar en la Figura 3, fueron los meses de enero y febrero los que dejaron las cifras más altas de infectados debido a las escasas restricciones impuestas o el incumplimiento de ellas en el periodo de Navidad rozando los casi cien mil casos de personas infectadas por Coronavirus en la Comunidad Valenciana el 31 de enero del 2021.

Tan importantes son las medidas impuestas con el fin de frenar la pandemia que el modelo cambia considerablemente. En la Figura 4 podemos observar un ejemplo de una representación gráfica del Covid-19 en la población de la Comunidad Valenciana en caso de no haber impuesto ningún tipo de restricción.

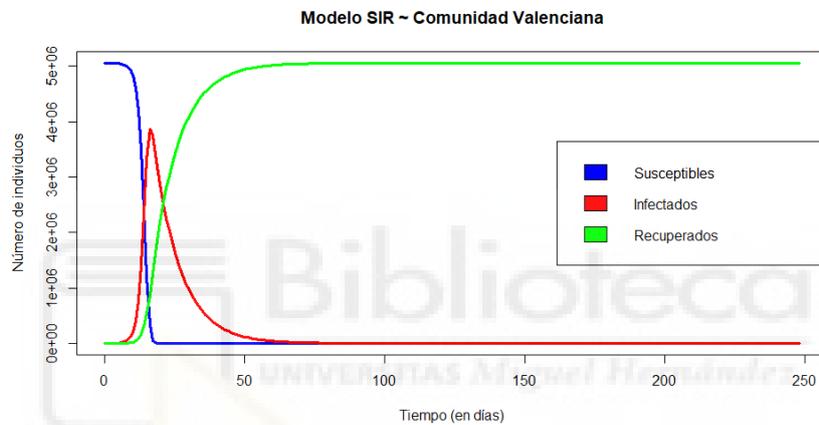


Figura 4: Gráfico de las soluciones  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$ , tomando como  $t$  el periodo de tiempo comprendido entre desde el 9 de junio del 2020 y el 11 de febrero del 2021 en la Comunidad Valenciana suponiendo la inexistencia de medidas. Figura de fuente propia.

Haciendo uso de parámetros seleccionados de forma aleatoria ( $\beta = 0.1$   $\gamma = 0.001$ ), en la Figura 4 se aprecian las curvas de la población susceptible, la población infectada y la población recuperada en un periodo de 248 días. Se contempla como la población de susceptibles comienza siendo el total de la población ( $N=5057353$ ) y va disminuyendo hasta rozar el cero, los infectados comienzan siendo cero pero va creciendo considerablemente hasta alcanzar un pico de aproximadamente 4 millones de individuos, y finalmente, la población recuperada comienza con cero individuos hasta alcanzar la inmunidad con toda la población recuperada. Es en los primeros 50 días en los que se contagia la mayor parte de la población debido al libre contacto directo de las personas infecciosas frente a las susceptibles, esto se debe a no tener ningún tipo de imposiciones. Por ello finalmente, toda la población pasa a considerarse como personas recuperadas dejando a cero las poblaciones de susceptibles e infectados.

Posteriormente, en la parte computacional se indicará como estimar los parámetros para que las curvas de contagios y recuperados reales coincidan lo máximo posible con las del modelo.

## 8. Modelo SEIR

### 8.1 Introducción

El modelo SEIR [14] se trata de una adaptación del modelo SIR, es decir, es un modelo matemático epidemiológico que estudia la evolución de una epidemia en una población en un periodo de tiempo determinado. A diferencia del modelo SIR, éste divide a la población en cuatro compartimentos diferentes: S=susceptibles, E=expuestos, I=infectados y R=recuperados (SEIR). Este nuevo grupo denominado expuestos recoge a todos aquellos individuos de la población que poseen la enfermedad pero que, al encontrarse en el periodo de incubación, no muestran síntomas y por tanto, no pueden contagiar el virus. Es preciso diferenciar esta nueva clasificación de aquellos individuos que no presentan síntomas pero que sí pueden contagiar la enfermedad, en ese caso serán clasificados como infectados. El flujo de los distintos grupos se representa de la siguiente forma:

$$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$$

Un individuo solo puede estar clasificado en un grupo en una unidad de tiempo y se considera constante al total de la población (N), es decir, no se tienen en cuenta nacimientos ni defunciones. Por tanto, tenemos que:

$$N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$$

Finalmente, los cuatro grupos en los que se divide la población son los siguientes:

- Población susceptible (S): individuos que pueden ser contagiados si son expuestos a los agentes infecciosos.
- población expuesta (E): individuos que poseen la enfermedad pero no son contagiosos.

- Población infectada (I): individuos que tienen la enfermedad en un momento dado y que por tanto, pueden transmitir la enfermedad a individuos de la población susceptible.
- Población recuperada (R): individuos que han sido recuperados de la enfermedad y que no afectan a la transmisión puesto que son inmunes.

## 8.2 Formulación

Este modelo cuenta con un sistema de cuatro ecuaciones diferenciales:

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t)/N, \\ E'(t) = \beta S(t)I(t)/N - \sigma E(t), \\ I'(t) = \sigma E(t) - \gamma I(t), \\ R'(t) = \gamma I(t), \end{cases}$$

Donde se pueden diferenciar tres parámetros. En primer lugar  $\beta$  es la tasa de transmisión y  $1/\beta$  es la probabilidad de que un individuo pase de susceptible a infectado tras mantener contacto directo con un infectado.  $\gamma$  es la tasa de recuperación y  $1/\gamma$  es el periodo medio de recuperación. Finalmente,  $\sigma$  es la tasa en la cual una persona expuesta se convierte en infecciosa, siendo  $1/\sigma$  es el tiempo promedio de incubación.

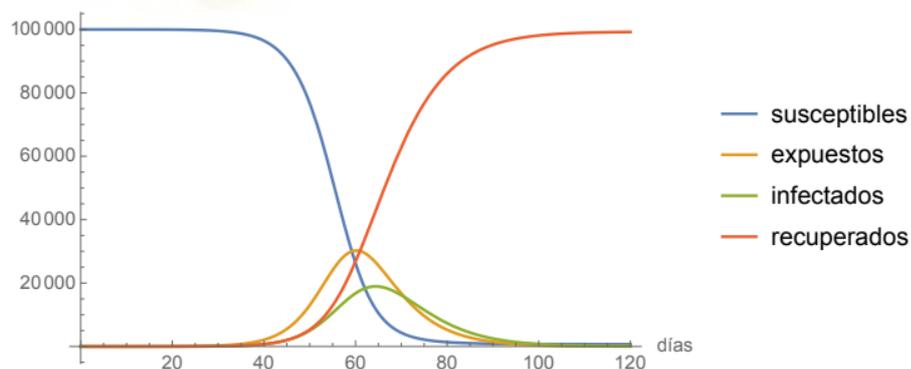


Figura 5: Representación gráfica de un posible ejemplo del modelo SEIR. [17]

Así mismo,  $R_0$  representa el número reproductivo básico, como anteriormente mencionado, por el cual se estima la velocidad con la que una enfermedad puede propagarse en una población.

$$R_0 = \beta/\gamma$$

Si  $R_0$  es mayor a 1, cada persona infectada produce más de un nuevo caso propagando así la enfermedad con la posibilidad de infectar a toda la población susceptible. En caso contrario, se trataría de una reducción del virus debido a un índice reproductivo básico decreciente.

Estudiar una enfermedad a través de este modelo puede resultar complejo, ya que normalmente los datos acerca de los periodos de incubación del virus en la población no son observados y no coinciden con los periodos en los que se presentan los síntomas.

## **9. Objetivos**

El objetivo principal de este trabajo de fin de grado consiste en la estimación de determinados parámetros del modelo matemático epidemiológico SIR, con el fin de encontrar un modelo que reproduzca lo más fielmente posible la evolución de la pandemia COVID-19 durante la primera oleada, es decir, desde el 31 de enero del 2020 al 31 de agosto del 2020.

Para llevar a cabo el objetivo principal se ha hecho previamente un estudio exhaustivo de las diferentes fechas que han marcado la pandemia en España. Posteriormente, tras un estudio de los diferentes modelos matemáticos epidemiológicos se ha procedido a seleccionar aquellos que se iban a estudiar en este trabajo como son el modelo SIR y el modelo SEIR. Finalmente, ha sido seleccionado el modelo SIR y el programa informático R para llevar a cabo la estimación de la evolución de la pandemia en la Comunidad Valenciana y en España en un periodo de tiempo determinado.

## **10. Experiencia computacional**

Una vez estudiados los diferentes modelos y con el fin de cumplir el objetivo de encontrar un modelo que reproduzca lo más fielmente la evolución de la pandemia por Covid-19 se ha llevado a cabo un código en el programa informático R que refleja el modelo SIR aplicado a esta pandemia durante la primera oleada del virus.

Se plantean 5 estudios siendo el primero referente a los datos de la Comunidad Valenciana mencionado en el apartado 7.3 Modelo SIR en la Comunidad Valenciana, y el resto a los datos recogidos de España comprendidos entre el 31 de enero y el 31 de agosto del 2020.

Para ello se han recogido los datos del portal de datos abiertos de la Generalitat Valenciana [15] y se han analizado los resultados. Dichas bases de datos contienen información acerca del número de nuevos casos (Activos) y el número de recuperados (Recuperados) para cada día del periodo indicado.

### **Estimación de los parámetros**

En primer lugar, para cada uno de los escenarios y periodos en los que se divide cada uno de los estudios, se ha realizado un modelo SIR en el cual, se han definido principalmente algunos parámetros como  $N$  que representa el número total de la población a estudiar y  $t$  que indica la línea del tiempo, en este caso siempre es 1 ya que el estudio es diario. Además, para calcular los parámetros  $\beta$  (Número de personas infectadas por día) y  $\gamma$  (Número de personas recuperadas por día), se han realizado todas las combinaciones posibles entre los intervalos 1 y 40 para  $\beta$  y 1 y 15 para  $\gamma$  de 0.05 en 0.05 y 0.01 en 0.01 respectivamente con el fin de escoger cada combinación que resultada de obtener el menor error posible a través de la siguiente formula:

$$0.5*(\text{Infectados} - \text{Activos})^2 + 0.5*(\text{Incremento de R} - \text{Recuperados})^2$$

Así mismo, el número de susceptibles  $S_0$ , infectados  $I_0$  y recuperados  $R_0$  iniciales para cada uno de los periodos han sido establecidos en función de los valores obtenidos en el periodo previamente calculado.

En caso de querer mejorar la predicción, es posible la ampliación del rango de los intervalos con el fin de encontrar valores de los parámetros que se ajusten mejor a las curvas de infectados y recuperados. También es posible la selección de otras ponderaciones para  $\beta$  y  $\gamma$  en caso de querer dar más peso a la predicción de infectados que a la de los recuperados, o reducir el número de días a estudiar.

### **Estudio 1**

A través de un modelo SIR se han estimado los parámetros que indican el número de personas infectadas  $\beta$  y el número de personas recuperadas  $\gamma$  diariamente que mejor ajustan el modelo a la evolución de la pandemia en la Comunidad Valenciana en el periodo de tiempo comprendido entre el 17 de julio y el 11 de septiembre del 2020. Las estimaciones de los parámetros son las siguientes:

$\beta$	$\gamma$	Error
0.15	0.09	49.623.785

Tabla 1: Estimación de los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ . Tabla de fuente propia.

Finalmente, con los valores presentados en la Tabla 1 se ha obtenido un modelo SIR que reproduce la evolución de la pandemia de coronavirus en la Comunidad Valencina. En las Figuras 6 y 7 podemos apreciar como la población infectada predicha con dicho modelo se ajusta simultáneamente a los datos reales de la población activa y lo mismo ocurre con la población recuperada, la cual la predicción se ajusta mucho más a los datos originales.

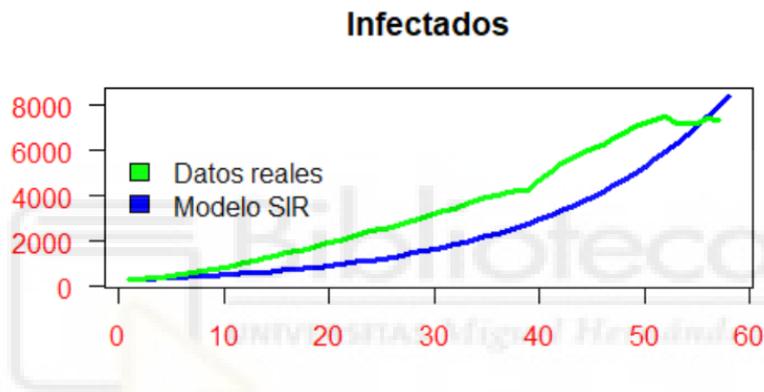


Figura 6: Estimación de la población infectada en la Comunidad Valenciana del 17 de julio al 11 de septiembre del 2020. Figura de fuente propia.

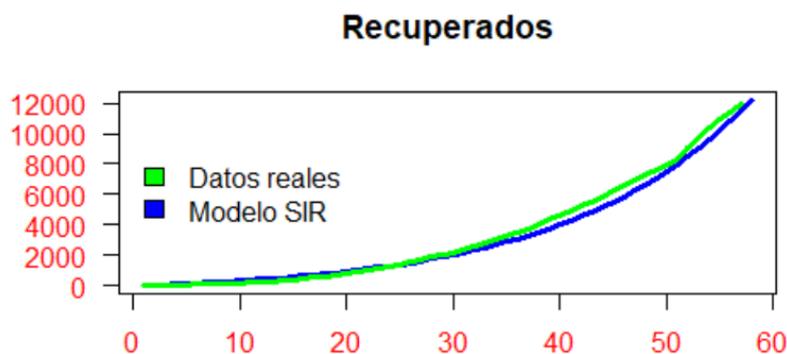


Figura 7: Estimación de la población infectada en la Comunidad Valenciana del 17 de julio al 11 de septiembre del 2020. Figura de fuente propia.

Cabe destacar que el periodo de tiempo seleccionado corresponde a una leve subida de contagios por el virus, si nos fijamos en el índice reproductivo básico para el día 17 de julio tiene un valor de  $R_0 = 1.1460674$ , lo que supone un aumento de la expansión del

virus, por este motivo las curvas que representan a la población infectada crecen de forma considerable.

A continuación, se han estudiado cuatro escenarios diferentes en España, con el fin de encontrar el mejor de ellos analizando todas las comparaciones dadas. El primero consta de la estimación de los parámetros del modelo SIR distinguiendo cuatro periodos de tiempo y utilizando los datos diarios. El segundo modelo se diferencia del primero que en este se han hecho uso de los datos acumulados tanto de la población infectada como de la recuperada en la fórmula del error. En el tercer modelo estudiado se han escogido cuatro periodos de tiempo diferentes y se han reducido así tanto el número de datos como la fecha en cuestión. Finalmente, el cuarto escenario refleja el tercero pero usando los datos acumulados. Para todos ellos se han definido los parámetros  $N = 47329981$  que representa el total de población española en este periodo de tiempo y  $t = 1$ .

En primer lugar se han estudiado las fechas determinantes durante la primera oleada de la pandemia con el objetivo de dividir el periodo de tiempo estudiado en 4 fases diferentes. Las fechas destacadas son las siguientes:

- 31 de enero del 2020: se registra el primer caso de coronavirus en España.
- 11 de marzo del 2020: La Organización Mundial de la Salud (OMS) califica la Covid-19 como pandemia.
- 14 de marzo del 2020: Se proclama el estado de alarma.
- 22 de abril del 2020: Se aprueba la fase de desescalada con el fin de alcanzar la “nueva normalidad”.
- 4 de mayo del 2020: Se inicia la fase 0.
- 11 de mayo del 2020: Se inicia la fase 1.
- 25 de mayo del 2020: Se inicia la fase 2.
- 8 de junio del 2020 : Se inicia la fase 3.
- 21 de junio del 2020: Fin del estado de alarma.

Teniendo en cuenta todas las fechas que han marcado de forma significativa durante la pandemia, finalmente, la división del periodo de tiempo queda en las siguientes fases:

- Periodo 1, en el cual se recogen los datos iniciales de la pandemia por coronavirus en España: del 31 de enero del 2020 al 14 de marzo del 2020.

- Periodo 2, en este periodo se reflejan los datos obtenidos del periodo de cuarentena: del 15 de marzo del 2020 al 3 de mayo del 2020.
- Periodo 3, en este periodo se recogen los datos contabilizados en el proceso de desescalada: del 4 de mayo del 2020 al 21 de junio del 2020.
- Periodo 4, periodo en el cual se recogen los datos obtenidos tras la finalización del estado de alarma hasta finales del verano: del 22 de junio del 2020 al 31 de agosto del 2020.

En segundo lugar, se ha llevado a cabo el análisis del índice reproductivo básico, con el fin de estudiar en qué momentos del periodo en cuestión se produce una expansión de la pandemia en el territorio español.

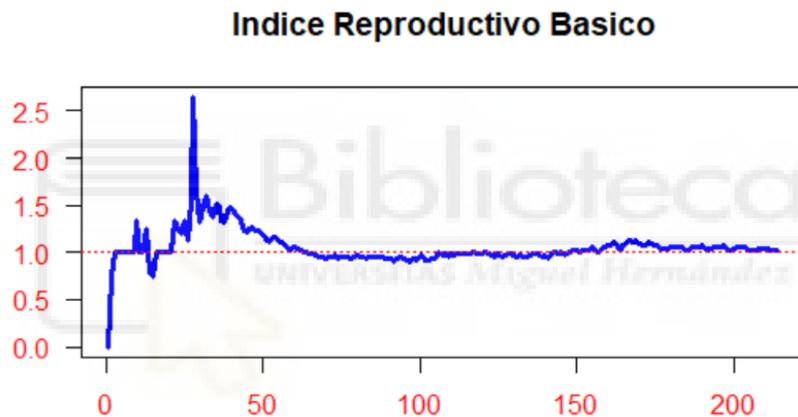


Figura 8: Representación gráfica del Índice Reproductivo Básico en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.

Tomando como referencia el índice reproductivo básico  $R_0$  y mirando la Figura 8, nos fijamos en que la propagación del coronavirus empezó con un valor menor que 1, y seguidamente alcanzó su punto más crítico de la primera oleada el día 27 de febrero con un índice de 2.6429, lo que conllevaría la expansión acelerada del virus, fecha que coincide con la subida de contagios del día 3 de abril con un total de 107.307 personas contagiadas. Sin embargo, no es hasta el 4 de abril cuando se empieza a notar el efecto del confinamiento con un valor del índice reproductivo básico de 0.9895161, menor que 1, lo que conlleva una reducción de la expansión del virus, dicho de otra forma, un infectado transmitía el virus a una media de 0.9895161 individuos susceptibles. Cabe destacar la importancia de esto último para la administración epidemiológica, ya que cuanto menores sean los valores de  $R_0$  más disminuirá la transmisión del virus, y por tanto,

menores colapsos se encontrarán en los servicios sanitarios. Tras este leve descenso, el índice volvió a tomar valores superiores a 1 a partir del mes de julio dando paso a otra expansión del virus en la población española.

Una vez analizado las fechas en las que se produce una expansión del virus, se procede a comparar si coinciden con las subidas y bajadas de los infectados y recuperados diarios.

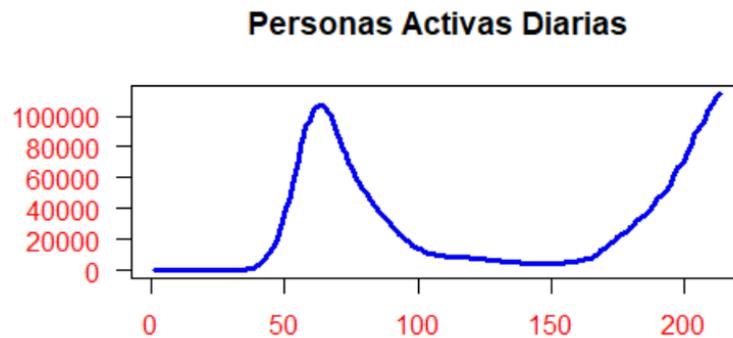


Figura 9: Representación gráfica de los activos diarios en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.



Figura 10: Representación gráfica de los recuperados diarios en España desde el 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.

En la Figura 9 se puede apreciar como en los primeros días del eje temporal que corresponden al mes de febrero, el número de activos rozan el cero pero comienzan a aumentar ligeramente a principios de marzo hasta llegar al primer pico marcado por 107.307 contagios el día 3 de abril del 2020. Este aumento tan brusco de contagios se debe a la tardanza en imponer restricciones en el territorio español, pues el primer caso de coronavirus en España fue el 25 de febrero, mientras que el estado de alarma comenzó el 14 de marzo, por tanto, durante ese periodo de tiempo los contagios crecieron considerablemente debido al contacto directo entre la población susceptible y la

población infectada, pues durante este periodo de tiempo, el país ascendió al tercer lugar mundial en casos confirmados y segundo lugar mundial en defunciones por coronavirus. Al mismo tiempo, si observamos la Figura 10, vemos como el número de personas que se recuperan asciende de forma más lenta, pues el 3 de abril llegan a contabilizarse 5.794 personas recuperadas mientras que las infectadas rozan los 110 mil. Seguidamente, apreciamos un leve descenso de contagios a causa del periodo de confinamiento, impuesto con el fin de limitar los contagios, el cual consistía en la permanencia en los hogares excepto para ir a comprar, trabajar o asistir al médico, estos resultados se comenzaron a notar el 7 de abril cuando se contabilizó una cifra de 10.141 personas recuperadas. Esta delimitación resultó efectiva, puesto que se llegaron a reducir los contagios a 4.411 casos activos el 21 de junio, día en el que finalizó el estado de alarma y consigo la cuarentena. Sin embargo, fue a principios de julio cuando comenzaron a crecer otra vez los contagios, la razón de esto son las escasas limitaciones en los meses de verano, donde la mayoría de la población recurrió a zonas de veraneo habitando las segundas viviendas, además de la libre circulación de la población. Todo esto dio pie a una elevada cifra de contagios diarios de 114.745 el 31 de agosto del 2020.

## Estudio 2

En este segundo escenario se cuentan con 100 datos correspondientes a las fechas comprendidas entre el 31 de enero y el 31 de agosto del 2020, teniendo en cuenta los siguientes periodos de tiempo:

- Periodo 1: del 31 de enero del 2020 al 14 de marzo del 2020.
- Periodo 2: del 15 de marzo del 2020 al 3 de mayo del 2020.
- Periodo 3: del 4 de mayo del 2020 al 21 de junio del 2020.
- Periodo 4: del 22 de junio del 2020 al 31 de agosto del 2020.

Las estimaciones de los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  que mejor ajustan el modelo a la realidad son las siguientes:

Periodo	$\beta$	$\gamma$	Error
1	0.25	0.05	13.392.355
2	0.15	0.11	57.918.967.933
3	0.05	0.15	10.048.095.466

4	0.2	0.11	10.482.707.949
---	-----	------	----------------

Tabla 2: Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España. Tabla de fuente propia.

Haciendo uso de los parámetros de la Tabla 2, se han obtenido los siguientes resultados:

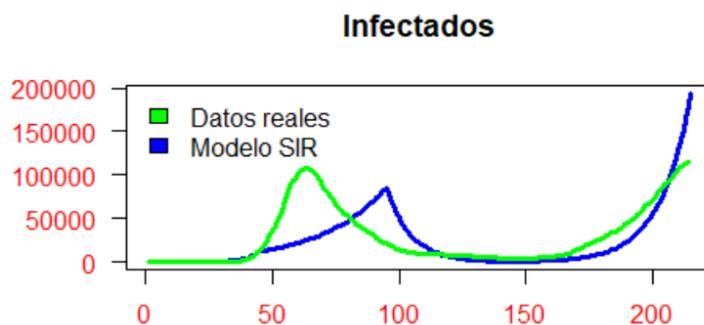


Figura 11: Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.



Figura 12: Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.

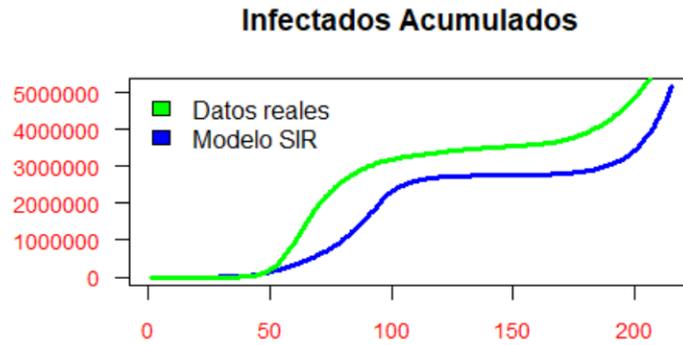


Figura 13: Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. Figura de fuente propia.

En la Figura 11 se reflejan los activos diarios frente los datos predichos del modelo SIR. La proyección es significativamente compleja ya que para los valores calculados a partir del modelo la oleada más alta de la infección se retrasa entre 20-30 días y además se reduce el número máximo de personas infectadas considerablemente, pues el modelo estima un pico de aproximadamente 90 mil infectados, mientras que en la situación real se contabilizaron alrededor de 100 mil personas contagiadas. Esto puede deberse al valor establecido al parámetro que indica el número de personas infectadas por día ( $\beta$ ) en el correspondiente periodo de tiempo, es decir, del 15 de marzo del 2020 al 3 de mayo del 2020. A pesar de ello, ha sido el valor que menor error proporciona al modelo. Sin embargo, no ocurre lo mismo en el resto de periodos ya que, tanto en el periodo inicial como en el tercero y cuarto es posible encontrar cierta correspondencia con la situación real en España, pues se han encontrado unos valores para  $\beta$  y  $\gamma$  que proporcionan el menor error y a su vez simulan mejor la curva de los datos reales. Por otro lado, la Figura 12, representa los valores de la población recuperada acumulada frente a los mismos predichos a través del modelo, se puede observar que en los dos primeros periodos el valor de recuperados reales es superior al estimado, sin embargo, a partir del 13 de mayo del 2020, el modelo estima un número mayor de personas recuperadas que en la realidad. En la Figura 13, se representa de forma gráfica la incidencia acumulada de personas que han contraído la enfermedad durante este periodo de tiempo, pues se puede apreciar como la curva aumenta es de forma exponencial. El aumento comienza a notarse a partir del dato 44 correspondiente al día 14 de marzo del 2020, fecha en la que se proclama el estado de alarma y se da comienzo a la primera oleada de la pandemia en España, ya que en los primeros 44 días de infección no se impusieron medidas que controlasen los parámetros de  $R_0$ .

Todos los desajustes del modelo pueden deberse a que los periodos de tiempo no coinciden con los cambios fuertes que se experimentan en el modelo.

### Estudio 3

Una vez obtenidos los resultados anteriores se ha procedido a realizar el segundo modelo SIR, éste se obtiene a raíz de calcular los errores haciendo uso de los datos acumulados, es decir, los datos que resultan de sumar sucesivamente los infectados y recuperados de un determinado día más los infectados y recuperados del día anterior, y sobre los mismos periodos de tiempo establecidos en el primer escenario. La fórmula del error es la siguiente:

$$0.5*(-\text{Incremento de Susceptibles} - \text{Nuevos casos})^2 + 0.5*(\text{Incremento de R} - \text{Recuperados})^2$$

Y los parámetros calculados son:

Periodo	$\beta$	$\gamma$	Error
1	0.2	0.01	12.733.343
2	0.2	0.15	121.664.435.896
3	0.1	0.13	459.858.999.952
4	0.15	0.12	1.535.034.551.398

Tabla 3: Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España.(datos acumulados). Tabla de fuente propia.

En la Tabla 3 se pueden apreciar los diferentes valores de  $\beta$  y  $\gamma$  que proporcionan el menor valor de error. A diferencia de los valores estimados en el modelo anterior, éstos proporcionan números más elevados. Esto provoca un mayor desajuste del modelo a la realidad.

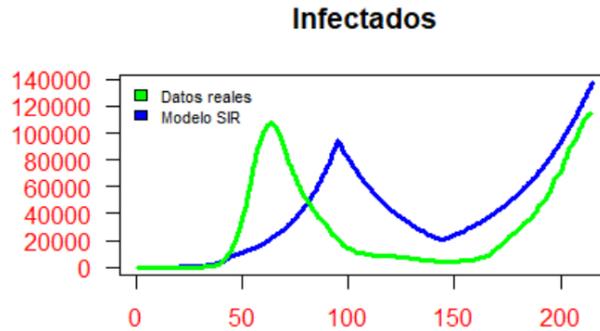


Figura 14: Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020. (fórmula acumulados. Figura de fuente propia.

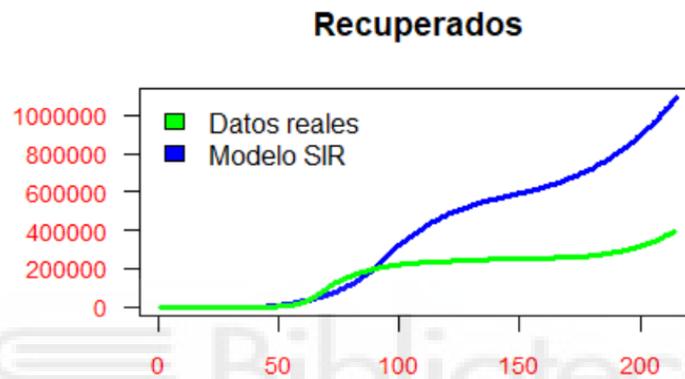


Figura 15: Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020 (fórmula acumulados). Figura de fuente propia.

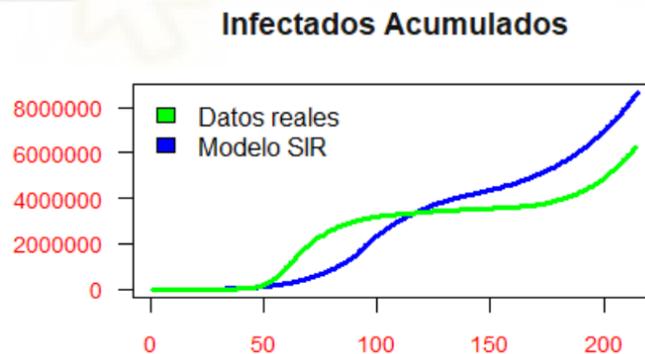


Figura 16: Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 31 de agosto del 2020 (fórmula acumulados). Figura de fuente propia.

En la Figura 14, se puede observar cómo al tratar con los errores obtenidos a través de los datos acumulados, en los infectados se obtiene una mejor estimación, pues mientras que en la realidad hay alrededor de 110 mil personas infectadas el modelo estima un total de 95 mil aproximadamente, estimación mucho mejor que la representada en la Figura 11. En cuanto a la Figura 15, curva de la población recuperada obtenemos resultados peores

que los anteriores debido a que a partir del día 100 se estiman alrededor de 300 mil recuperados más de los que hay en la realidad. Finalmente, en la Figura 16, observamos que en los primeros periodos se estiman menos infectados que los que verdaderamente hay y en los últimos las curvas representan la inversa.

#### Estudio 4

El tercer modelo SIR se ha realizado reduciendo el número de datos a analizar y escogiendo cuatro periodos de tiempo diferentes a los utilizados en los modelos anteriores. Se cuentan con 80 datos correspondientes a los días comprendidos entre el 1 de enero del 2020 y el 19 de abril del 2020. En este caso el error ha sido calculado del mismo modo que en el estudio 2.

- Periodo 1: del 31 de enero del 2020 al 19 de febrero del 2020.
- Periodo 2: del 20 de febrero del 2020 al 10 de marzo del 2020.
- Periodo 3: del 11 de marzo del 2020 al 30 de marzo del 2020.
- Periodo 4: del 31 de marzo del 2020 al 19 de abril del 2020.

Periodo	$\beta$	$\gamma$	Error
1	0.05	0.06	6,214
2	0.45	0.01	38.500,1
3	0.25	0.06	1.653.469.792
4	0.05	0.11	3.321.573.891

Tabla 4: Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España. Tabla de fuente propia.

En la Tabla 4 podemos apreciar cómo ha disminuido el valor de los errores de forma considerable respecto a los dos modelos anteriores. Cabe destacar que a medida que disminuye el número de datos a estudiar, mejor el modelo y consigo el ajuste a la realidad. Esto provoca una disminución en el error y la obtención de unos parámetros que logran reproducir la evolución de la pandemia lo más puntualmente posible. Dicho esto, los resultados obtenidos son los siguientes:

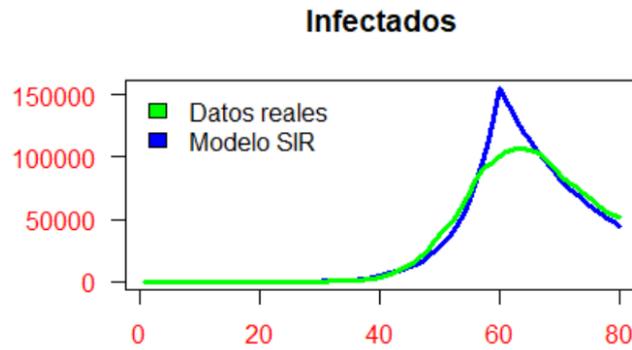


Figura 17: Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020. Figura de fuente propia.



Figura 18: Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020. Figura de fuente propia.

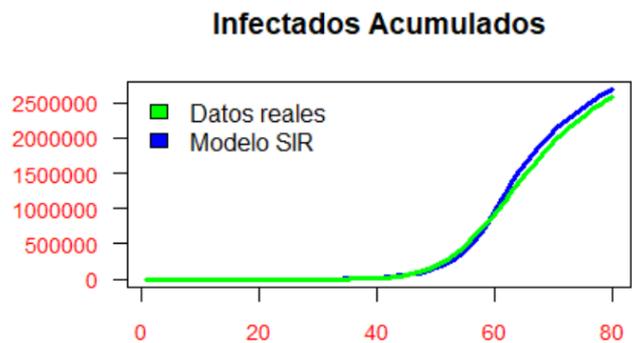


Figura 19: Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020. Figura de fuente propia.

En la Figura 17 se proyecta el número de infectados reales en el periodo de tiempo en cuestión frente a los estimados a través del modelo SIR, se puede observar cómo en este estudio, la simulación sigue siendo compleja ya que, mientras que el verdadero pico

estaba alrededor de 100 mil casos activos, el modelo alcanza un máximo de contagios de 150 mil casos. Sin embargo, para el resto de los días se obtiene cierta concordancia con la realidad, debido a la disminución del error. A diferencia del primer escenario estudiado, en este caso, el pico de la oleada coincide en ambas curvas, tanto en la realidad como en el estudio.

En cuanto a la Figura 18, gráfica que representa la población recuperada, podemos ver como en los primeros 60 días el modelo simula de forma semejante lo ocurrido en el territorio español, pero sin embargo, a partir del 30 de marzo del 2020, la curva de recuperados esperados aumenta ligeramente hasta marcar un total de 250 mil personas recuperadas, siendo verdaderamente 150 mil en ese periodo del tiempo.

Finalmente, en cuanto a la población infectada acumulada, representada en la Figura 19, podemos apreciar que el modelo SIR se ajusta perfectamente a la realidad, a diferencia de los otros estudios, en este se ha mejorado la estimación sin llegar a ser perfecta. Debido a estos resultados, es preciso tener en cuenta la importancia que tiene establecer diferentes periodos de tiempo con el fin de encontrar el mejor modelo, en este caso, con otros intervalos de tiempo quizás se obtendrían mejores resultados. Por otro lado, en las tres proyecciones se observa la subida exponencial de contagios que se dieron al no decretar las medidas de prevención necesarias.

## Estudio 5

Una vez obtenidos los resultados anteriores, con los mismos datos que en el modelo anterior, se ha realizado el cuarto escenario haciendo uso de los datos acumulados para calcular los errores, de la misma forma que en el estudio 3. Se han obtenido los siguientes parámetros:

Periodo	$\beta$	$\gamma$	Error
1	0.05	0.06	12,799
2	0.45	0.02	33.368,39
3	0.25	0.06	2.354.900.335
4	0.1	0.09	68.771.394.222

Tabla 5: Parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  para los diferentes periodos estudiados en España.(datos acumulados. Tabla de fuente propia.

En la Tabla 5 se puede apreciar como el valor de los parámetros solo ha variado en el periodo 4, sin embargo, el total de error obtenido aumenta en los cuatro periodos. Los resultados obtenidos son los siguientes:

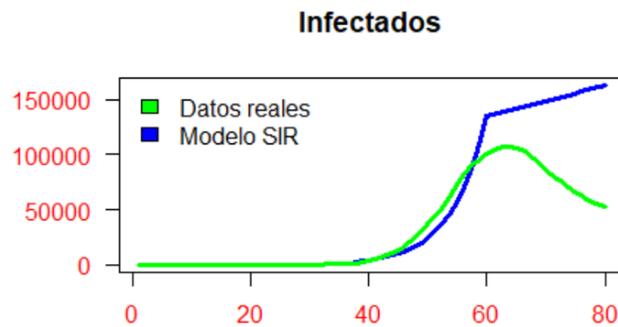


Figura 20: Estimación de la población infectada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados. Figura de fuente propia.



Figura 21: Estimación de la población recuperada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados. Figura de fuente propia.

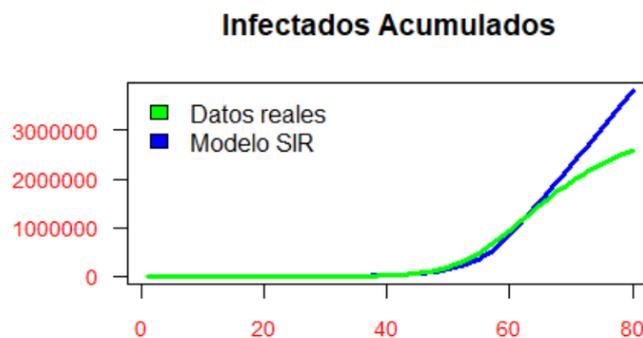


Figura 22: Estimación de la población infectada acumulada en España del 31 de enero al 12 de mayo del 2020.(Fórmula acumulados). Figura de fuente propia.

En la Figura 20 podemos observar como en los primeros periodos el modelo se ajusta perfectamente a la realidad, pero sin embargo, en el cuarto periodo el modelo no decae en el número de infectados, pues los parámetros obtenidos no son lo suficientemente buenos, puesto que no siguen el mismo patrón de la evolución de la pandemia en ese periodo. Ocurre lo mismo en las Figuras 21 y 22, pues en este modelo parece que se recuperan menos personas de las que realmente lo hacen.

### **11. Análisis y discusión.**

Tras analizar cuatro escenarios diferentes en España podemos darnos cuenta de que el Modelo SIR sirve como un indicio básico para la interpretación del comportamiento y evolución de una pandemia, pero sin embargo, sus pronósticos adolecen de precisión, puesto que, las curvas que nos proporciona este modelo son considerablemente más agresivas y distantes de la realidad.

Estos desajustes pueden deberse a algunas de las limitaciones que conlleva la realización de un modelo SIR. Pues este, no considera las posibles mutaciones del virus en cuestión, lo que podría alterar de forma significativa las tasas de la población infectada como de la recuperada. Pues para tener en cuenta cada una de las variantes que van surgiendo a lo largo de la pandemia sería necesario llevar a cabo una ampliación a un modelo epidemiológico más avanzado como podría ser el SIS o el SIRS, en los cuales se tienen en cuenta la posible pérdida de inmunidad o la inexistencia de recuperación. Otra de las limitaciones que presenta el modelo SIR es la necesidad de considerar a todos los individuos de la población de forma similar, es decir, toma por igual la probabilidad de contagio en toda la población. Pues no es la misma para una persona que sufre alguna otra enfermedad que para un individuo que no sufre ningún problema de salud. Con el fin de regular esta limitación, sería conveniente llevar a cabo un estudio reducido en el cual toda la población fuera lo más homogénea posible.

### **12. Conclusiones y propuestas.**

En este trabajo se han llevado a cabo diferentes modelos epidemiológicos con el fin de obtener uno que se ajuste lo más fielmente posible a la evolución de la pandemia COVID-19 en España. Para ello, en primer lugar se ha realizado una breve introducción acerca de lo que ha supuesto este virus para el territorio nacional, dando a paso a la enumeración de diversos modelos matemáticos epidemiológicos que sirven para llevar un control de estas

enfermedades. Con más profundidad, se ha llevado a cabo una descripción de los modelos SIR y SEIR, haciendo un ejemplo en la Comunidad Valenciana para este primero. Así mismo, se han tratado de estimar únicamente, mediante técnicas combinatorias, los parámetros de modelos SIR con distintos términos de error y fechas, puesto que, es un trabajo de toma de contacto sobre la estimación de parámetros de modelos. Finalmente, de entre los cuatro estudios realizados para el territorio español, el modelo SIR que mejor se ha ajustado a la evolución de esta pandemia ha sido el estudio 4, el cual consiste en el análisis de 80 datos referentes a los días comprendidos entre el 1 de enero del 2020 y el 19 de abril del 2020. Pues tanto la estimación de la población infectada como la acumulada infectada es similar a la realidad en cada uno de los periodos de tiempo, a diferencia de la recuperada la cual el modelo alcanza valores superiores, pero aun así aporta mejores resultados que el resto de los modelos estudiados. Además, cabe destacar que los errores calculados son inferiores al resto.

Como propuestas, queda pendiente el estudio de esta pandemia en diferentes periodos de tiempo, por ejemplo seleccionando distintas variaciones de fechas en la primera oleada o escogiendo la segunda o tercera oleada sufrida tanto en España como en diferentes comunidades autónomas. También podría ser posible el estudio haciendo uso de otros modelos epidemiológicos mencionados en el presente trabajo, teniendo en cuenta otros grupos de la población, como  $M$ , que representa el número de individuos que adquieren la enfermedad durante un periodo de tiempo determinado, propio de los modelos MSIR y MSEIR.

### **13. Bibliografía.**

- [1] Montesinos-López, O. and Hernández-Suárez, C., 2021. Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. Scielo.org.mx.
- [2] Isabel Carmona Jover. Ecuaciones diferenciales. 1992
- [3] Fabian M. Jaksic Andrade, Sergio A. Castro Morales. Investigaciones biológicas en Chile: causas globales e impactos locales.
- [4] Bonita, Ruth, Beaglehole, Robert, Kjellström, Tord & World Health Organization. (2006). Basic epidemiology, 2nd ed. World Health Organization.

- [5] C. Dubé, G. Garner, M. Stevenson, C. Estrada, P.Willeberg. Utilización de modelos epidemiológicos para la gestión de las enfermedades animales. Conf. OIE 2007, 25-35.
- [6] Homero Wilches Visbal y Castillo Pedraza. Rev Esp Salud Pública. 2020; Vol. 94: 23 de septiembre e1-11.
- [7] P. Estévez Valencia. Optimización mediante algoritmos genéticos. Anales del Instituto de Ingenieros de Chile. Agosto, 97, pp.83-92.
- [8] Abelló Ugalde, I., Guinovart Díaz, R. and Morales Lezca, W., 2021. El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba. Scielosp.org.
- [9] Kermack, W.O. y McKendrick (1972). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. Proceedings of the Royal Society.
- [10] Jorge Homero Wilches Visbal y Midian Clara Castillo Pedraza. Aproximación matemática del modelo epidemiológico sir para la comprensión de las medidas de contención contra la covid-19. Rev Esp Salud Pública. 2020; Vol. 94: 23 de septiembre e1-11.
- [11] Fox JP, Elveback L, Scott W, Gatewood L, Ackerman E. Herd immunity: basic concept and relevance to public health immunization practices. Am J Epidemiol 1971;94:179-89.
- [12] Epdata.es. 2021. Comunidad Valenciana - La evolución del coronavirus en cada comunidad.
- [13] GitHub. 2021. datadista/datasets.
- [14] Delia Ortega-Lenis, David Arango-Londoño, Edgar Muñoz, Daniel E. Cuartas, Diana Caicedo, Jorge Mena, Miyerlandi Torres y Fabian Mendez. Predicciones de un modelo SEIR para casos de COVID-19 en Cali, Colombia. Rev. Salud Pública. 22(2): 1-6, 2020.
- [15] Dadesobertes.gva.es. 2021. Conjuntos de datos - Generalitat Valenciana. <https://dadesobertes.gva.es/es/dataset?tags=COVID-19>.

Figuras:

[16] 2021. <https://www.agenciasinc.es/Reportajes/Un-modelo-un-teorema-y-teoria-de-juegos-contra-el-coronavirus>.

[17] Blog del Instituto de Matemáticas de la Universidad de Sevilla. 2021. *Análisis del Covid-19 por medio de un modelo SEIR*. <https://www.institucional.us.es/blogimus/2020/03/covid-19-analisis-por-medio-de-un-modelo-seir/>.

## 14. Anexos.

En este apartado se va a introducir el código informático que ha sido utilizado para llevar a cabo este trabajo.

### Estudio 1

```
#Leemos los datos
library(readxl)

datos <- read_excel("C:/Users/Cristina/Desktop/cristina uni/cuarto
año/TFG/R/cv.xlsx")
View(datos)

#Fijamos los parametros iniciales
a<-0.1#Parametro que indica el numero de personas infectadas por dia
b<-0.001#Parametro que indica el numero de personas recuperas por dia (b<1, es
decir, no se pueden recuperar mas personas de las que hay infectadas
inicialmente)
t<-1 #Parametro que indica la linea del tiempo
N<-5057353#Parametro que indica el numero total de la poblacion a estudiar
I<-306 #Parametro que indica el numero de peronas infectadas al principio

#Recorremos los diferentes dias
n<-nrow(datos);n

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n))
infectados1<-c(rep(0,n))
recuperados1<-c(rep(0,n))

incrementoS<-c(rep(0,n))
incrementoI<-c(rep(0,n))
incrementoR<-c(rep(0,n))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-12

r1<-NULL
va1<-NULL
vb1<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
```

```

for(bb in 1:15){
  b=bb*0.01;

  #Los tres incrementos iniciales
  incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
  incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
  incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

  #Los tres grupos e incrementos para cada dia
  for (i in 1:n){
    incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
    incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
    incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
    susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
    infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
    recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
  }

  incrementoS
  incrementoR
  incrementoI
  susceptibles1
  infectados1
  recuperados1

  #Calculamos las diferencias
  diff<-c(rep(0,n))
  for (i in 1:n){
    diff[i]<-0.5*(infectados1[i]-datos$Activos[i])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i])^2
  }
  diff

  #Calculamos el error
  error1<-sum(diff);error1

  #Mostramos los resultados
  print("*****")
  print(a)
  print(b)
  print(error1)

  #Para almacenar los resultados
  va1<-c(va1,a)
  vb1<-c(vb1,b)
  r1<-c(r1,error1)

}
}

va1
vb1
r1

pares1<-data.frame(va1,vb1,r1);pares1
summary(pares1)
min1<-which.min(pares1$r1)
total1<-pares1[min1,];total1
a<-pares1$va1[min1]
b<-pares1$vb1[min1]

#tres grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n))

```

```

infectados1<-c(rep(0,n))
recuperados1<-c(rep(0,n))

incrementoS<-c(rep(0,n))
incrementoI<-c(rep(0,n))
incrementoR<-c(rep(0,n))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-12

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n))
for (i in 1:n){
  diff[i]<-0.5*(infectados1[i]-datos$Activos[i])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i])^2
}
diff

#Calculamos el error
error<-sum(diff);error

#RO
#Ro(t)=detectados nuevos en t / activos en t-1
ro<-c(rep(0,n))
for (i in 1:n){
  ro[i+1]=datos$Activos[i+1]/datos$Activos[i]
}
ro
plot(ro,type="l",col="blue",lwd=3, main="Indice Reproductivo Basico", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
plot(datos$Activos,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

#Representacion grafica de los tres grupos
plot(infectados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos,col="green",lwd=3)
legend(x = "left",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

R<-cumsum(datos$Recuperados)

```

```
plot(recuperados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R,col="green",lwd=3)
legend(x = "left",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))
```

## Estudio 2

```
#Leemos los datos

library(readxl)

datos <- read_excel("C:/Users/Cristina/Desktop/cristina uni/cuarto
año/TFG/R/tfg.xlsx")

View(datos)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 14 MARZO(44)
#PERIODO 2 : 15 MARZO(45) AL 3 MAYO(94)
#PERIODO 3 : 4 MAYO(95) AL 21 JUNIO(143)
#PERIODO 4 : 22 JUNIO(144) AL 31 AGOSTO(214)

#Fijamos los parametros iniciales
a<-0.1 #Parametro que indica el numero de personas infectadas por dia
b<-0.001 #Parametro que indica el numero de personas recuperas por dia (b<1,
es decir, no se pueden recuperar mas personas de las que hay infectadas
inicialmente)
t<-1 #Parametro que indica la linea del tiempo
N<-47329981#Parametro que indica el numero total de la poblacion a estudiar
I<-4 #Parametro que indica el numero de peronas infectadas al principio

R<-cumsum(datos$Recuperados)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 14 MARZO(44)
#Recorremos los diferentes dias
n1<-nrow(datos[1:44,]);n1

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))
recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))
```

```

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-1

r1<-NULL
va1<-NULL
vb1<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;

  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;

    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n1){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
      infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles1
    infectados1
    recuperados1
  }
}

```

```

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n1))
for (i in 1:n1){
  diff[i]<-0.5*(infectados1[i]-datos$Activos[i])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i])^2
}
diff

#Calculamos el error
error1<-sum(diff);error1

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error1)

#Para almacenar los resultados
val<-c(val,a)
vb1<-c(vb1,b)
r1<-c(r1,error1)
}
}

val
vb1
r1

pares1<-data.frame(val,vb1,r1);pares1
summary(pares1)
min1<-which.min(pares1$r1)
total1<-pares1[min1,];total1
a<-pares1$val[min1]
b<-pares1$vb1[min1]

#tres grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))

```

```

recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-4
recuperados1[1]<-1

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n1){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

#Representación gráfica
plot(infectados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados periodo 1",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[1:45],col="green",lwd=3)

```

```

plot(recuperados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(R[1:45],col="green",lwd=3)

#PERIODO 2 : 15 MARZO(45) AL 3 MAYO(94)
n2<-nrow(datos[45:94,]);n2

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[45]
infectados2[1]<-infectados1[45]
recuperados2[1]<-recuperados1[45]

r2<-NULL
va2<-NULL
vb2<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b

```

```

    incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
    susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
    infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
    recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
  }

  incrementoS
  incrementoR
  incrementoI
  susceptibles2
  infectados2
  recuperados2

  #Calculamos las diferencias
  diff<-c(rep(0,n2))
  for (i in 1:n2){
    diff[i]<-0.5*(infectados2[i]-datos$Activos[i+44])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i+44])^2
  }
  diff

  #Calculamos el error
  error2<-sum(diff);error2

  #Mostramos los resultados
  print("*****")
  print(a)
  print(b)
  print(error2)

  #Para almacenar los resultados
  va2<-c(va2,a)
  vb2<-c(vb2,b)
  r2<-c(r2,error2)

}
}
va2
vb2
r2

```

```

pares2<-data.frame(va2,vb2,r2);pares2
summary(pares2)
min2<-which.min(pares2$r2)
total2<-pares2[min2,];total2
a<-pares2$va2[min2]
b<-pares2$vb2[min2]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[45]
infectados2[1]<-infectados1[45]
recuperados2[1]<-recuperados1[45]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
  infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}

```

```

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles2
infectados2
recuperados2

#Representación gráfica

plot(infectados2[2:51],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(datos$Activos[45:94],col="green",lwd=3)

plot(recuperados2[2:51],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(R[45:94],col="green",lwd=3)

#PERIODO 3 : 4 MAYO(95) AL 21 JUNIO(143)
n3<-nrow(datos[95:143,]);n3

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[51]
infectados3[1]<-infectados2[51]
recuperados3[1]<-recuperados2[51]

r3<-NULL
va3<-NULL
vb3<-NULL

for(aa in 1:40){

```

```

a=aa*0.05;
for(bb in 1:15){
  b=bb*0.01;
  #Los tres incrementos iniciales
  incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
  incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
  incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

  #Los tres grupos e incrementos para cada día
  for (i in 1:n3){
    incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
    incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
    incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
    susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
    infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
    recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
  }

  incrementoS
  incrementoR
  incrementoI
  susceptibles3
  infectados3
  recuperados3

  #Calculamos las diferencias
  diff<-c(rep(0,n3))
  for (i in 1:n3){
    diff[i]<-0.5*(infectados3[i]-datos$Activos[i+94])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i+94])^2
  }
  diff

  #Calculamos el error
  error3<-sum(diff);error3

  #Mostramos los resultados
  print("*****")

```

```
print(a)
print(b)
print(error3)

#Para almacenar los resultados
va3<-c(va3,a)
vb3<-c(vb3,b)
r3<-c(r3,error3)

}
}

va3
vb3
r3

pares3<-data.frame(va3,vb3,r3);pares3
summary(pares3)
min3<-which.min(pares3$r3)
total3<-pares3[min3,];total3
a<-pares3$va3[min3]
b<-pares3$vb3[min3]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[51]
infectados3[1]<-infectados2[51]
recuperados3[1]<-recuperados2[51]
```

```

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n3){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
  infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles3
infectados3
recuperados3

#Representación gráfica
plot(infectados3[2:50],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[95:143],col="green",lwd=3)

plot(recuperados3[2:50],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[95:143],col="green",lwd=3)

#PERIODO 4 : 22 JUNIO(144) AL 31 AGOSTO(214)
n4<-nrow(datos[144:214,]);n4

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))

```

```

recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[50]
infectados4[1]<-infectados3[50]
recuperados4[1]<-recuperados3[50]

r4<-NULL
va4<-NULL
vb4<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI

```

```

susceptibles4
infectados4
recuperados4

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n4))
for (i in 1:n4){
  diff[i]<-0.5*(infectados4[i]-
datos$Activos[i+142])^2+0.5*(incrementoR[i]-datos$Recuperados[i+142])^2
}
diff

#Calculamos el error
error4<-sum(diff);error4

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error4)

#Para almacenar los resultados
va4<-c(va4,a)
vb4<-c(vb4,b)
r4<-c(r4,error4)

}
}

va4
vb4
r4

pares4<-data.frame(va4,vb4,r4);pares4
summary(pares4)
min4<-which.min(pares4$r4)
total4<-pares4[min4,];total4
a<-pares4$va4[min4]
b<-pares4$vb4[min4]

```

```

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))
recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[50]
infectados4[1]<-infectados3[50]
recuperados4[1]<-recuperados3[50]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

```

```

#Representacion grafica
plot(infectados4[2:72],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

lines (datos$Activos[144:214],col="green",lwd=3)

plot(recuperados4[2:72],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines (R[144:214],col="green",lwd=3)

#RESULTADOS ERRORES

library(knitr)

total<-data.frame(total1[3],total2[3],total3[3],total4[3], row.names =
c("Error Mín"));total

kable(total*10,format='markdown',digits=2,padding=0)

#REPRESENTACION DATOS REALES VS PRONOSTICO

sus<-
c(susceptibles1[1:45],susceptibles2[2:51],susceptibles3[2:50],susceptibles4[2:
72]);sus

inf<-
c(infectados1[1:45],infectados2[2:51],infectados3[2:50],infectados4[2:72]);inf

rec<-
c(recuperados1[1:45],recuperados2[2:51],recuperados3[2:50],recuperados4[2:72])
;rec

#Activos reales vs infectados calculados

plot(inf,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

lines (datos$Activos,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Recuperados acumulados vs recuperados acumulados calculados

plot(rec,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

lines (R,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Infectados acumulados vs activos acumulados

A<-cumsum(datos$Activos)

I<-cumsum(inf)

```

```

plot(I,type="l",col="blue",cex.axis = 0.9,lwd=3, main="Infectados Acumulados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(A,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Ro(t)=detectados nuevos en t / activos en t-1
n<-sum(n1,n2,n3,n4);n
ro<-c(rep(0,n))
for (i in 1:n){
  ro[i+1]=datos$Activos[i+1]/datos$Activos[i]
}
ro
plot(ro,type="l",col="blue",lwd=3, main="Indice Reproductivo Basico", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
abline(h=1, lty="dotted", col="red")
plot(datos$Activos,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

```

### Estudio 3

```

#Leemos los datos
library(readxl)
datos <- read_excel("C:/Users/Cristina/Desktop/cristina uni/cuarto
año/TFG/RPRUEBAS/tfg1.xlsx")
View(datos)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 14 MARZO(44)
#PERIODO 2 : 15 MARZO(45) AL 3 MAYO(94)
#PERIODO 3 : 4 MAYO(95) AL 21 JUNIO(143)
#PERIODO 4 : 22 JUNIO(144) AL 31 AGOSTO(214)

#Fijamos los parametros iniciales
a<-0.1 #Parametro que indica el numero de personas infectadas por dia
b<-0.001 #Parametro que indica el numero de personas recuperas por dia (b<1,
es decir, no se pueden recuperar mas personas de las que hay infectadas
inicialmente)
t<-1 #Parametro que indica la linea del tiempo
N<-47329981#Parametro que indica el numero total de la poblacion a estudiar
I<-4 #Parametro que indica el numero de peronas infectadas al principio

#Para calcular los acumulados

```

```
n<-nrow(datos);n
R<-cumsum(datos$Recuperados)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 14 MARZO(44)
#Recorreremos los diferentes dias
n1<-nrow(datos[1:44,]);n1

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))
recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-1

r1<-NULL
va1<-NULL
vb1<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;

  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;

    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]
```

```

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n1){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)
#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n1))
for (i in 1:n1){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i])^2+0.5*(IR[i]-R[i])^2
}
diff

#Calculamos el error
error1<-sum(diff);error1

#Mostramos los resultados
print("*****")

```

```
print(a)
print(b)
print(error1)

#Para almacenar los resultados
val<-c(val,a)
vb1<-c(vb1,b)
r1<-c(r1,error1)

}
}

val
vb1
r1

pares1<-data.frame(val,vb1,r1);pares1
summary(pares1)
min1<-which.min(pares1$r1)
total1<-pares1[min1,];total1
a<-pares1$val[min1]
b<-pares1$vb1[min1]

#tres grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))
recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-4
recuperados1[1]<-1
```

```

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n1){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

#Representación gráfica
plot(infectados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados periodo 1",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[1:45],col="green",lwd=3)

plot(recuperados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[1:45],col="green",lwd=3)

#PERIODO 2 : 15 MARZO(45) AL 3 MAYO(94)
n2<-nrow(datos[45:94,]);n2

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))

```



```

recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[45]
infectados2[1]<-infectados1[45]
recuperados2[1]<-recuperados1[45]

r2<-NULL
va2<-NULL
vb2<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
  infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI

```

```

susceptibles2
infectados2
recuperados2

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n2))
for (i in 1:n2){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+44])^2+0.5*(IR[i]-R[i+44])^2
}
diff

#Calculamos el error
error2<-sum(diff);error2

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error2)

#Para almacenar los resultados
va2<-c(va2,a)
vb2<-c(vb2,b)
r2<-c(r2,error2)

}
}

va2
vb2
r2

```

```

pares2<-data.frame(va2,vb2,r2);pares2
summary(pares2)
min2<-which.min(pares2$r2)
total2<-pares2[min2,];total2
a<-pares2$va2[min2]
b<-pares2$vb2[min2]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[45]
infectados2[1]<-infectados1[45]
recuperados2[1]<-recuperados1[45]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
  infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}

```

```
incrementoS  
incrementoR  
incrementoI  
susceptibles2  
infectados2  
recuperados2
```

#### #Representación gráfica

```
plot(infectados2[2:51],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",  
ylab="", las=1, col.axis="red")  
lines(datos$Activos[45:94],col="green",lwd=3)  
plot(recuperados2[2:51],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",  
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")  
lines(R[45:94],col="green",lwd=3)
```

#### #PERIODO 3 : 4 MAYO(95) AL 21 JUNIO(143)

```
n3<-nrow(datos[95:143,]);n3
```

#### #Dimensiones de los grupos e incrementos

```
susceptibles3<-c(rep(0,n3))  
infectados3<-c(rep(0,n3))  
recuperados3<-c(rep(0,n3))
```

```
incrementoS<-c(rep(0,n3))  
incrementoI<-c(rep(0,n3))  
incrementoR<-c(rep(0,n3))
```

#### #Los tres grupos iniciales

```
susceptibles3[1]<-susceptibles2[51]  
infectados3[1]<-infectados2[51]  
recuperados3[1]<-recuperados2[51]
```

```
r3<-NULL  
va3<-NULL  
vb3<-NULL
```

```

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada día
    for (i in 1:n3){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
      infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles3
    infectados3
    recuperados3

    R<-cumsum(datos$Recuperados)
    I<-cumsum(-incrementoS)
    A<-cumsum(datos$Nuevos)
    IR<-cumsum(incrementoR)

    #Calculamos las diferencias
    diff<-c(rep(0,n3))
    for (i in 1:n3){
      diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+94])^2+0.5*(IR[i]-R[i+94])^2
    }
  }
}

```

```
diff

#Calculamos el error
error3<-sum(diff);error3

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error3)

#Para almacenar los resultados
va3<-c(va3,a)
vb3<-c(vb3,b)
r3<-c(r3,error3)

}
}

va3
vb3
r3

pares3<-data.frame(va3,vb3,r3);pares3
summary(pares3)
min3<-which.min(pares3$r3)
total3<-pares3[min3,];total3
a<-pares3$va3[min3]
b<-pares3$vb3[min3]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))
```



```

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[51]
infectados3[1]<-infectados2[51]
recuperados3[1]<-recuperados2[51]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n3){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
  infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles3
infectados3
recuperados3

#Representación gráfica
plot(infectados3[2:50],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[95:143],col="green",lwd=3)

```

```

plot(recuperados3[2:50],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(R[95:143],col="green",lwd=3)

#PERIODO 4 : 22 JUNIO(144) AL 31 AGOSTO(214)
n4<-nrow(datos[144:214,]);n4

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))
recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[50]
infectados4[1]<-infectados3[50]
recuperados4[1]<-recuperados3[50]

r4<-NULL
va4<-NULL
vb4<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n4){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)

```

```

incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

```

```

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

```

```

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)

```

```

#Calculamos las diferencias

```

```

diff<-c(rep(0,n4))
for (i in 1:n4){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+142])^2+0.5*(IR[i]-R[i+142])^2
}
diff

```

```

#Calculamos el error

```

```

error4<-sum(diff);error4

```

```

#Mostramos los resultados

```

```

print("*****")
print(a)
print(b)
print(error4)

```

```

#Para almacenar los resultados

```

```
va4<-c(va4, a)
vb4<-c(vb4, b)
r4<-c(r4, error4)

}
}

va4
vb4
r4

pares4<-data.frame(va4, vb4, r4);pares4
summary(pares4)
min4<-which.min(pares4$r4)
total4<-pares4[min4,];total4
a<-pares4$va4[min4]
b<-pares4$vb4[min4]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0, n4))
infectados4<-c(rep(0, n4))
recuperados4<-c(rep(0, n4))

incrementoS<-c(rep(0, n4))
incrementoI<-c(rep(0, n4))
incrementoR<-c(rep(0, n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[50]
infectados4[1]<-infectados3[50]
recuperados4[1]<-recuperados3[50]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
```

```

incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

#Representacion grafica
plot(infectados4[2:72],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[144:214],col="green",lwd=3)

plot(recuperados4[2:72],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[144:214],col="green",lwd=3)

#RESULTADOS ERRORES
library(knitr)

total<-data.frame(total1[3],total2[3],total3[3],total4[3], row.names =
c("Error Mín"));total
kable(total*10,format='markdown',digits=2,padding=0)

#REPRESENTACION DATOS REALES VS PRONOSTICO

```



```

sus<-
c(susceptibles1[1:45],susceptibles2[2:51],susceptibles3[2:50],susceptibles4[2:
72]);sus

inf<-
c(infectados1[1:45],infectados2[2:51],infectados3[2:50],infectados4[2:72]);inf

rec<-
c(recuperados1[1:45],recuperados2[2:51],recuperados3[2:50],recuperados4[2:72])
;rec

#Activos reales vs infectados calculados

plot(inf,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

lines(datos$Activos,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",cex = 0.7,bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo
SIR"), fill = c("green", "blue"))

#Recuperados acumulados vs recuperados acumulados calculados

plot(rec,type="l",col="blue",cex.axis = 0.9,lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(R,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Infectados acumulados vs activos acumulados

A<-cumsum(datos$Activos)
I<-cumsum(inf)

plot(I,type="l",col="blue",cex.axis = 0.9,lwd=3, main="Infectados Acumulados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(A,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Ro(t)=detectados nuevos en t / activos en t-1

n<-sum(n1,n2,n3,n4);n

ro<-c(rep(0,n))

for (i in 1:n){
  ro[i+1]=datos$Activos[i+1]/datos$Activos[i]
}

ro

plot(ro,type="l",col="blue",lwd=3, main="Indice Reproductivo Basico", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

abline(h=1, lty="dotted", col="red")

plot(datos$Activos,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

```

## Estudio 4

```

#Leemos los datos

library(readxl)

datos <- read_excel("C:/Users/Cristina/Desktop/cristina uni/cuarto
año/TFG/R/tfg.xlsx")

datos<-datos[1:80,]

View(datos)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 19 FEBRERO(20)
#PERIODO 2 : 20 FEBRERO(21) AL 10 MARZO(40)
#PERIODO 3 : 11 MARZO(41) AL 30 MARZO(60)
#PERIODO 4 : 31 MARZO(61) AL 19 ABRIL(80)

#Fijamos los parametros iniciales
a<-0.1 #Parametro que indica el numero de personas infectadas por dia
b<-0.001 #Parametro que indica el numero de personas recuperas por dia (b<1,
es decir, no se pueden recuperar mas personas de las que hay infectadas
inicialmente)
t<-1 #Parametro que indica la linea del tiempo
N<-47329981#Parametro que indica el numero total de la poblacion a estudiar
I<-4 #Parametro que indica el numero de peronas infectadas al principio

R<-cumsum(datos$Recuperados)

#PERIODO 1 :
#Recorremos los diferentes dias
n1<-nrow(datos[1:20,]);n1
n2<-nrow(datos[21:40,]);n2
n3<-nrow(datos[41:60,]);n3
n4<-nrow(datos[61:80,]);n4

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))
recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N

```

```

infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-1

r1<-NULL
va1<-NULL
vb1<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;

  for(bb in 1:30){
    b=bb*0.01;

    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada día
    for (i in 1:n1){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
      infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles1
    infectados1
    recuperados1

    #Calculamos las diferencias
    diff<-c(rep(0,n1))

```

```

    for (i in 1:n1){
        diff[i]<-0.5*(infectados1[i]-datos$Activos[i])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i])^2
    }
diff

#Calculamos el error
error1<-sum(diff);error1

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error1)

#Para almacenar los resultados
va1<-c(va1,a)
vb1<-c(vb1,b)
r1<-c(r1,error1)
}
}

va1
vb1
r1

pares1<-data.frame(va1,vb1,r1);pares1
summary(pares1)
min1<-which.min(pares1$r1)
total1<-pares1[min1,];total1
a<-pares1$va1[min1]
b<-pares1$vb1[min1]

#tres grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))

```



```

recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))
#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-4
recuperados1[1]<-1

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n1){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

#Representación gráfica
plot(infectados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados periodo 1",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red",ylim = c(4, 8))
lines(datos$Activos[1:20],col="green",lwd=3)

plot(recuperados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

```

```

lines(R[1:20],col="green",lwd=3)

#PERIODO 2 :
n2<-nrow(datos[21:40,]);n2

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[21]
infectados2[1]<-infectados1[21]
recuperados2[1]<-recuperados1[21]

r2<-NULL
va2<-NULL
vb2<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:30){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n2){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
    }
  }
}

```

```

susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles2
infectados2
recuperados2

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n2))
for (i in 1:n2){
  diff[i]<-0.5*(infectados2[i]-datos$Activos[i+20])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i+20])^2
}
diff

#Calculamos el error
error2<-sum(diff);error2

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error2)

#Para almacenar los resultados
va2<-c(va2,a)
vb2<-c(vb2,b)
r2<-c(r2,error2)

}
}

va2

```



```

vb2
r2

pares2<-data.frame(va2,vb2,r2);pares2
summary(pares2)
min2<-which.min(pares2$r2)
total2<-pares2[min2,];total2
a<-pares2$va2[min2]
b<-pares2$vb2[min2]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[21]
infectados2[1]<-infectados1[21]
recuperados2[1]<-recuperados1[21]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
  infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
}

```

```
recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}
```

```
incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles2
infectados2
recuperados2
```

#### #Representación gráfica

```
plot(infectados2[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[21:40],col="green",lwd=3)
plot(recuperados2[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[21:40],col="green",lwd=3)
```

#### #PERIODO 3 :

```
n3<-nrow(datos[41:60,]);n3
```

#### #Dimensiones de los grupos e incrementos

```
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))
```

```
incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))
```

#### #Los tres grupos iniciales

```
susceptibles3[1]<-susceptibles2[21]
infectados3[1]<-infectados2[21]
recuperados3[1]<-recuperados2[21]
```

```
r3<-NULL
```

```

va3<-NULL
vb3<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:30){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n3){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
      infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles3
    infectados3
    recuperados3

    #Calculamos las diferencias
    diff<-c(rep(0,n3))
    for (i in 1:n3){
      diff[i]<-0.5*(infectados3[i]-datos$Activos[i+40])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i+40])^2
    }
    diff

    #Calculamos el error

```

```
error3<-sum(diff);error3

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error3)

#Para almacenar los resultados
va3<-c(va3,a)
vb3<-c(vb3,b)
r3<-c(r3,error3)

}
}
```

```
va3
vb3
r3
```



```
pares3<-data.frame(va3,vb3,r3);pares3
summary(pares3)
min3<-which.min(pares3$r3)
total3<-pares3[min3,];total3
a<-pares3$va3[min3]
b<-pares3$vb3[min3]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))
```

```

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[21]
infectados3[1]<-infectados2[21]
recuperados3[1]<-recuperados2[21]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n3){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
  infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles3
infectados3
recuperados3

#Representación gráfica
plot(infectados3[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[41:60],col="green",lwd=3)

plot(recuperados3[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[41:60],col="green",lwd=3)

#PERIODO 4 :

```

```

n4<-nrow(datos[61:80,]);n4

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))
recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[21]
infectados4[1]<-infectados3[21]
recuperados4[1]<-recuperados3[21]

r4<-NULL
va4<-NULL
vb4<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:30){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]

```



```

    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles4
    infectados4
    recuperados4

    #Calculamos las diferencias
    diff<-c(rep(0,n4))
    for (i in 1:n4){
        diff[i]<-0.5*(infectados4[i]-datos$Activos[i+60])^2+0.5*(incrementoR[i]-
datos$Recuperados[i+60])^2
    }
    diff

    #Calculamos el error
    error4<-sum(diff);error4

    #Mostramos los resultados
    print("*****")
    print(a)
    print(b)
    print(error4)

    #Para almacenar los resultados
    va4<-c(va4,a)
    vb4<-c(vb4,b)
    r4<-c(r4,error4)

}
}

va4
vb4
r4

```

```

pares4<-data.frame(va4,vb4,r4);pares4
summary(pares4)
min4<-which.min(pares4$r4)
total4<-pares4[min4,];total4
a<-pares4$va4[min4]
b<-pares4$vb4[min4]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))
recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[21]
infectados4[1]<-infectados3[21]
recuperados4[1]<-recuperados3[21]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

```

```

}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

#Representacion grafica
plot(infectados4[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[61:80],col="green",lwd=3)

plot(recuperados4[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[61:80],col="green",lwd=3)

#RESULTADOS ERRORES
library(knitr)

total<-data.frame(total1[3],total2[3],total3[3],total4[3], row.names =
c("Error Min"));total
kable(total*10,format='markdown',digits=2,padding=0)

#REPRESENTACION DATOS REALES VS PRONOSTICO
sus<-
c(susceptibles1[1:20],susceptibles2[2:21],susceptibles3[2:21],susceptibles4[2:
21]);sus

inf<-
c(infectados1[1:20],infectados2[2:21],infectados3[2:21],infectados4[2:21]);inf

rec<-
c(recuperados1[1:20],recuperados2[2:21],recuperados3[2:21],recuperados4[2:21])
;rec

plot(inf,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos,col="green",lwd=3)
legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

plot(rec,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

```

```

lines(R,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Infectados acumulados vs activos acumulados

A<-cumsum(datos$Activos)

I<-cumsum(inf)

plot(I,type="l",col="blue",cex.axis = 0.9,lwd=3, main="Infectados Acumulados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(A,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Ro(t)=detectados nuevos en t / activos en t-1

n<-sum(n1,n2,n3,n4);n
ro<-c(rep(0,n))
for (i in 1:n){
  ro[i+1]=datos$Activos[i+1]/datos$Activos[i]
}
ro

plot(ro,type="l",col="blue",lwd=3, main="Indice Reproductivo Basico", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

abline(h=1, lty="dotted", col="red")

plot(datos$Activos,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

```

## Estudio 5

```

#Leemos los datos

library(readxl)

datos <- read_excel("C:/Users/Cristina/Desktop/cristina uni/cuarto
año/TFG/RPRUEBAS/tfg1.xlsx")

datos<-datos[1:80,]

View(datos)

#PERIODO 1 : 31 ENERO(1) AL 19 FEBRERO(20)
#PERIODO 2 : 20 FEBRERO(21) AL 10 MARZO(40)

```

```
#PERIODO 3 : 11 MARZO(41) AL 30 MARZO(60)
#PERIODO 4 : 31 MARZO(61) AL 19 ABRIL(80)

#Fijamos los parametros iniciales
a<-0.1 #Parametro que indica el numero de personas infectadas por dia
b<-0.001 #Parametro que indica el numero de personas recuperas por dia (b<1,
es decir, no se pueden recuperar mas personas de las que hay infectadas
inicialmente)
t<-1 #Parametro que indica la linea del tiempo
N<-47329981#Parametro que indica el numero total de la poblacion a estudiar
I<-4 #Parametro que indica el numero de peronas infectadas al principio

R<-cumsum(datos$Recuperados)

#PERIODO 1 :
#Recorremos los diferentes dias
n1<-nrow(datos[1:20,]);n1
n2<-nrow(datos[21:40,]);n2
n3<-nrow(datos[41:60,]);n3
n4<-nrow(datos[61:80,]);n4

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))
recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-I
recuperados1[1]<-1

r1<-NULL
va1<-NULL
vb1<-NULL
```

```

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;

  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;

    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n1){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
      infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles1
    infectados1
    recuperados1

    R<-cumsum(datos$Recuperados)
    I<-cumsum(-incrementoS)
    A<-cumsum(datos$Nuevos)
    IR<-cumsum(incrementoR)
    #Calculamos las diferencias
    diff<-c(rep(0,n1))
    for (i in 1:n1){

```

```

    diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i])^2+0.5*(IR[i]-R[i])^2
  }
diff

#Calculamos el error
error1<-sum(diff);error1

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error1)

#Para almacenar los resultados
val<-c(val,a)
vb1<-c(vb1,b)
r1<-c(r1,error1)
}
}

val
vb1
r1

pares1<-data.frame(val,vb1,r1);pares1
summary(pares1)
min1<-which.min(pares1$r1)
total1<-pares1[min1,];total1
a<-pares1$val[min1]
b<-pares1$vb1[min1]

#tres grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles1<-c(rep(0,n1))
infectados1<-c(rep(0,n1))

```



```

recuperados1<-c(rep(0,n1))

incrementoS<-c(rep(0,n1))
incrementoI<-c(rep(0,n1))
incrementoR<-c(rep(0,n1))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles1[1]<-N
infectados1[1]<-4
recuperados1[1]<-1

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles1[1]*infectados1[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados1[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n1){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles1[i]*infectados1[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados1[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles1[i+1]<-susceptibles1[i]+incrementoS[i+1]
  infectados1[i+1]<-infectados1[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados1[i+1]<-recuperados1[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles1
infectados1
recuperados1

#Representación gráfica
plot(infectados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados periodo 1",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red",ylim = c(4, 8))
lines(datos$Activos[1:20],col="green",lwd=3)

```

```

plot(recuperados1,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

lines (R[1:20],col="green",lwd=3)

#PERIODO 2 :
n2<-nrow(datos[21:40,]);n2

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0,n2))
infectados2<-c(rep(0,n2))
recuperados2<-c(rep(0,n2))

incrementoS<-c(rep(0,n2))
incrementoI<-c(rep(0,n2))
incrementoR<-c(rep(0,n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[21]
infectados2[1]<-infectados1[21]
recuperados2[1]<-recuperados1[21]

r2<-NULL
va2<-NULL
vb2<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n2){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
    }
  }
}

```

```

    incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
    susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
    infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
    recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
  }

```

```

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles2
infectados2
recuperados2

```

```

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)

```

```

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n2))
for (i in 1:n2){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+20])^2+0.5*(IR[i]-R[i+20])^2
}
diff

```

```

#Calculamos el error
error2<-sum(diff);error2

```

```

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error2)

```

```

#Para almacenar los resultados

```

```

va2<-c(va2, a)
vb2<-c(vb2, b)
r2<-c(r2, error2)

}
}

va2
vb2
r2

pares2<-data.frame(va2, vb2, r2);pares2
summary(pares2)
min2<-which.min(pares2$r2)
total2<-pares2[min2,];total2
a<-pares2$va2[min2]
b<-pares2$vb2[min2]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles2<-c(rep(0, n2))
infectados2<-c(rep(0, n2))
recuperados2<-c(rep(0, n2))

incrementoS<-c(rep(0, n2))
incrementoI<-c(rep(0, n2))
incrementoR<-c(rep(0, n2))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles2[1]<-susceptibles1[21]
infectados2[1]<-infectados1[21]
recuperados2[1]<-recuperados1[21]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles2[1]*infectados2[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados2[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

```

```

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n2){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles2[i]*infectados2[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados2[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles2[i+1]<-susceptibles2[i]+incrementoS[i+1]
  infectados2[i+1]<-infectados2[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados2[i+1]<-recuperados2[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles2
infectados2
recuperados2

#Representación gráfica
plot(infectados2[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[21:40],col="green",lwd=3)
plot(recuperados2[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[21:40],col="green",lwd=3)

#PERIODO 3 :
n3<-nrow(datos[41:60,]);n3

#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))

```

```

incrementoR<-c(rep(0,n3))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[21]
infectados3[1]<-infectados2[21]
recuperados3[1]<-recuperados2[21]

r3<-NULL
va3<-NULL
vb3<-NULL

for(aa in 1:40){
  a=aa*0.05;
  for(bb in 1:15){
    b=bb*0.01;
    #Los tres incrementos iniciales
    incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
    incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
    incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

    #Los tres grupos e incrementos para cada dia
    for (i in 1:n3){
      incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
      incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
      incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
      susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
      infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
      recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
    }

    incrementoS
    incrementoR
    incrementoI
    susceptibles3
    infectados3
    recuperados3
  }
}

```

```

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n3))
for (i in 1:n3){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+40])^2+0.5*(IR[i]-R[i+40])^2
}
diff

#Calculamos el error
error3<-sum(diff);error3

#Mostramos los resultados
print("*****")
print(a)
print(b)
print(error3)

#Para almacenar los resultados
va3<-c(va3,a)
vb3<-c(vb3,b)
r3<-c(r3,error3)

}
}

va3
vb3
r3

pares3<-data.frame(va3,vb3,r3);pares3
summary(pares3)
min3<-which.min(pares3$r3)
total3<-pares3[min3,];total3

```



```

a<-pares3$va3[min3]
b<-pares3$vb3[min3]

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles3<-c(rep(0,n3))
infectados3<-c(rep(0,n3))
recuperados3<-c(rep(0,n3))

incrementoS<-c(rep(0,n3))
incrementoI<-c(rep(0,n3))
incrementoR<-c(rep(0,n3))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles3[1]<-susceptibles2[21]
infectados3[1]<-infectados2[21]
recuperados3[1]<-recuperados2[21]

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles3[1]*infectados3[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados3[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada dia
for (i in 1:n3){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles3[i]*infectados3[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados3[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles3[i+1]<-susceptibles3[i]+incrementoS[i+1]
  infectados3[i+1]<-infectados3[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados3[i+1]<-recuperados3[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles3

```

```
infectados3  
recuperados3
```

#### #Representación gráfica

```
plot(infectados3[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",  
ylab="", las=1, col.axis="red")
```

```
lines(datos$Activos[41:60],col="green",lwd=3)
```

```
plot(recuperados3[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",  
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
```

```
lines(R[41:60],col="green",lwd=3)
```

#### #PERIODO 4 :

```
n4<-nrow(datos[61:80,]);n4
```

#### #Dimensiones de los grupos e incrementos

```
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
```

```
infectados4<-c(rep(0,n4))
```

```
recuperados4<-c(rep(0,n4))
```

```
incrementoS<-c(rep(0,n4))
```

```
incrementoI<-c(rep(0,n4))
```

```
incrementoR<-c(rep(0,n4))
```

#### #Los tres grupos iniciales

```
susceptibles4[1]<-susceptibles3[21]
```

```
infectados4[1]<-infectados3[21]
```

```
recuperados4[1]<-recuperados3[21]
```

```
r4<-NULL
```

```
va4<-NULL
```

```
vb4<-NULL
```

```
for(aa in 1:40){
```

```
  a=aa*0.05;
```

```
  for(bb in 1:15){
```

```
    b=bb*0.01;
```

```

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]

#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

R<-cumsum(datos$Recuperados)
I<-cumsum(-incrementoS)
A<-cumsum(datos$Nuevos)
IR<-cumsum(incrementoR)

#Calculamos las diferencias
diff<-c(rep(0,n4))
for (i in 1:n4){
  diff[i]<-0.5*(I[i]-A[i+60])^2+0.5*(IR[i]-R[i+60])^2
}
diff

#Calculamos el error
error4<-sum(diff);error4

#Mostramos los resultados

```

```

print("*****")
print(a)
print(b)
print(error4)

#Para almacenar los resultados
va4<-c(va4,a)
vb4<-c(vb4,b)
r4<-c(r4,error4)

}
}

va4
vb4
r4

```

```

pares4<-data.frame(va4,vb4,r4);pares4
summary(pares4)
min4<-which.min(pares4$r4)
total4<-pares4[min4,];total4
a<-pares4$va4[min4]
b<-pares4$vb4[min4]

```

```

#grupos con mejor a y b
#Dimensiones de los grupos e incrementos
susceptibles4<-c(rep(0,n4))
infectados4<-c(rep(0,n4))
recuperados4<-c(rep(0,n4))

incrementoS<-c(rep(0,n4))
incrementoI<-c(rep(0,n4))
incrementoR<-c(rep(0,n4))

#Los tres grupos iniciales
susceptibles4[1]<-susceptibles3[21]
infectados4[1]<-infectados3[21]
recuperados4[1]<-recuperados3[21]

```

```

#Los tres incrementos iniciales
incrementoS[1]<--a*(susceptibles4[1]*infectados4[1]/N)
incrementoR[1]<-infectados4[1]*b
incrementoI[1]<--incrementoS[1]-incrementoR[1]
#Los tres grupos e incrementos para cada día
for (i in 1:n4){
  incrementoS[i+1]<--a*(susceptibles4[i]*infectados4[i]/N)
  incrementoR[i+1]<-infectados4[i]*b
  incrementoI[i+1]<--incrementoS[i+1]-incrementoR[i+1]
  susceptibles4[i+1]<-susceptibles4[i]+incrementoS[i+1]
  infectados4[i+1]<-infectados4[i]+incrementoI[i+1]
  recuperados4[i+1]<-recuperados4[i]+incrementoR[i+1]
}

incrementoS
incrementoR
incrementoI
susceptibles4
infectados4
recuperados4

#Representacion grafica
plot(infectados4[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(datos$Activos[61:80],col="green",lwd=3)

plot(recuperados4[2:21],type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")
lines(R[61:80],col="green",lwd=3)

#RESULTADOS ERRORES
library(knitr)

total<-data.frame(total1[3],total2[3],total3[3],total4[3], row.names =
c("Error Mín"));total
kable(total*10,format='markdown',digits=2,padding=0)

#REPRESENTACION DATOS REALES VS PRONOSTICO

```

```

sus<-
c(susceptibles1[1:20],susceptibles2[2:21],susceptibles3[2:21],susceptibles4[2:
21]);sus

inf<-
c(infectados1[1:20],infectados2[2:21],infectados3[2:21],infectados4[2:21]);inf

rec<-
c(recuperados1[1:20],recuperados2[2:21],recuperados3[2:21],recuperados4[2:21])
;rec

#Infectados

plot(inf,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

lines(datos$Activos,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Recuperados

plot(rec,type="l",col="blue",lwd=3, main="Recuperados", xlab="", ylab="",
las=1, col.axis="red")

lines(R,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Infectados acumulados vs activos acumulados

A<-cumsum(datos$Activos)
I<-cumsum(inf)

plot(I,type="l",col="blue",cex.axis = 0.9,lwd=3, main="Infectados Acumulados",
xlab="", ylab="", las=1, col.axis="red")

lines(A,col="green",lwd=3)

legend(x = "topleft",bty = "n",legend=c("Datos reales", "Modelo SIR"), fill =
c("green", "blue"))

#Ro(t)=detectados nuevos en t / activos en t-1

n<-sum(n1,n2,n3,n4);n

ro<-c(rep(0,n))

for (i in 1:n){
  ro[i+1]=datos$Activos[i+1]/datos$Activos[i]
}

ro

plot(ro,type="l",col="blue",lwd=3, main="Indice Reproductivo Basico", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

abline(h=1, lty="dotted", col="red")

plot(datos$Activos,type="l",col="blue",lwd=3, main="Infectados", xlab="",
ylab="", las=1, col.axis="red")

```

