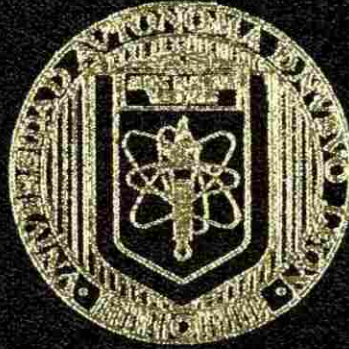


UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON
FACULTAD DE INGENIERIA MECANICA Y ELECTRICA
DIVISION DE ESTUDIOS DE POST GRADO



MODELOS MATEMATICOS DEL SIDA

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA INGENIERIA ELECTRICA
CON ESPECIALIDAD EN CONTROL.

PRESENTA

JUAN JOSE RODRIGUEZ SALINAS

SAN NICOLAS DE LOS GARZA, N. L. SEPTIEMBRE DE 2001

TM
75853
.M2
FINE
2001
R6

UNIVERSITY OF
MICHIGAN LIBRARY
SERIALS ACQUISITION
300 N ZEEB RD
ANN ARBOR MI 48106-1500
TEL 734 763 1000
FAX 734 763 1001
WWW.LIBRARY.MICHIGAN.EDU



1020145486



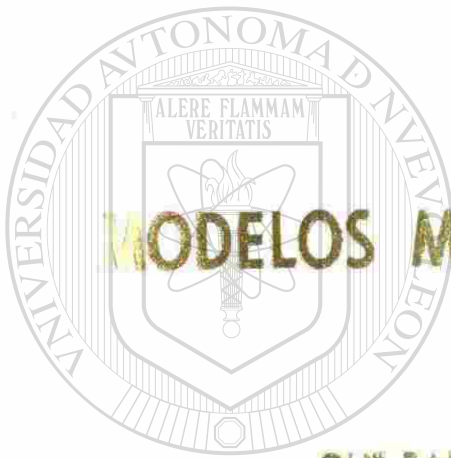
UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON
FACULTAD DE INGENIERIA MECANICA Y ELECTRICA
DIVISION DE ESTUDIOS DE POST GRADO



MODELOS MATEMATICOS DEL SIDA

TESIS

UANL

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRO EN CIENCIAS DE LA INGENIERIA ELECTRICA
CON ESPECIALIDAD EN CONTROL

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEÓN



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS
PRESENTA

JUAN JOSE RODRIGUEZ SALINAS

SAN NICOLAS DE LOS GARZA, N. L. SEPTIEMBRE DE 2001

0150-27160

TH
Z5853
• M2
FINE
2001
R6



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

®

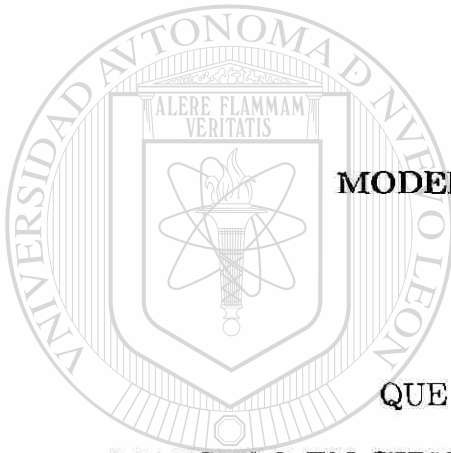
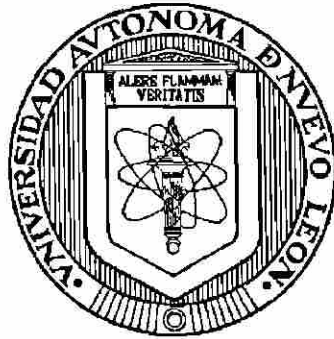
DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS



FONDO
TESIS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE INGENIERIA MECANICA Y ELECTRICA



MODELOS MATEMATICOS DEL SIDA

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE

**MAESTRO EN CIENCIAS DE LA INGENIERIA ELECTRICA CON
ESPECIALIDAD EN CONTROL**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

PRESENTA

**DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS
JUAN JOSE RODRIGUEZ SALINAS**



SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEON

SEPTIEMBRE, 2001

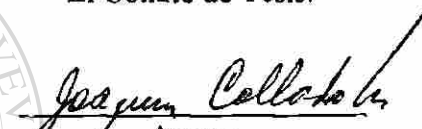
UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE INGENIERIA MECANICA Y ELECTRICA

DIVISION DE ESTUDIOS DE POSTGRADO

Los miembros del comité de tesis recomendamos que la tesis “**MODELOS MATEMÁTICOS DEL SIDA**” realizada por Juan José Rodríguez Salinas sea aceptada para su defensa como opción al grado de Maestro en Ciencias de la Ingeniería Eléctrica con Especialidad en Control.

El Comité de Tesis:



Asesor
Dr. Joaquín Collado Moctezuma




Coasesor
Dr. Aarón Sariñana Toledo



Coasesor
Dr. René Galindo Orozco

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS



Vo. Bo.
M.C. Roberto Villareal Garza
División de Estudios de Postgrado

Resumen

MODELOS MATEMATICOS DEL SIDA

Publicación No. _____

Juan José Rodríguez Salinas

Universidad Autonoma de Nuevo León

Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica

Asesor Dr. Joaquín Collado Moctezuma

Septiembre, 2001

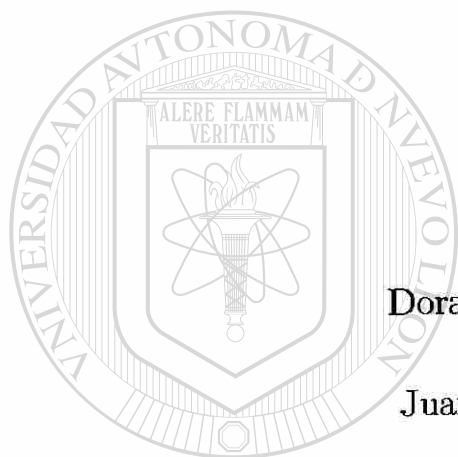
El SIDA (Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida) es una epidemia que ha devastado enormemente a todo el mundo, tanto socialmente como económicamente, muchos trabajos se han hecho a la fecha para poder describir esta epidemia y así poder tener alguna herramienta para contrarrestarla, estos métodos han dado información de su comportamiento pero aun quedan muchas dudas. Existen modelos los cuales se desarrollan sin tomar en cuenta la cantidad de infectados reales (Modelo de Anderson

, Modelos Susceptibles-Infectados), por lo cual en esta tesis se proponen algunos modelos “entrada salida” basados en los datos de la epidemia alrededor del mundo.

Los modelos propuestos, debido a que toman en cuenta datos reales, presentan un menor error en la predicción a corto plazo, pero la predicción en un horizonte lejano es tan incierta como la del Modelo de Anderson.

A Dios

por darme la vida



A mis padres

Dora Alicia Salinas de Rodríguez

Juan José Rodríguez Barrientos

Con gratitud y respeto, a los cuales les debo todo lo que soy
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
Y que su trabajo me ha servido de ejemplo
DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS



Agradecimientos

- Quiero agradecer a Gabriela por haber estado allí siempre apoyándome para poder terminar este trabajo de tesis
 - Al Dr. Joaquín Collado Moctezuma por su excelente asesoramiento para la realización de este trabajo
 - Al Dr. Jesús de León por sus enseñanzas que sirvieron de base para este trabajo
 - Al Dr. René Galindo Orozco y al Dr. Aarón Sariñana Toledo por sus comentarios y sugerencias
 - Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por su apoyo para la realización de este trabajo de tesis
-
- A mis amigos y compañeros del Programa de Doctorado, por brindarme su amistad y ayuda incondicional

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Acrónimos

SIDA	Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida
VII	Virus de Inmunodeficiencia Adquirida
SIR	Modelos Susceptibles Infectados Removidos
SI	Modelos Susceptibles Infectados
CDC	Centro de Control de Enfermedades en Estados Unidos de Norteamérica
PCP	Pneumocystis carinni pneumonia
CD4+T	Células Ayudantes del Sistema Inmune
EUA	Estados Unidos de Norteamérica
SIV	Virus de Inmunodeficiencia de los Simios

UNAIDS United Nations Against Aids “Organización de las Naciones Unidas”

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Índice General

Índice de Figuras	viii
Índice de Tablas	ix
1 Introducción	1
1.1 Preliminares	1
1.2 Organización de la Tesis	2
2 El SIDA	3
2.1 Introducción	3
2.2 VIH	4
2.3 Origen del SIDA	4
2.4 Proyección al futuro	6
3 Modelos Epidemiológicos	7
3.1 Modelos SIR	7
3.1.1 Modelo Susceptibles-Infeciosos	8
3.1.2 Modelos Susceptibles Infectados Removidos	11
3.2 Modelo de Anderson	13
4 Obtención de Modelos por Identificación	17
4.1 Modelo Matemático	17
4.2 Construcción del modelo matemático	18
4.3 Identificación de Sistemas	18
4.4 El lazo de la identificación de sistemas	21
5 Modelos Identificados	23
5.1 Datos Utilizados	23
5.2 Método de Identificación	25
5.3 Modelos Matemáticos	26
5.3.1 Ecuación Lineal de Segundo Orden	26
5.3.2 Ecuación No Lineal de Segundo Orden	29

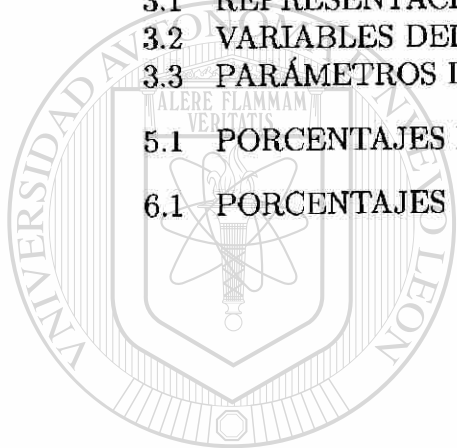
5.3.3	Ecuación No Lineal de Segundo Orden obtenida con Matriz de Peso	30
5.4	Identificación en Espacio de Estado	33
5.4.1	Matriz de Espacio de Estado por Identificación de Subespacio	33
5.4.2	Matriz de Espacio Estado por identificación de subespacio implementando Overschee	35
5.5	Comparación de Modelos	36
6	Análisis Basados en el Modelo de Anderson	39
6.1	Modelo Lineal	39
6.2	Modelo No Lineal	42
6.3	Comparación Contra los Métodos Anteriores de Identificación	45
7	El control del SIDA	48
7.1	Identificación con entrada de control	48
8	Conclusiones	51
8.1	Trabajos Futuros	52
A	Método de Mínimos Cuadrados	53
A.1	El modelo	54
A.2	El método de mínimos cuadrados	55
A.3	Técnicas de Estimación en Subespacios para Modelos de Espacio Estado	58
B	Obtención del Punto de Equilibrio del Modelo de Anderson	60
	Bibliografía	63

Índice de Figuras

3.1	Curvas representativas del modelo SI	10
3.2	Curva epidémica del modelo SI	11
3.3	Representación del modelo de Anderson	13
3.4	Número de infectados	16
4.1	El lazo de la identificación de sistemas	22
5.1	Número de casos de SIDA presentados entre 1979 y 1997 (normalizado)	24
5.2	Resultados de la identificación de la ecuación lineal de segundo orden	27
5.3	Error encontrado en la ecuación lineal de segundo orden	28
5.4	Resultados de la identificación de la ecuación no lineal de segundo orden	29
5.5	Error encontrado en la ecuación no lineal de segundo orden	30
5.6	Resultados de la identificación con matriz de peso	32
5.7	Error encontrado en la ecuación con matriz de peso	32
5.8	Resultados de la identificación de espacio de estado	34
5.9	Error encontrado en la identificación de espacio de estado	34
5.10	Resultados de la identificación de espacio de estado utilizando Overschee	35
5.11	Error encontrado en la identificación de espacio de estado utilizando Overschee	36
5.12	Comparación de los modelos identificados	37
5.13	Desviación del error de los modelos identificados	37
6.1	Simulación de la representación lineal del modelo de Anderson	42
6.2	Identificación del total de enfermos de SIDA	44
6.3	Comparación de los diferentes modelos	45
6.4	Desviación del número de individuos	46
6.5	Predicción de la epidemia	46
7.1	Simulación del total de infectados de SIDA utilizando el modelo con entrada de control	50

Índice de Tablas

3.1 REPRESENTACIÓN DE LAS VARIABLES DEL MODELO SIR . . .	8
3.2 VARIABLES DEL MODELO DE ANDERSON	14
3.3 PARÁMETROS DEL MODELO DE ANDERSON	15
5.1 PORCENTAJES DE ERROR EN LA IDENTIFICACIÓN	36
6.1 PORCENTAJES DE ERROR EN EL ANALISIS	45



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS



Capítulo 1

Introducción

En este capítulo se da una breve explicación de la problemática de la epidemia del SIDA debido a la cual se realizó este trabajo de tesis y se muestra la forma en que será desarrollado el mismo.

1.1 Preliminares

El SIDA es un problema que ha afectado a la humanidad. Esta epidemia se ha convertido en una de las más voraces de todos los tiempos, erróneamente se tenía la creencia que las enfermedades epidémicas eran cosa del pasado, que no habría otra epidemia de gran magnitud en la humanidad.

Este virus sigue teniendo gran repercusión alrededor del mundo debido a la forma de esparcimiento y la notoria cantidad de casos en ciertas zonas; por ejemplo, tomemos el caso de los países industrializados donde el índice de crecimiento tiende a bajar, pero en otras zonas como el Sub-Sahara donde el índice sigue en crecimiento.

Pero por muy alentadores que sean las nuevas vacunas, fármacos, tratamientos y campañas de prevención que se han desarrollado hasta ahora, el problema sigue vigente. Ésto hace inminente el uso de otras herramientas para poder prevenir y analizar el problema de la epidemia del SIDA, para lo cual podemos utilizar modelos

matemáticos para este fin, estos pueden dar una mejor y más racional estrategia para la lucha en contra de la epidemia, y así poder utilizar todos los recursos que se tienen de la mejor manera posible.

Existen dos aspectos importantes en lo que respecta al SIDA por un lado está la enfermedad y por otro la epidemia, este trabajo de investigación esta orientado a obtener un nuevo modelo matemático de la propagación de la epidemia.

1.2 Organización de la Tesis

Este trabajo de tesis esta formado por 8 capítulos. En él capítulo 1 se darán algunos preliminares del por que desarrollar un modelo matemático y como se encuentra estructurada esta tesis.

En el Capítulo 2 se da a conocer más acerca de la epidemia de SIDA, cómo inicio esta epidemia, cómo se ha comportado en los últimos años, porqué se manifiesta por medio del virus VIH y conocer cuales son los alcances que podríamos esperar de esta enfermedad. En el Capítulo 3 se describen algunos modelos existentes de la epidemia, como los modelos SI, SIR y también con el modelo de Anderson, para tener una perspectiva de cómo los modelos matemáticos nos ayudan al representar una epidemia

En el Capítulo 4 se ven las generalidades para poder desarrollar un buen modelo matemático utilizando el método de identificación, pasando así al Capítulo 5 donde se presenta los modelos propuestos, haciendo consideraciones para el modelado de los mismos.

En el Capítulo 6 se presentan dos modelos identificados, basados en el Modelo de Anderson. Finalmente al Capítulo 7 se le agrega una entrada ficticia al modelo, donde esta entrada simula el efecto de las campañas del SIDA, así como su tratamiento.

El Capítulo 8 presenta las conclusiones que se obtienen de este trabajo de tesis.

Capítulo 2

El SIDA

En el capítulo se explicará la epidemia del SIDA y el VIH, las causas que la originaron y las consecuencias de esta enfermedad en el humano, también se explicarán las esperanzas que tenemos a futuro en contra de esta epidemia.

2.1 Introducción

El SIDA,[17] hizo su primera aparición la hizo en 1981 y desde entonces se ha convertido en la más peligrosa de todas las epidemias que se hayan conocido. El SIDA es causado por el virus del VIH. El cual destruye las células que ayudan al sistema inmunológico del organismo humano, esto produce la destrucción gradual de la habilidad del cuerpo de combatir las infecciones y ciertos cánceres. Según el Centro de Control de Enfermedades (CDC) en Estados Unidos de Norteamérica define el SIDA en un adulto o adolescente de más de 13 años como la presencia de una de las condiciones indicativas de severa inmunosupresión asociadas a la infección del VIH, como la "*Pneumocystis carinni pneumonia*" (PCP), o la infección de VIH en una persona con conteo de células CD4+T (células ayudantes) menor a 2000 células/mm³ de sangre. En los niños menores de 13 años la definición es muy similar, excepto que "*lymphoid interstitial pneumonitis*" y recurrentes infecciones bacteriales son incluidas

en la lista que define a las condiciones de SIDA.

Las definiciones de SIDA han probado ser útiles epidemiológicamente para seguir y cuantificar la reciente epidemia del VIH medida por la inmunosupresión y sus manifestaciones. De tal modo que el SIDA representa solamente la etapa final de un continuo y progresivo proceso patológico, comenzando con una infección primaria de VIH, continuando con una fase crónica que es usualmente sin síntomas, y que lleva progresivamente a severos síntomas, y al final una profunda inmunodeficiencia que tiene como consecuencia enfermedades oportunistas y cánceres.

2.2 VIH

[17] El VIH es un virus capaz de infectar las células del sistema inmunológico. Específicamente centra su ataque en las células ayudantes CD4+T, llevando a la eventual muerte de la célula. Las células CD4+T juegan un papel vital en la regulación de la respuesta del sistema inmunológico a la invasión de microorganismos.

En una persona sin tratamiento de 10 a 100 billones de virus nuevos son producidos por día. Esta masiva replicación viral lleva a la progresiva pérdida de las células CD4+T en un periodo de muchos años, tantos como una década. Y la destrucción de CD4+T en un ser humano lleva al paciente a ser vulnerable a inusuales enfermedades oportunistas que rara vez son vistas en pacientes sanos. La mayoría de los pacientes muertos por SIDA sucumben ante una o más de estas enfermedades oportunistas.

2.3 Origen del SIDA

¿De dónde vino el SIDA?, ¿que lo originó?, ¿donde comenzó la epidemia?, siempre ha sido una gran interrogante de interés y que ha causado mucha controversia desde el inicio de la epidemia. Los primeros casos identificados ocurren

en Estados Unidos de América (EUA), pero estos mismos proveen poca información acerca de la enfermedad. Aunque es claramente evidente que el SIDA es provocado por VIH.

[20] El VIH es parte de la familia llamada lentivirus, estos virus han sido encontrados en gran parte en los primates. Es comúnmente aceptado que el VIH es un virus descendiente del Virus de Inmunodeficiencia de los Simios (SIV), ésto da la teoría que el chimpancé pudo haber sido el portador del virus y en algún punto se transmitió a los humanos, pero ésto no es totalmente seguro debido a que los chimpancés son raramente infectados con este virus.

Estos datos nos dan antecedentes de cómo podría haber sido transmitido. el virus VIH al ser humano, pero quedan muchas más incógnitas, no sabemos cuando ocurrió esta transmisión, los primeros rastros del virus datan de una muestra de plasma encontrada en 1959 de un hombre adulto con vida en la República del Congo. Otra muestra fue encontrada en muestras de tejido encontradas en joven afroamericano en St. Louis, Missouri, USA, también en 1969, se encontró VIH en una muestra de tejido de un marino noruego que murió en 1976, estas muestras de plasma encontradas en 1959 muestran que el virus de VIH pudo haber sido introducido al humano en los finales de los 40's o a principios de los 50's. Aunque algunos científicos creen que los humanos fueron infectados hacen cien años o más.

Pero, ¿que ocasionó que el VIH se esparciera rápidamente?, hay un sin número de factores que pudieron influir en ésto, pero quizás hay algunos más importantes que otros.

El viajero internacional (así se le llama a algún tipo de viajero internacional frecuente, por ejemplo azafata, piloto, u hombre de negocios, etc.), muchos de los primeros casos de SIDA demostraron que los infectados habían tenido relaciones sexuales directa o indirectamente con este viajero. Este tipo de casos se dieron a lo largo de EUA por lo cual el rol del viajero internacional es importante para el esparcimiento del virus, sugiriendo que la enfermedad haya sido consecuencia de un

solo posible agente transmisor. El comercio de la sangre ha sido una importante forma de transmisión a tomar en cuenta, después de que las transfusiones de sangre se volvieron parte de la rutina en la medicina práctica, ésto provocó un crecimiento en la demanda de sangre, en algunos países como EUA son utilizados los vendedores de sangre, pudiendo haber entre éstos consumidores de droga o personas infectadas, para después esta sangre ser enviada a todo el mundo, de tal forma que debido a tantos donadores esta sangre no pudo ser totalmente controlada.

2.4 Proyección al futuro

Hasta 1996 la infección de VIH era fatal en la gran mayoría de los casos de individuos afectados. Pero con los recientes avances que se tienen al entender el ciclo del virus, como éste daña el sistema inmune y la acción de nuevas drogas en el virus; han originado un gran cambio en cómo muchos pacientes desarrollan su enfermedad.

La combinación de drogas, como los inhibidores, pueden ayudar a controlar la replicación viral, restaurar el funcionamiento del sistema inmune y mantener la salud.

Lo malo es que el uso frecuente de éstos llega a ser muy tóxico. Adicional a ésto se pueden tomar combinaciones de medicamentos. Por otro lado no todo es desalentador ya que nuevas drogas para tratar este virus son encontradas.

Las mayores necesidades para el futuro incluyen una vacuna efectiva, nuevos medicamentos y mejor entendimiento de los resultados a largo plazo de los tratamientos y un buen seguro social que lleve estos medicamentos a las partes menos desarrolladas.

El SIDA es una infección previsible, una mejor prevención creará un menor crecimiento de la epidemia alrededor del mundo.

Capítulo 3

Modelos Epidemiológicos

En este capítulo se explican algunas representaciones de modelos epidemiológicos, se explican los modelos Susceptibles-Infectados-Removidos (SIR), los cuales se subdividen en modelos Susceptibles-Infectados (SI) y modelos SIR, y el modelo de Anderson, con el cual se trabajará más adelante.

3.1 Modelos SIR

Haciendo las siguientes consideraciones:

- i) La enfermedad es transmitida por contacto entre un infectado y un susceptible
- ii) La enfermedad es transmitida instantáneamente al contacto, todos los susceptibles tiene la misma posibilidad de infectarse
- iii) La población total en consideración es fija, no hay ningún tipo de migración.
- iv) Las personas removidas de la población se siguen tomando en cuenta.

Si N es la medida de la población, entonces tenemos que: [15]

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

Tabla 3.1: REPRESENTACIÓN DE LAS VARIABLES DEL MODELO SIR

Variable	Significado
$S(t)$	Susceptibles
$I(t)$	Infectados
$R(t)$	Removidos
$N(t)$	Tamaño de la población

3.1.1 Modelo Susceptibles-Infecciosos

Consideremos el caso más simple en el cual nadie es removido y todos en la población son susceptibles o infectados con la enfermedad[7].

Sea S_0 el número inicial de susceptible en la población, I_0 un número inicial de infectados que han sido introducidos

$$S(t)|_{t=0} = S_0 \quad I(t)|_{t=0} = I_0$$

De tal modo tenemos la siguiente ecuación:

$$S(t) + I(t) = S_0 + I_0 = \text{constante} = N \quad (3.1)$$

Debido a la infección, el número de susceptibles disminuye y el número de infectados aumenta. Por lo tanto si asumimos que el índice de decrecimiento de $S(t)$, o el índice de crecimiento de $I(t)$ es proporcional al producto del número de susceptibles e infectados, entonces,

$$\dot{S} = -\alpha SI \quad \dot{I} = \alpha SI \quad (3.2)$$

Donde α es el índice de probabilidad de ser infectado, y debe ser $\alpha > 0$. Usando la ecuación (3.1) y la ecuación (3.2), obtenemos:

$$\dot{S} = -\alpha S(N - S) \quad (3.3)$$

la cual es una ecuación diferencial no lineal. La solución a la ecuación (3.3) está dada por

$$S(t) = \frac{(N - 1)N}{(N - 1) + e^{N\alpha t}} \quad (3.4)$$

Similarmente obtenemos.

$$I(t) = \frac{Ne^{N\alpha t}}{(N - 1) + e^{N\alpha t}} \quad (3.5)$$

Como se ve en la figura 3.1, la solución cuando $t \rightarrow \infty$ para éstas ecuaciones tomando en cuenta que $\alpha = 0.0013$ y $N = 200$ es:

$$S(t) \rightarrow 0, \text{ y } I(t) \rightarrow N$$

Lo cual sugiere que en una población muy grande con un número inicial muy pequeño de I_0 , al principio la epidemia crecerá exponencialmente, después cuando el número de susceptibles decrezca, el crecimiento de la epidemia también. Nótese en este modelo que una vez que la epidemia aparece tarde o temprano todos contraerán la enfermedad. Ésto es, por que los infectados permanecen así para siempre.

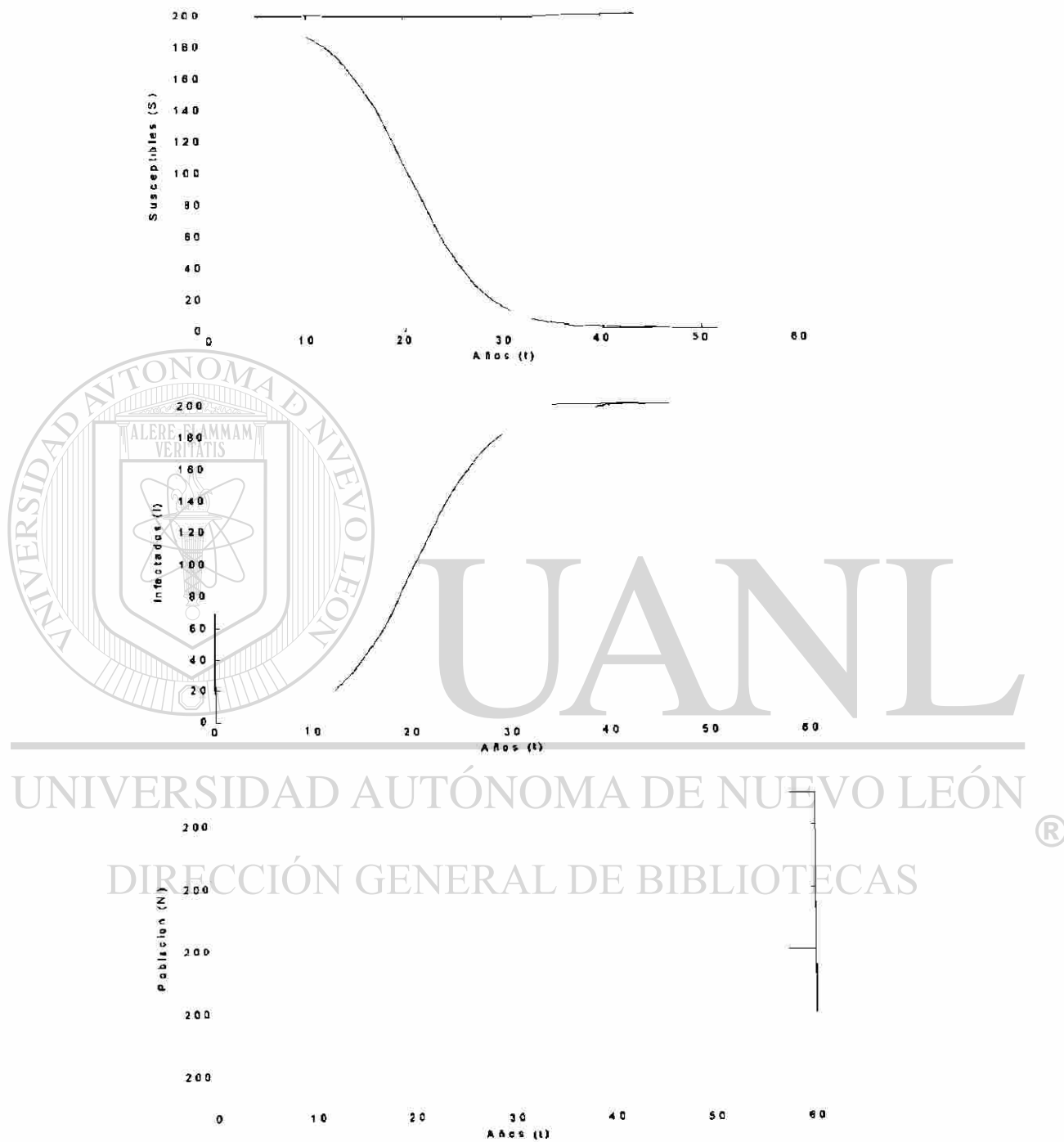
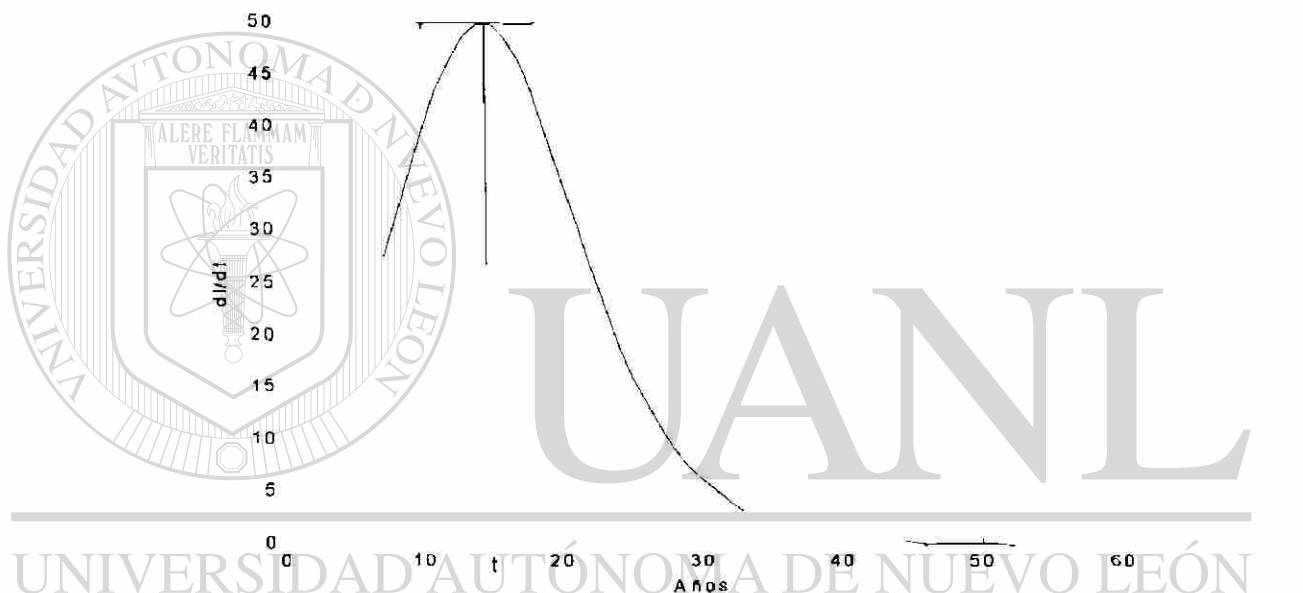


Figura 3.1: Curvas representativas del modelo SI

En general todos los datos que tenemos de algún tipo de epidemia se presentan en forma de casos por día, mes, año, etc., los cuales son los datos del crecimiento de la epidemia en la población. Por lo tanto, es importante hacer una curva que nos muestre el cambio en el número de infectados dI/dt contra el tiempo.

La curva epidémiológica tiene su punto máximo en t . En este punto $S = I = N/2$. Esto muestra que el índice de aparición de nuevos casos alcanza rápidamente su valor máximo en el tiempo dependiendo de α y N , y después progresivamente decae a 0.



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS
Figura 3.2: Curva epidémiológica del modelo SI

3.1.2 Modelos Susceptibles Infectados Removidos

Kermack y Mckendrik [15] desarrollaron el modelo epidémico SIR, el cual está basado en la hipótesis establecidas al principio del capítulo. En el caso del SIDA es difícil de conocer por adelantado cuando un susceptible (S) se convierte en un infectado (I) debido a que la enfermedad se detecta cuando los síntomas aparecen. Cuando esto ocurre los pacientes son aislados o removidos de la población (N)

hasta que sanen o mueran. Los pacientes removidos de la población se convierten en permanentemente inmunes.

Las personas infectadas crecerán con un índice α proporcional al producto de infectados por susceptibles y a su vez dependerá del número de personas removidas de la población que ésta dado por el producto del índice β por el número de infectados. Vale aclarar que por persona removida se entiende cualquier persona que ha muerto, por cualquier tipo de causa o cualquier persona de la población que ha sido inoculada y que no puede ser infectada, a su vez asumiendo que los infectados no pueden ser reinfectados:

$$\dot{S} = -\alpha SI \quad (3.6)$$

$$\dot{I} = \alpha SI - \beta I \quad (3.7)$$

$$\dot{R} = \beta I \quad (3.8)$$

Con condiciones iniciales

$$\begin{aligned} S(0) = S_0 > 0 & \quad I(0) = I_0 > 0 \\ R(0) = R_0 = 0 & \quad S_0 + I_0 + R_0 = N \end{aligned} \quad (3.9)$$

por lo tanto tenemos que

$$S(t) + I(t) + R(t) = S_0 + I_0 = N \quad (3.10)$$

si definimos $\rho \triangleq \frac{\beta}{\alpha}$, (3.7) se expresa como

$$\dot{I} = \alpha SI - \beta I = \alpha I(S - \rho) \quad (3.11)$$

En el caso que $\rho = S_0 = S(0)$ nos encontramos en el punto de equilibrio.

3.2 Modelo de Anderson

Anderson y May [15] desarrollaron un modelo de la epidemia del SIDA en una población, donde hay una migración constante de susceptibles. Cabe aclarar que por muerte natural se considera cualquier causa de muerte no causada por el SIDA, de tal forma que considérese muerte accidental o muerte causada por la vejez, etc., de igual forma ningún tipo de retardo en la muerte natural o muerte por SIDA, que algún medicamento u otro tipo de supresor de alguna enfermedad es tomado en cuenta.

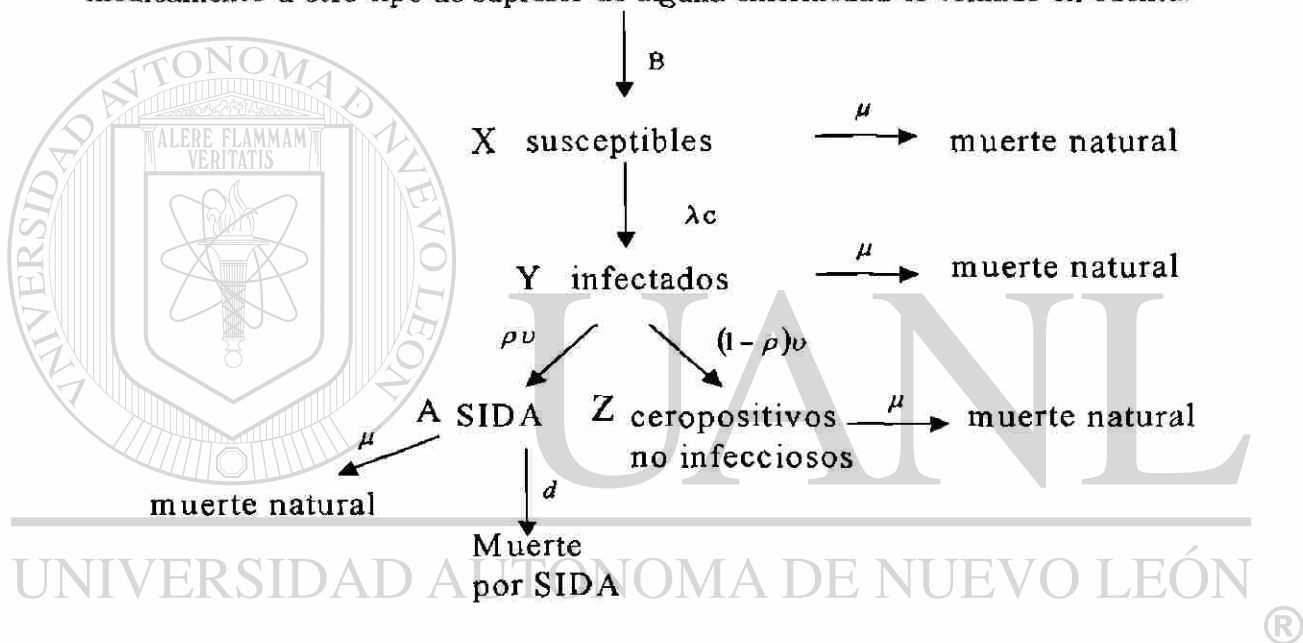


Figura 3.3: Representación del modelo de Anderson

De la representación del modelo de Anderson podemos ver que tenemos una población de susceptibles los cuales pueden ser infectados de VIH a través de una relación algebraica (λc), después de que un individuo es infectado en este puede surgir la enfermedad o simplemente permanecer el virus latente (ceropositivo no infeccioso), a las personas que la enfermedad del SIDA les aparece pueden morir por una causa diferente a la de muerte natural, que sería la muerte influenciada por la enfermedad, de esta representación podemos obtener el siguiente modelo matemático de cuarto orden el cual esta relacionado por una ecuación algebraica

$$\begin{aligned}\frac{dX}{dt} &= B - \mu X - \lambda c X \\ \frac{dY}{dt} &= \lambda c X - (v + \mu) Y \\ \frac{dA}{dt} &= \rho v Y - (d + \mu) A \\ \frac{dZ}{dt} &= (1 - \rho) v Y - \mu Z\end{aligned}\tag{3.12}$$

$$N(t) = X(t) + Y(t) + Z(t) + A(t)\tag{3.13}$$

Tabla 3.2: VARIABLES DEL MODELO DE ANDERSON

Variable	Significado
$X(t)$	Número de susceptibles
$Y(t)$	Número de infecciosos
$A(t)$	Personas con SIDA
$Z(t)$	Ceropositivos no infecciosos
$N(t)$	Tamaño de la población
$B(t)$	Índice de migración

Tenemos que el punto de equilibrio de este modelo es (ver apéndice B):

$$\begin{aligned}X^* &= \frac{(v + \mu)N^*}{\beta c} \\ Y^* &= \frac{(d + \mu)(B - \mu N^*)}{d\rho v} \\ A^* &= \frac{d}{B - \mu N^*} \\ Z^* &= \frac{(1 - \rho)(d + \mu)(B - \mu N^*)}{\mu d\rho}\end{aligned}$$

donde

$$N^* = \frac{B\beta [(v + d + \mu)\mu + vd(1 - \rho)]}{(v + \mu)[\beta(d + \mu) - \rho v]}$$

Tabla 3.3: PARÁMETROS DEL MODELO DE ANDERSON

Parametro	Significado	Valores
μ	Índice de muerte natural	$1/32 \frac{ind}{ano}$
β	Probabilidad de transmisión	0.3
c	Número de parejas sexuales	2
d	Muertes por SIDA	$1 \frac{ind}{ano}$
ρ	Ceropositivos que son infecciosos	$0.3 \frac{ind}{ano}$
v	Índice de conversión de VIH a SIDA	$0.2 \frac{ind}{año}$

Tenemos que $\lambda = \beta Y/N$, la cual representa la probabilidad de adquirir la infección, viendo la ecuación podemos sustituir N , quedando de la siguiente forma $\lambda = \beta Y/(X + Y + Z + A)$, si tomamos en cuenta que $A \ll N$, entonces $\lambda \approx \beta Y/(X + Y + Z)$. Note que en este modelo la población total $N(t)$ no es constante, como en los modelos epidémicos convencionales.

De las ecuaciones (3.12) y (3.13) obtenemos:

$$\frac{dN}{dt} = B - \mu N - Ad \quad (3.14)$$

Simulando el modelo de Anderson con las siguientes condiciones iniciales y con los parámetros de la Tabla 3.3. Tomando en cuenta que los valores de los parámetros que se utilizaron para realizar la simulación no responden a ninguna exigencia especial, de tal forma se utilizaron los propuestos por Anderson. De igual forma se toma el valor utilizado como condición inicial:

$$X(0) + Y(0) = N(0) = 100000$$

Obtenemos los siguientes resultados en la figura 3.4.

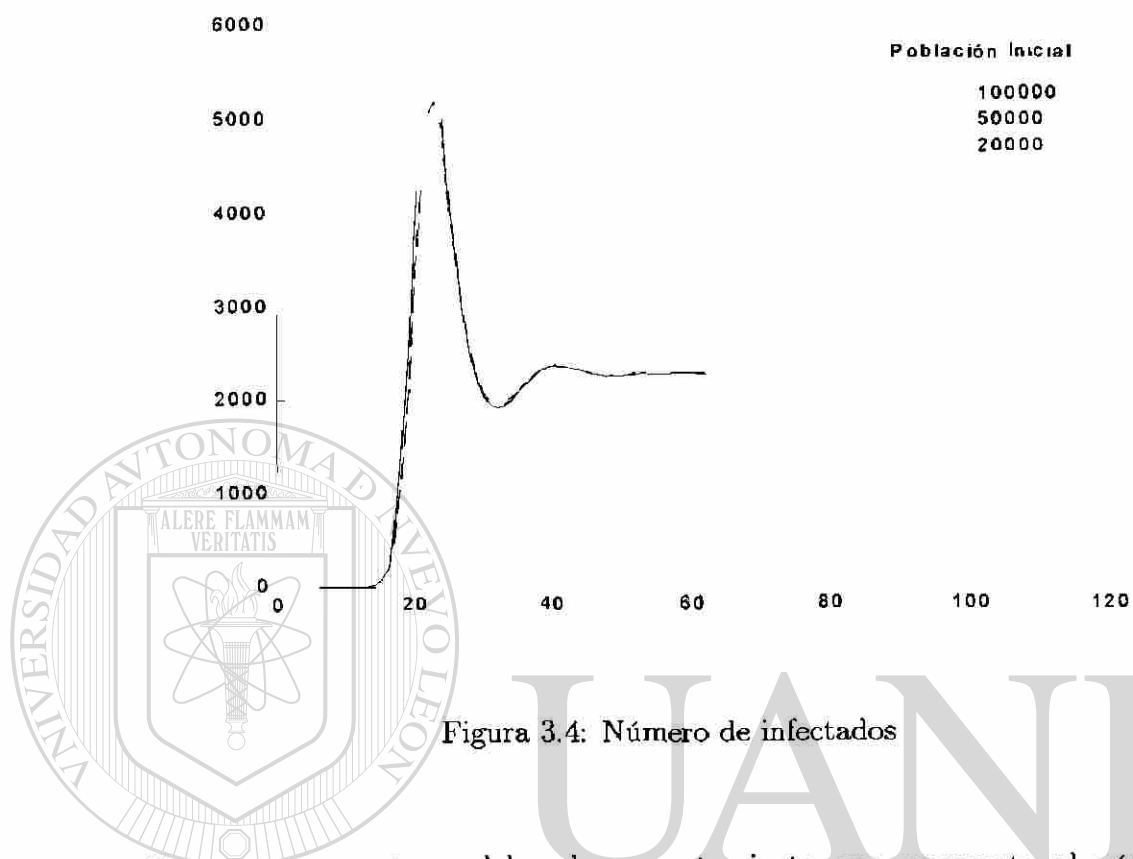


Figura 3.4: Número de infectados

Nótese que en este modelo, el comportamiento que representa al número de infectados no cambia, independientemente del tamaño de la población que se le inyecta al modelo.

Capítulo 4

Obtención de Modelos por Identificación

En éste capítulo se presentan los pasos para la obtención de modelos matemáticos, mediante la identificación de sistemas, así como el lazo de la identificación de sistemas

4.1 Modelo Matemático

Los tipos de modelos que son más utilizados son los modelos espacio-estado (modelos internos) éstos representan la dinámica interna de un sistema o proceso, y los modelos entrada-salida (modelos externos), donde la salida es la variable de interés para nosotros, que es afectada por un estímulo externo llamado entrada. [3]

Para sistemas más avanzados es necesario usar modelos que describan las relaciones entre las variables del sistema en términos de expresiones matemáticas como ecuaciones de diferencias o ecuaciones diferenciales. Llamamos normalmente a éstos como modelos matemáticos o analíticos, los cuales pueden tener un número de adjetivos (lineales, no lineales, continuos en el tiempo, discretos, determinísticos, estocásticos, etc.) de acuerdo al tipo de ecuación diferencial o de diferencias usada.

4.2 Construcción del modelo matemático

Básicamente los modelos son construidos a partir de los datos observados del proceso mismo que se desea modelar, pero no hay un método general que nos ayude a encontrar un modelo completo, por lo tanto cada proceso tiene sus propias características.

El modelado de sistemas requiere conocimiento de las leyes físicas y del buen conocimiento del proceso, el principal problema al modelar, es encontrar los estados del proceso, estos estados normalmente describen el almacenamiento de energía y de masa en el sistema. Las típicas variables escogidas como estados son posiciones y velocidades (sistemas mecánicos), voltajes y corrientes (sistemas eléctricos), presiones y flujos (sistemas hidráulicos), etc. La relación entre estados es determinada usando ecuaciones de balance para fuerza, momento, energía, y ecuaciones constitutivas.

Existen varios métodos para la obtención de modelos:

Uno consiste en desarrollar las ecuaciones basándonos en principios básicos, por ejemplo, para un sistema eléctrico aplicando las leyes de elementos de R, L y C, (resistencias, inductancia, capacitancia) y las leyes de conjuntos (leyes de corriente y voltaje de Kirchoff), después eliminando variables superfluas, hasta obtener el modelo en variables de estado.

El otro método es teniendo la estructura que define al proceso (lineal, no lineal, etc.), se encuentra el valor de los parámetros del modelo anteriormente establecido, tal que represente de la mejor forma al sistema, esto normalmente se realiza por mínimos cuadrados, a este proceso se le llama identificación de sistemas.

4.3 Identificación de Sistemas

La identificación de sistemas es la determinación de los parámetros de un modelo basándonos en datos, de tal manera que el modelo identificado sea el que mejor se aproxime a los datos. [3]

El método de identificación se puede dividir en los siguientes pasos:

- Datos experimentales
- Definir la estructura del modelo
- Criterio a minimizar
- Estimación de los parámetros del modelo
- Validación del Modelo

Datos Experimentales

Los datos de entrada-salida son usualmente obtenidos y grabados durante un experimento de identificación, donde el usuario decide cuales señales medir, cuando medirlas y en algunos casos se escoge la señal de entrada. El objeto de experimentar con diseños (diferentes combinaciones de entradas y salidas) es el de obtener el máximo de información de un sistema, sujeto a las perturbaciones que se tienen a la mano.

En otros casos estamos obligados a utilizar los datos que el sistema en operación nos proporcione, debido que es muy costoso al igual que riesgoso experimentar con procesos industriales, por lo tanto se desea tener métodos que no dependan de la señal de entrada para realizar una buena identificación de un modelo.

Muchos métodos clásicos de identificación dependen fuertemente de las señales de entrada, pero muchos otros métodos aceptan virtualmente cualquier tipo de señal a expensas de gran trabajo computacional (como es el caso del utilizado para este trabajo de tesis). Un requerimiento de la señal de entrada es que excite suficientemente todos los modos del proceso.

Definir la estructura del modelo

El conjunto de modelos candidatos es obtenido cuando tenemos una colección de modelos de los cuales podemos seleccionar uno. Ésto es sin duda el paso más difícil y a su vez el más importante para la identificación del sistema, aquí todo se reduce al

conocimiento a priori del sistema y su comportamiento, de tal manera que el modelo puede ser construido a partir de hechos físicos y conocimiento del proceso, logrando un modelo con solo unos parámetros desconocidos. En algunos casos solo tenemos el hecho de que en cierto tiempo y rango el sistema se comporta lineal, de tal forma que en estos casos se utilizan las representaciones generales de los sistemas lineales como la estructura del modelo. El ejemplo más típico de estos modelos es el modelo de ecuación de diferencias lineal (ARX). No es imperativo utilizar modelos discretos, pero para nuestro caso es más sencillo manejar la información en forma discreta como más tarde se mostrara.

$$A(q)y(k) = B(q)u(k) + C(q)e(k) \quad (4.1)$$

Donde u denota la entrada, y la salida, y e la perturbación (ruido blanco).

Criterio a minimizar

Cuando se realiza una identificación de un sistema se debe postular un criterio a minimizar, que considere lo bueno que debe ser el ajuste de los datos obtenidos de la identificación con los datos del sistema. Un criterio comúnmente utilizado es:

$$J(\theta) = \sum_{k=1}^N g(\varepsilon(k)) \quad (4.2)$$

Donde ε representa el error de entrada, el error de salida o el error generalizado, según sean el criterio a minimizar en algún proceso en particular. La predicción del error es un típico ejemplo del error generalizado. La función g es normalmente cuadrática pero puede ser escogida de muchas formas.

Estimación de los parámetros del modelo

La estimación de los parámetros es encontrar el valor de los parámetros del modelo, tal que esos parámetros son los que mejor resultado dan al compararse con el modelo original de acuerdo a un criterio dado.

El resultado de la estimación depende de cómo el problema es formulado, el modelo obtenido depende de la frecuencia y de la cantidad de información contenida en la señal de entrada, de las muchas posibilidades de combinar las condiciones experimentales, de los tipos de modelos y del criterio a utilizar, así como las formas de organizar la computación y de los métodos de identificación disponibles.

Validación del Modelo

Después de obtener los resultados de la simulación del modelo identificado, estos datos serán comparados contra los datos utilizados para realizar la identificación.

4.4 El lazo de la identificación de sistemas

La identificación de sistemas tiene un flujo natural; recolección de datos, escoger el modelo, escoger el criterio a minimizar y escoger los parámetros. Es lógico pensar que el primer modelo escogido no pasará todas las pruebas de validación, por lo que hay que regresar y modificar algunos de los parámetros [14].

El modelo puede ser deficiente por las siguientes razones.

- El procedimiento numérico no fue el óptimo al encontrar el mejor modelo de acuerdo al criterio.
- El criterio no fue escogido correctamente.
- El modelo no es apropiado, y no contiene suficientes grados de libertad para ajustarse a los datos, asumiendo que el conjunto de datos es suficiente.
- El conjunto de datos no es lo suficiente informativo para proveer una guía correcta seleccionando el mejor modelo.

La mayor parte de la identificación consiste en dar la mejor solución a estos problemas.

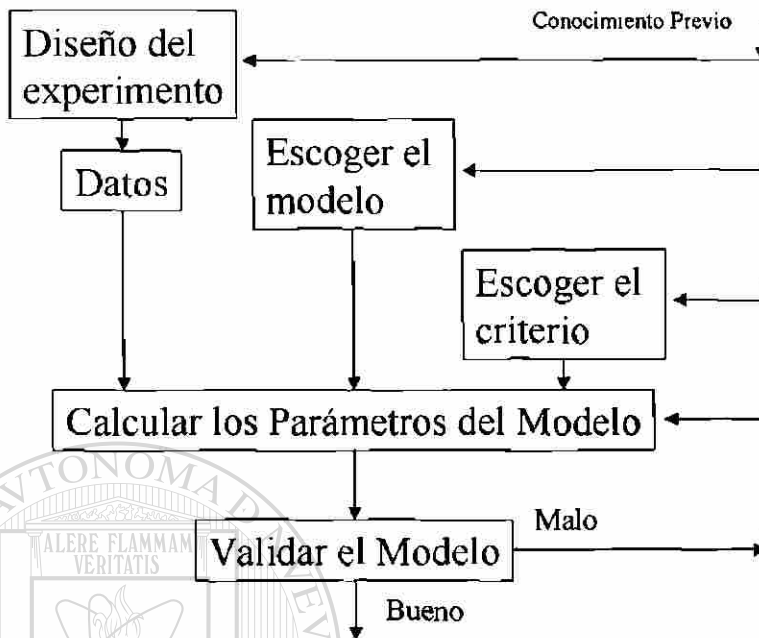


Figura 4.1: El lazo de la identificación de sistemas

En la gráfica anterior se muestra de una manera fácil de comprender como la identificación de sistemas se desarrolla, de tal forma que de la figura obtenemos que primero debemos tener algún tipo de conocimiento previo del proceso a identificar, es primordial y en igual grado de importancia obtener los datos con los cuales vamos a realizar la identificación, así como el modelo que vamos a utilizar para la misma y el criterio que nosotros desearemos usar.

Después de realizar esto realizamos la identificación de parámetros del modelo previamente seleccionado, validamos el modelo contra la respuesta del sistema, y dependiendo de los bueno o malo que sea el resultado se realizarán los mismos pasos, hasta que el resultado sea el óptimo.

Capítulo 5

Modelos Identificados

Se presentan los modelos obtenidos a través de diferentes métodos de identificación, de la misma forma se explica como fueron obtenidos estos modelos, así como los diferentes criterios que fueron usados para obtenerse, al final se presenta una comparación los resultados obtenidos a partir de los cada uno de los modelos previamente identificados

5.1 Datos Utilizados

Como hemos visto en el capítulo 3 donde se mostraron trabajos anteriores de Anderson [15], Kernack [7] y otros trabajos como el de Johansen [10], los resultados han sido inconclusos en la mayoría de ellos y nada cercanos a la realidad. Por ejemplo tenemos dentro de los modelos epidemiológicos al modelo de Anderson, este modelo está hecho en base a ciertas suposiciones y al conocimiento que se tiene de cómo se manifiesta una epidemia, pero recordemos que el comportamiento de una epidemia es demasiado impredecible en todos los casos. Además, estos modelos no podrían ser confiables debido a las suposiciones que se toman en su momento inicial, no hay ninguna forma de saber como empezó la epidemia, sólo se toman valores de acuerdo a la experiencia en casos anteriores que se hayan manifestado de forma parecida.

En los modelos de Aguilar [1], Gani [8] y Mazumdar [15] se utilizan datos reales para conseguir un modelo matemático de la epidemia del SIDA, pero han presentado ciertas desventajas debido al método utilizado. Por ejemplo para la construcción de uno de estos modelos sólo se toma una pequeña población de individuos (población australiana), dando resultados muy regionalistas.

Para desarrollar los modelos aquí propuestos se utilizaron datos recolectados por la UNAIDS, (United Nations Against Aids, "Organización de las Naciones Unidas"), para el periodo desde 1979 hasta 1997, agrupados en cinco grupos, que corresponden a los continentes, ésto se debió a que la incidencia por continente es muy parecida.

Se formó un sexto grupo el cual lo conforma el total de casos en el mundo (Población Mundial) debido a que el SIDA es una epidemia a nivel mundial y no podríamos dejar de tomar en cuenta los resultados que nos puede arrojar un acumulado de este tipo.

Los datos se presentaron por incidencia anual, para esto se realiza una acumulación de casos por año debido a que es el tipo de información que nos interesa para nuestro trabajo, logrando de esta forma tener una gráfica que nos representa el crecimiento de la epidemia desde 1979 a 1997.

Para realizar la identificación de la epidemia del SIDA se normalizaron al valor de Oceanía.

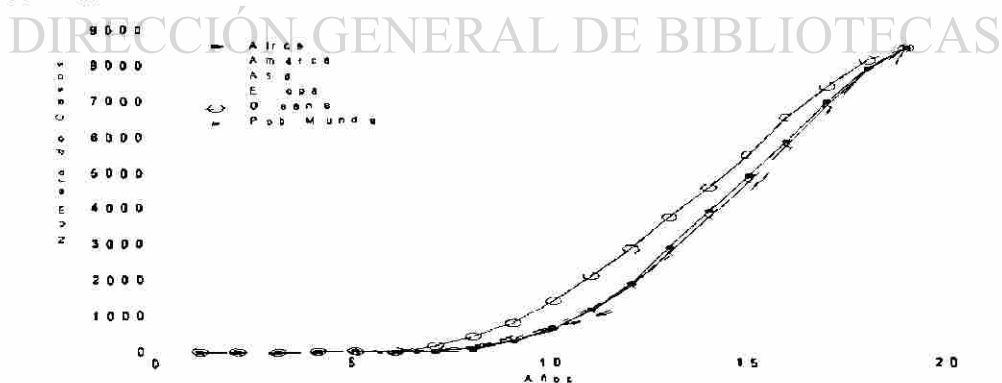


Figura 5.1: Número de casos de SIDA presentados entre 1979 y 1997 (normalizado)

A partir de estos datos se realizará la identificación de este sistema para lo cual se van a utilizar varios tipos de modelos, buscando con esto encontrar el que nos dé una mejor aproximación al crecimiento de la epidemia del SIDA.

5.2 Método de Identificación

Para este trabajo de tesis se realizaron cinco identificaciones, cada una tomando en cuenta diferentes criterios y estructuras de modelos matemáticos diferentes, los cuales dieron resultados satisfactorios en todos los casos.

Habría que aclarar en este punto lo siguiente, la identificación realizada en el trabajo de esta tesis no es una identificación convencional debido a que para este caso sólo contamos con los datos de salida, por lo cual los pasos expuestos anteriormente en el capítulo 4 no pueden ser utilizados como para los casos convencionales.

Se utilizaron tres estructuras de modelos entrada-salida, utilizando el criterio de mínimos cuadrados:

- Ecuación lineal de segundo orden

- Ecuación no lineal de segundo orden

- Ecuación no lineal de segundo orden obtenida con matriz de peso

Y dos modelos en espacio estado, para los cuales utilizamos dos implementaciones distintas del mismo algoritmo de identificación de subespacio:

- Matriz de Espacio Estado por identificación de subespacio
- Matriz de Espacio Estado por identificación de subespacio por Overschee

Para una mejor comprensión de las herramientas de identificación utilizadas en este trabajo de tesis, como el criterio de mínimos cuadrados y el algoritmo de identificación de subespacio, los cuales fueron utilizados para encontrar los modelos

matemáticos propuestos en este trabajo, se puede ver en el apéndice la explicación de los mismos.

Primero elegimos el modelo matemático (ecuación de diferencias), con el cual nosotros tenemos los parámetros que vamos a identificar, después de hacer la identificación de estos parámetros, se realiza la simulación del modelo identificado y se compara contra los datos que se utilizaron para la identificación, para encontrar con la diferencia de estos dos el error, y así confirmar que en realidad la simulación y por lo tanto la identificación son buenas se debe asegurar que este error es el mínimo. En estos casos utilizamos el error porcentual por su fácil comprensión, utilizando la norma dos para encontrar la magnitud del error.

A continuación se presentan para cada uno de los modelos identificados sus gráficas del modelo real contra el modelo identificado y el resultado del error contra cada uno de los continentes al realizar su identificación, para después al final de capítulo hacer una comparación de todos los modelos y así poder dar unas conclusiones preliminares.

5.3 Modelos Matemáticos

5.3.1 Ecuación Lineal de Segundo Orden

El primer modelo matemático que utilizamos para realizar la identificación de la epidemia del SIDA, es una ecuación lineal de segundo orden, se tomó esta ecuación debido a su sencillez y que es muy fácil para comprender.

Esta ecuación es un buen comienzo para realizar la identificación, para después poder desarrollar un modelo matemático más completo y que se aproxime más a nuestros datos.

$$y(t) = a_1y(t - 1) + a_2y(t - 2) \quad (5.1)$$

Realizando la identificación por el criterio de mínimos cuadrados (ver apéndice A) obtenemos los valores de los parámetros a_1 , a_2

$$y(t) = 2.3312y(t-1) - 1.4146y(t-2) \quad (5.2)$$

Se realiza la simulación, encontrando los siguientes resultados. Cabe aclarar que los resultados en los otros continentes son muy similares, por lo cual con presentar uno de ellos es suficiente. En nuestro caso será el de población mundial y de igual forma se hará en los casos subsiguientes

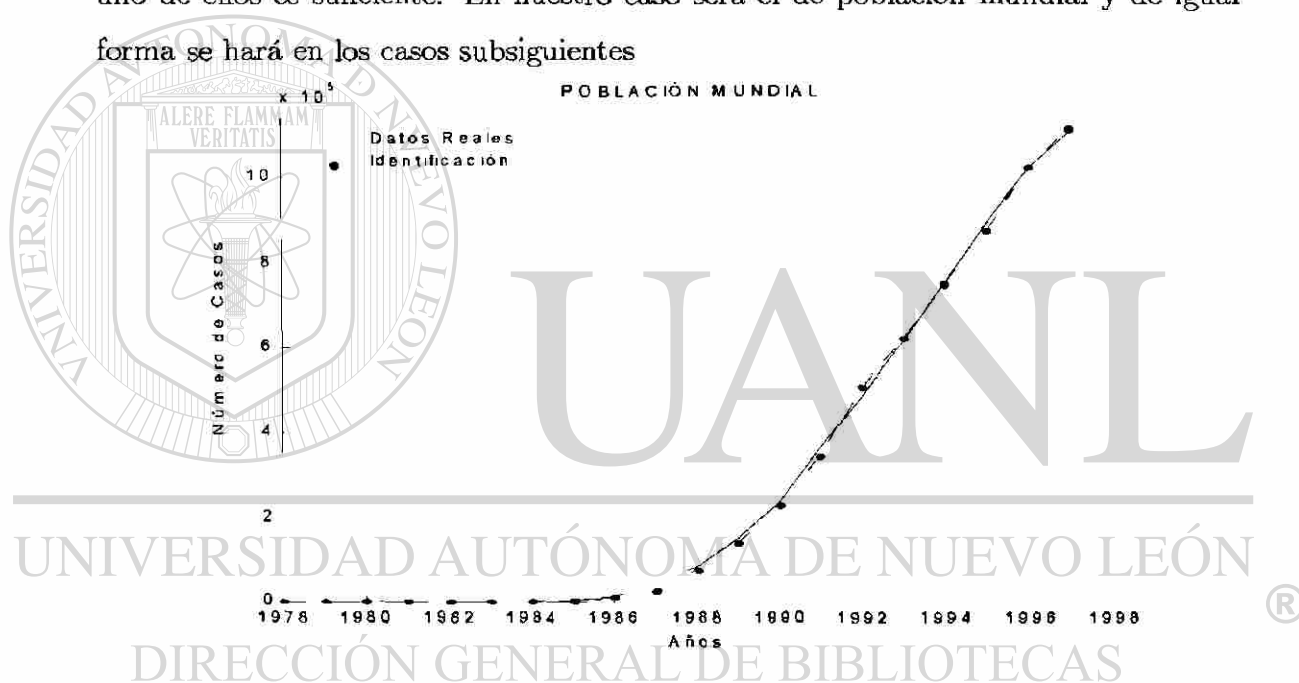


Figura 5.2: Resultados de la identificación de la ecuación lineal de segundo orden

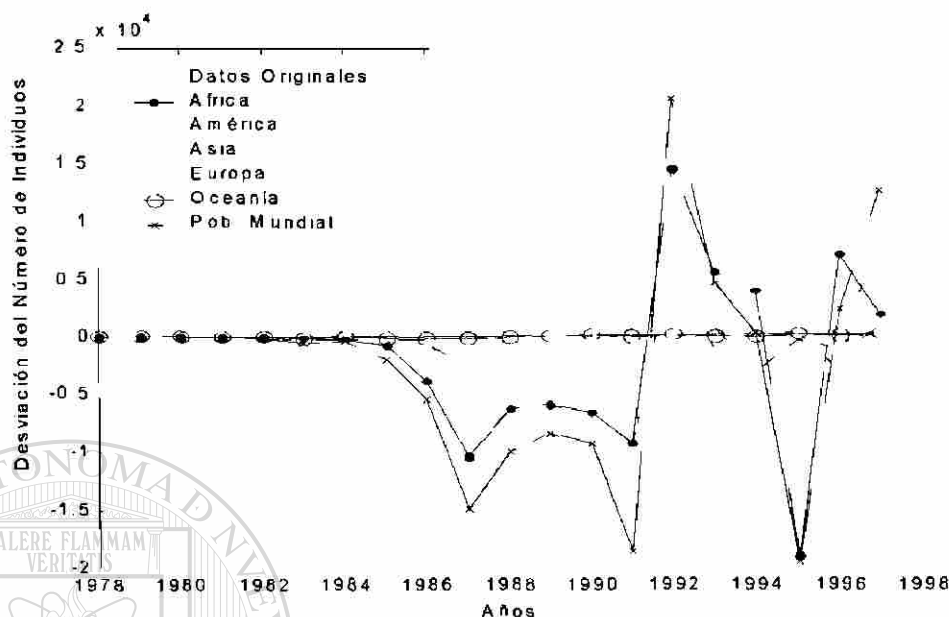


Figura 5.3: Error encontrado en la ecuación lineal de segundo orden

Vale la pena hacer la aclaración con respecto a la gráfica donde se muestra el error obtenido utilizando cada uno de los criterios aquí propuestos, esta gráfica muestra la diferencia de entre el valor de los datos reales y el valor obtenido al simular el modelo identificado, de tal forma que los valores graficados de error son estas diferencias para cada uno de los casos (continentes y población mundial), los valores muestran una pequeña desviación de los valores reales, aún y cuando no lo parezca.

De tal forma que la magnitud de error de mayor tamaño, corresponde a la población mundial que el conjunto de datos de mayor tamaño, y así sucesivamente disminuye la magnitud de error siguiendo la misma tendencia, hasta llegar a Oceanía donde su magnitud de error es menor, pero cabe aclarar que el tamaño de este conjunto es mucho menor.

De tal forma que al final de este capítulo se presentarán unas conclusiones donde por medio de porcentajes se demuestra este hecho.

5.3.2 Ecuación No Lineal de Segundo Orden

Los modelos logísticos de Kermack y Mckendrik [6] son modelos de segundo orden con un término cuadrático, de tal forma que es valido suponer que un modelo con las mismas características no dará un buen resultado por lo cual tratamos esta estructura del modelo.

$$y(t) = a_1y(t - 1) + a_2y(t - 2) + a_3y^2(t - 1) \quad (5.3)$$

Al realizar la identificación utilizando el criterio de minimos cuadrados, obtenemos los valores de a_1, a_2, a_3

$$y(t) = 2.2102y(t - 1) - 1.1944y(t - 2) - 9.70e - 6y^2(t - 1) \quad (5.4)$$

Al simular este modelo se obtienen los siguientes resultados, los cuales se comparan con los que se tienen de los individuos con SIDA.

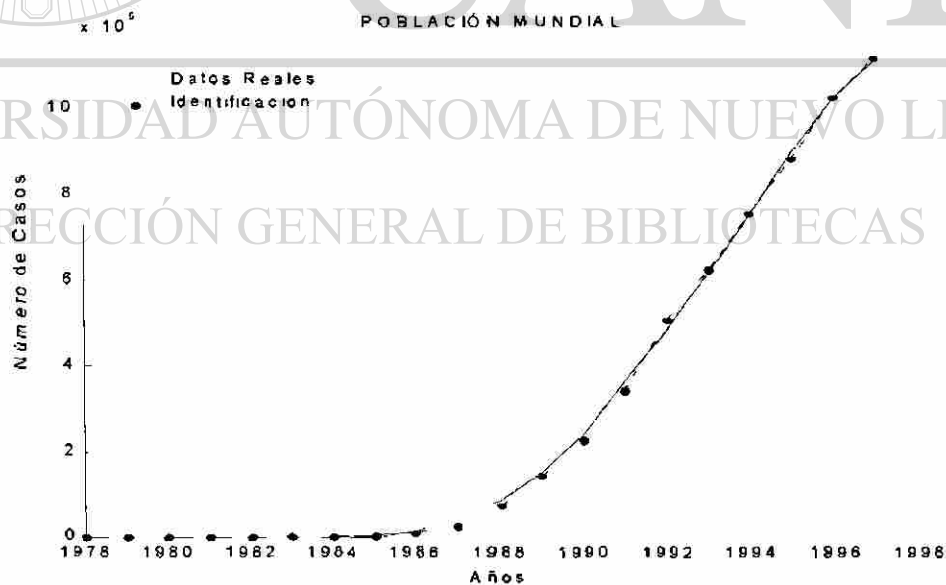


Figura 5.4: Resultados de la identificación de la ecuación no lineal de segundo orden

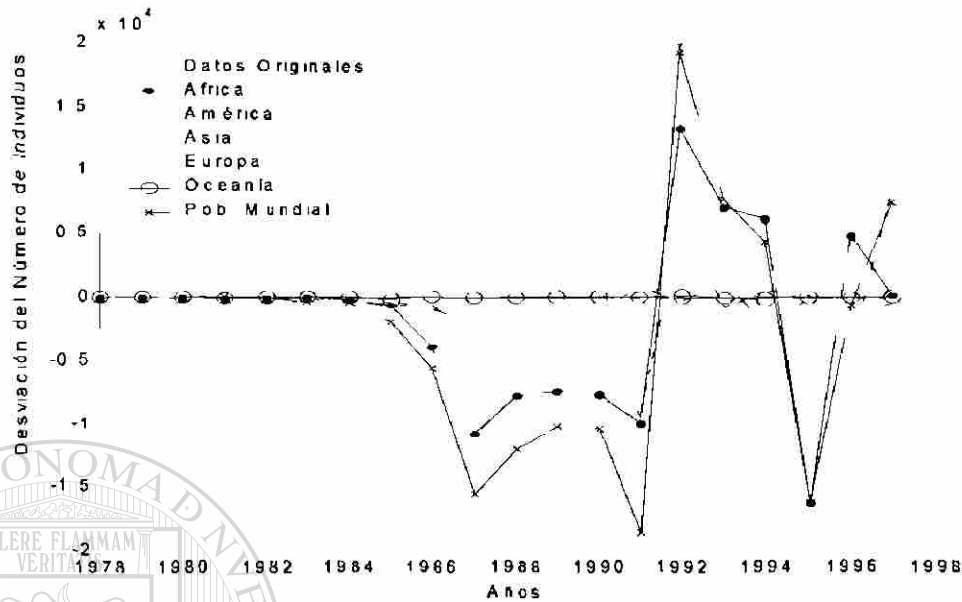


Figura 5.5: Error encontrado en la ecuación no lineal de segundo orden

5.3.3 Ecuación No Lineal de Segundo Orden obtenida con Matriz de Peso

Al principio debido a la poca información, muchos de los casos de SIDA no fueron tomados en cuenta en los datos recolectados de casos de SIDA, por lo tanto estos datos no son muy confiables, al tener cada día mas información de la epidemia los datos se fueron acercando a la realidad haciendo que la confianza en los mismos aumentara.

De tal forma se ve la necesidad de utilizar una herramienta, que en conjunto con el algoritmo de identificación, le dé una mayor validez a los datos en los cuales tenemos una mayor confianza y que a su vez le dé una menor importancia a los datos que la confiabilidad sea menor, esta herramienta se le llama matriz de peso (ver apéndice).

Por lo que con esta herramienta podemos tener una identificación más congruente con nuestro caso, haciendo que nuestra identificación se aproxime mas a los datos reales.

Al utilizar esta matriz de peso, hay que escoger cuales datos tendrán un mayor peso, en este caso se decidió darle credibilidad a partir del año 85 que es cuando se ven datos con menor incertidumbre y mayor concordancia entre todos los grupos. A los datos antes de 1985 se le dio una credibilidad del 10%. Utilizando la siguiente matriz de peso.

$$W = \text{diag} \left[0.1I_7 \quad I_{12} \right]$$

donde I_n es la matriz identidad de dimensión $n \times n$

El modelo matemático que se escoge para realizar esta identificación es el mismo que en el caso anterior un modelo de segundo orden con término no lineal.

$$y(t) = a_1y(t-1) + a_2y(t-2) + a_3y^2(t-1) \quad (5.5)$$

Realizando la identificación por el método de mínimos cuadrados, obtenemos los parámetros y sustituimos en (5.5)

$$y(t) = 2.2101y(t-1) - 1.1943y(t-2) - (9.709e^{-6})y^2(t-1) \quad (5.6) \quad \text{®}$$

Simulando este modelo y comparando con los datos originales de igual forma que el caso no ponderado, se obtiene lo siguiente.

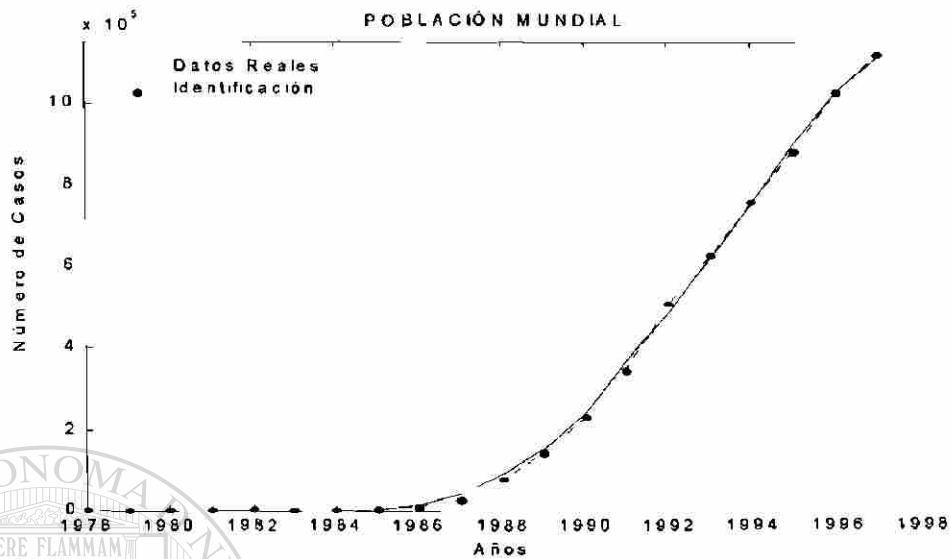


Figura 5.6: Resultados de la identificación con matriz de peso

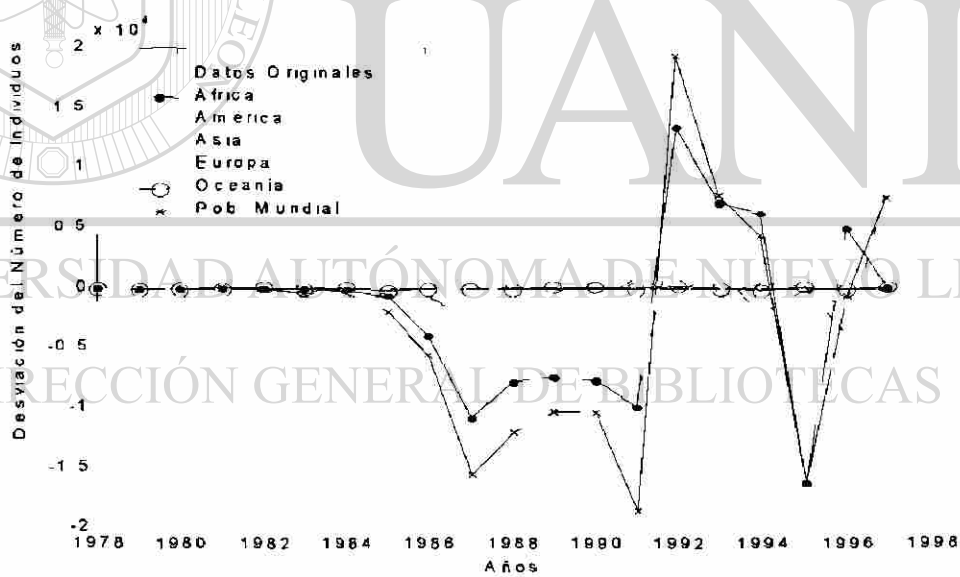


Figura 5.7: Error encontrado en la ecuación con matriz de peso

5.4 Identificación en Espacio de Estado

También podemos representar los datos de la epidemia de SIDA a través de un sistema espacio de estado con la siguiente estructura.

$$\begin{aligned}\dot{x} &= Ax \\ y &= Cx\end{aligned}\tag{5.7}$$

Donde

$$A = \begin{bmatrix} a_1 & a_2 \\ a_3 & a_4 \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} C_1 & C_2 \end{bmatrix}$$

Esta representación es muy rica en contenido de parámetros en comparación con las anteriores, con la desventaja de que desconocemos el significado de estos parámetros y los estados del sistema. En el caso entrada-salida tampoco conocemos el significado de los parámetros.

5.4.1 Matriz de Espacio de Estado por Identificación de Subespacio

Utilizando la herramienta Matlab, con la instrucción de N4SID obtenemos por medio de la identificación los parámetros del sistema (5.7) (ver apéndice):

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} 1.3454 & 0.1439 \\ -0.6271 & 0.87038 \end{bmatrix} x\tag{5.8}$$

$$y = 1e^5 * \begin{bmatrix} 2.8825 & 0.2794 \end{bmatrix} x$$

Realizando la simulación, encontramos los siguientes resultados:

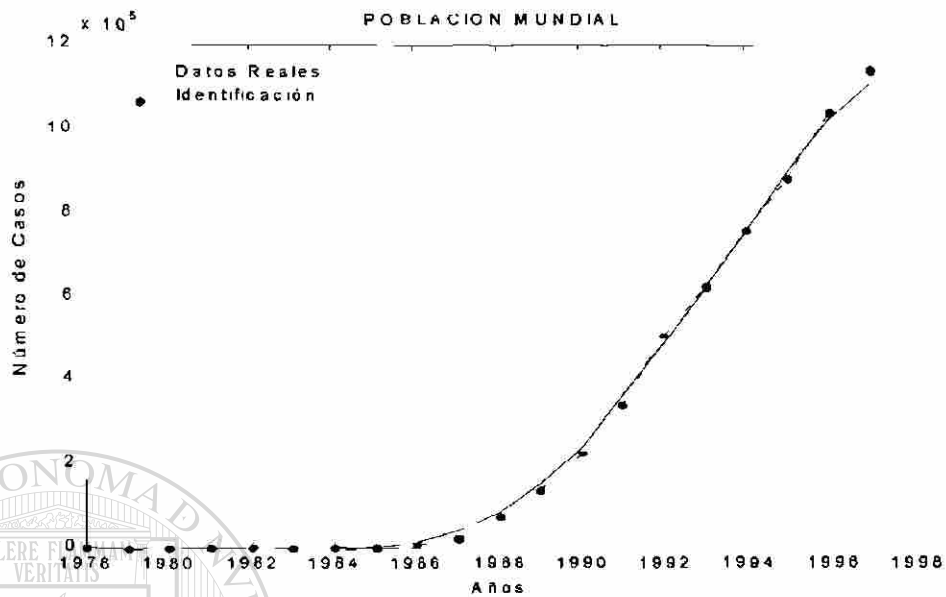


Figura 5.8: Resultados de la identificación de espacio de estado

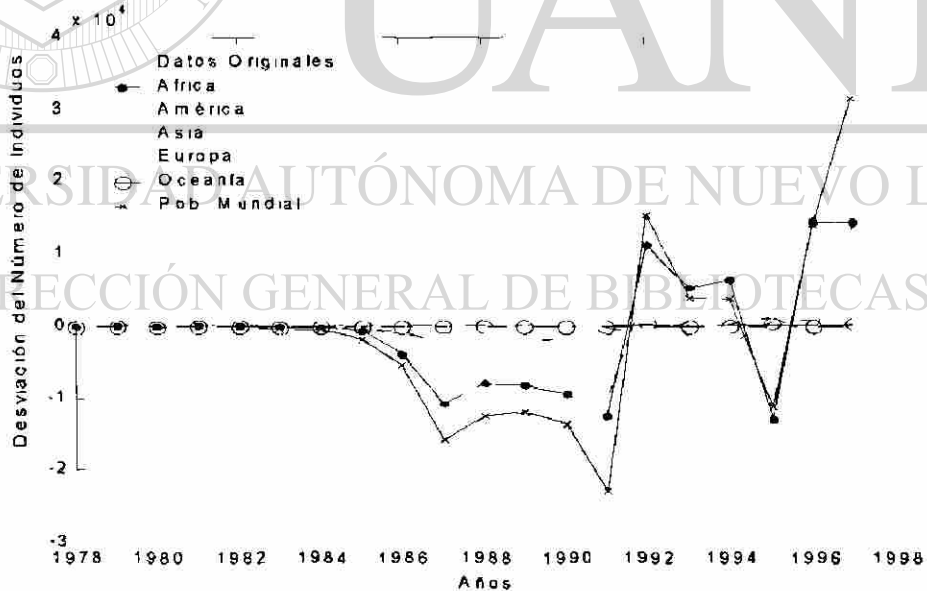


Figura 5.9: Error encontrado en la identificación de espacio de estado

5.4.2 Matriz de Espacio Estado por identificación de subespacio implementando Overschee

Utilizando la herramienta para Matlab de identificación de subespacio propuesta por Overschee siendo ésta otra implementación del algoritmo de identificación de subespacio, obtuvimos el siguiente sistema (ver apéndice):

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} 1.2728 & -0.0816 \\ 0.7614 & 1.11824 \end{bmatrix} x \quad (5.9)$$

$$y = 1e^5 * \begin{bmatrix} -3.41644 & 0.12486 \end{bmatrix} x$$

Simulando este sistema encontramos los siguientes resultados.

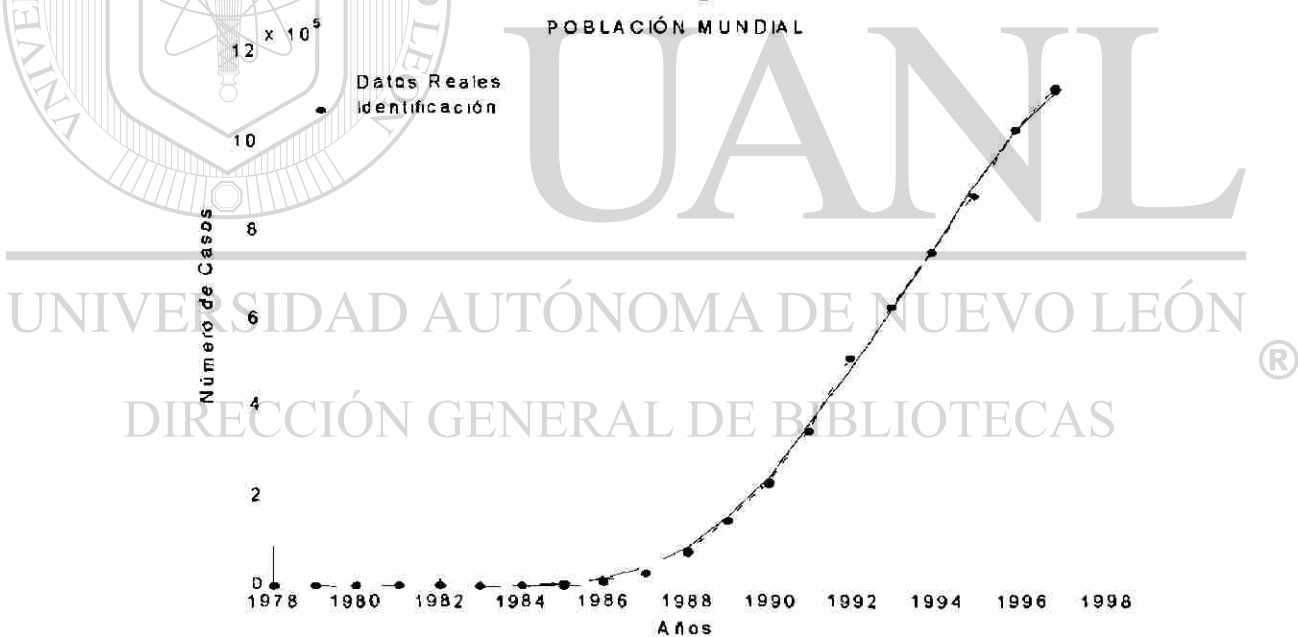


Figura 5.10: Resultados de la identificación de espacio de estado utilizando Overschee

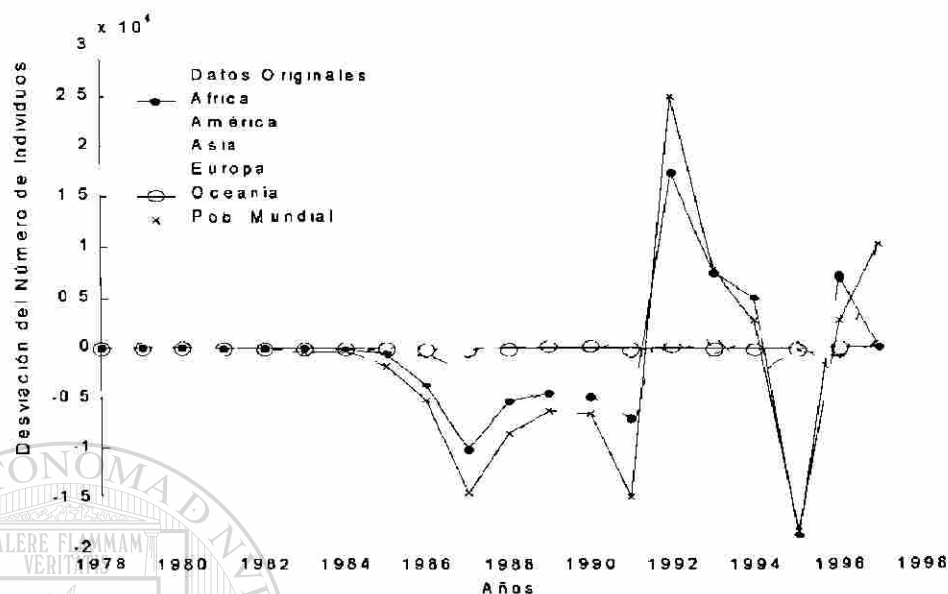


Figura 5.11: Error encontrado en la identificación de espacio de estado utilizando Overschee

5.5 Comparación de Modelos

Por medio de la norma dos se obtuvo un porcentaje de error para cada uno de los modelos, el cual usaremos para decidir cual es el mejor método de identificación, tomando en cuenta estos resultados.

Tabla 5.1: PORCENTAJES DE ERROR EN LA IDENTIFICACIÓN

	Lineal	No Lineal	Matriz de Peso	Espacio Estado	Overschee
Africa	2.4359	2.3974	2.3974	2.7749	2.4744
América	3.9037	3.5170	3.5168	4.3639	3.9041
Asia	3.5697	3.6514	3.6513	3.4604	3.2149
Europa	1.4235	1.3866	1.3865	1.7766	1.2832
Oceanía	1.7973	1.7127	1.7127	2.0176	1.8327
Totales	2.0187	1.9771	1.9771	2.5335	1.9805

La gráfica muestra la aproximación que nos da como resultado la identificación usando los diferentes modelos y criterios previamente estudiados.

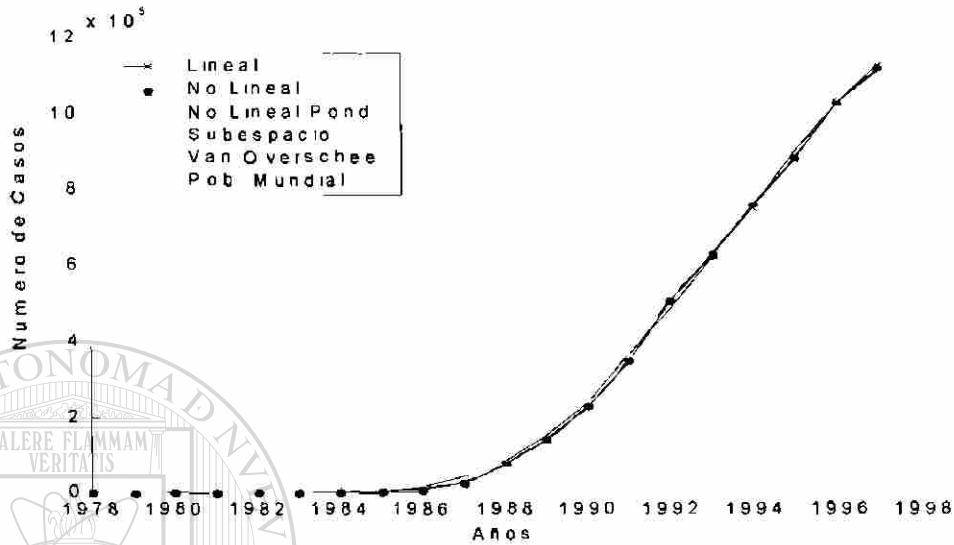


Figura 5.12: Comparación de los modelos identificados

También podemos mostrar la desviación que presenta cada uno de ellos.

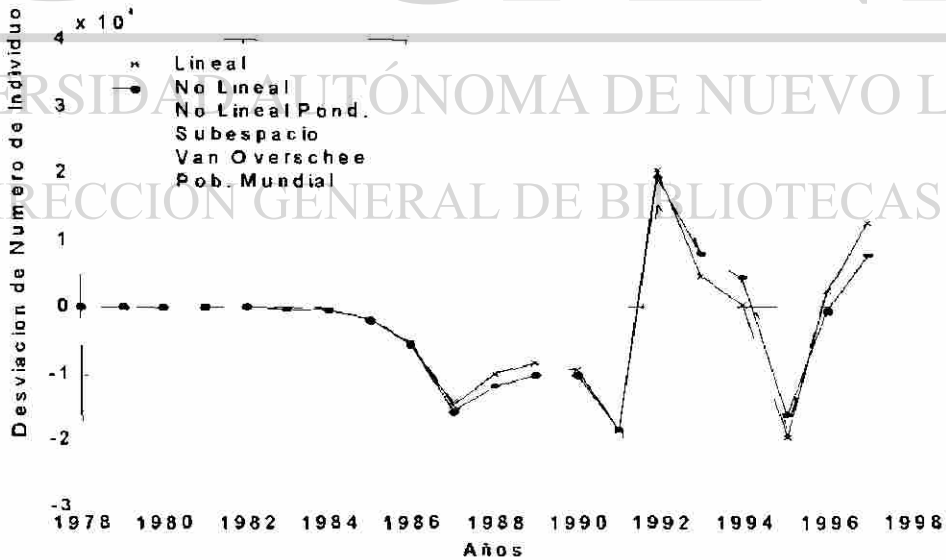


Figura 5.13: Desviación del error de los modelos identificados

Podemos ver que según el método empleado al identificar en la mayoría de los casos nos da una pequeña diferencia en el porcentaje de error que nos arroja cada una de las identificaciones, en los modelos entrada-salida tenemos que cada uno de ellos fue encontrado por el método de mínimos cuadrados con la diferencia del número de parámetros supuesto, se ve una clara mejoría en todos los casos al aumentar el orden del modelo excepto en de Asia. A su vez también se ve que en ciertos casos los modelos identificados por técnicas de subespacio hay mejoría, y también hay diferencias entre ellos pero es por la forma de implementación de las técnicas de identificación de subespacio.

De tal forma recomendamos usar el modelo no lineal de segundo orden obtenido por matriz de peso, como el más eficiente de los cinco, debido al compromiso de complejidad contra un buen resultado, esto es debido a su relativa simplicidad en comparación con los otros métodos que dan buen resultado (identificación de subespacio) y por el hecho de darle mayor veracidad a los datos que a nosotros nos interesan, además de que el error de identificación que nos ocasiona este método, es muy bueno comparando contra los otros métodos.

Debido a la naturaleza de la epidemia, la cual presenta un comportamiento mayormente lineal en la serie de datos cuando estos son más confiables, podemos realizar muy buenas identificaciones de los mismos con todos los algoritmos de identificación aquí implementados, debido a que estos algoritmos trabajan muy bien al identificar este tipo de comportamiento lineal.

Para simplificar el modelo (6.1) definimos $R \triangleq X + Y$, donde esta variable representa la unión de las personas infectadas y las susceptibles por lo tanto el modelo original se puede reescribir de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}\frac{dR}{dt} &= B - \mu R - vY \\ \frac{dY}{dt} &= \frac{\beta c(R - Y)Y}{R + Z} - (v + \mu)Y \\ \frac{dA}{dt} &= \rho vY - (d + \mu)A \\ \frac{dZ}{dt} &= (1 - \rho)vY - \mu Z\end{aligned}\tag{6.2}$$

$$N(t) = R(t) + Z(t) + A(t)$$

Se asume que $X \gg Y$ y $X \gg Z$, por lo cual $R \approx X$, de tal forma tenemos que $R - Y \approx R + Z \approx R$, debido a ésto podemos reescribir el modelo (6.2) como un modelo lineal

$$\begin{bmatrix} \dot{R} \\ \dot{Y} \\ \dot{A} \\ \dot{Z} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\mu & -v & 0 & 0 \\ 0 & \beta c - v - \mu & 0 & 0 \\ 0 & \rho v & -d - \mu & 0 \\ 0 & v - \rho v & 0 & -\mu \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ Y \\ A \\ Z \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} B\tag{6.3}$$

Tomando solo las ecuaciones que son para nosotros de interés, las cuales representan los enfermos del SIDA (A) y el numero de personas infectadas (I), obtenemos el siguiente modelo lineal observable.

$$\begin{bmatrix} \dot{Y} \\ \dot{A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta c - v - \mu) & 0 \\ (\rho v) & (-d - \mu) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Y \\ A \end{bmatrix}\tag{6.4}$$

Capítulo 6

Análisis Basados en el Modelo de Anderson

Se obtienen dos modelos matemáticos a partir del modelo de Anderson, que después serán utilizados para encontrar una representación de la epidemia del SIDA, para luego realizar a una comparación de los modelos.

6.1 Modelo Lineal

Como se vio anteriormente en el Capítulo 3 en la ecuación 3.12, Anderson propuso el siguiente modelo para representar la epidemia del SIDA [15]:

$$\begin{aligned}
 \frac{dX}{dt} &= B - (\mu + \lambda c)X \\
 \frac{dY}{dt} &= \lambda cX - (v + \mu)Y \\
 \frac{dA}{dt} &= \rho vY - (d + \mu)A \\
 \frac{dZ}{dt} &= (1 - \rho)vY - \mu Z
 \end{aligned}
 \tag{6.1}$$

Para simplificar el modelo (6.1) definimos $R \triangleq X + Y$, donde esta variable representa la unión de las personas infectadas y las susceptibles por lo tanto el modelo original se puede reescribir de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}\frac{dR}{dt} &= B - \mu R - vY \\ \frac{dY}{dt} &= \frac{\beta c (R - Y) Y}{R + Z} - (v + \mu)Y \\ \frac{dA}{dt} &= \rho v Y - (d + \mu)A \\ \frac{dZ}{dt} &= (1 - \rho)vY - \mu Z\end{aligned}\tag{6.2}$$

$$N(t) = R(t) + Z(t) + A(t)$$

Se asume que $X \gg Y$ y $X \gg Z$, por lo cual $R \approx X$, de tal forma tenemos que $R - Y \approx R + Z \approx R$, debido a ésto podemos reescribir el modelo (6.2) como un modelo lineal

$$\begin{bmatrix} \dot{R} \\ \dot{Y} \\ \dot{A} \\ \dot{Z} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\mu & -v & 0 & 0 \\ 0 & \beta c - v - \mu & 0 & 0 \\ 0 & \rho v & -d - \mu & 0 \\ 0 & v - \rho v & 0 & -\mu \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ Y \\ A \\ Z \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} B\tag{6.3}$$

Tomando solo las ecuaciones que son para nosotros de interés, las cuales representan los enfermos del SIDA (A) y el numero de personas infectadas (I), obtenemos el siguiente modelo lineal observable.

$$\begin{bmatrix} \dot{Y} \\ \dot{A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta c - v - \mu) & 0 \\ (\rho v) & (-d - \mu) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Y \\ A \end{bmatrix}\tag{6.4}$$

Derivando la segunda ecuación de (6.4)

$$\ddot{A} = (\rho\nu)\dot{Y} + (-d - \mu)\dot{A} \quad (6.5)$$

Se sustituye la ecuación que representa a Y en (6.4) en la ecuación diferencial.(6.5)

$$\ddot{A} = (\rho\nu)(\beta c - \nu - \mu)Y + (-d - \mu)\dot{A} \quad (6.6)$$

Se despeja la variable Y de la segunda ecuación de (6.4) y se sustituye en la ecuación (6.6) se desarrolla y se simplifica el modelo, quedando la siguiente ecuación diferencial de segundo orden lineal

$$\ddot{A} = \left[(\beta c - \nu - \mu) + (-d - \mu) \right] \dot{A} - \left[(\beta c - \nu - \mu)(-d - \mu) \right] A \quad (6.7)$$

Los valores de los parámetros de la ecuación (6.7) son dados por Anderson en su modelo, los cuales son mostrados en la Tabla (3.3). Sustituyendo estos valores en los parámetros de la ecuación (6.7), se obtiene

$$\ddot{A} = \left[-1.66255 \right] \dot{A} - \left[-1.38027 \right] A \quad (6.8)$$

Este modelo puede se discretizado por el método de Euler, de tal forma que podemos describirlo de la siguiente manera

$$A(t) = \left[-1.66255 \right] A(t-1) - \left[-1.38027 \right] A(t-2) \quad (6.8)$$

Simulando la ecuación (6.8) con los datos proporcionados por la UNAIDS (los mismos datos que fueron utilizados en el capítulo 5), los cuales representan la epidemia del SIDA; despues de obtener la siguiente ganancia la cual fue ajustada por medio de

simulaciones $K = 3.3285$ en estado estacionario que minimize el error el cual funciona como factor de corrección, y de aplicarla, obtenemos la siguiente figura:

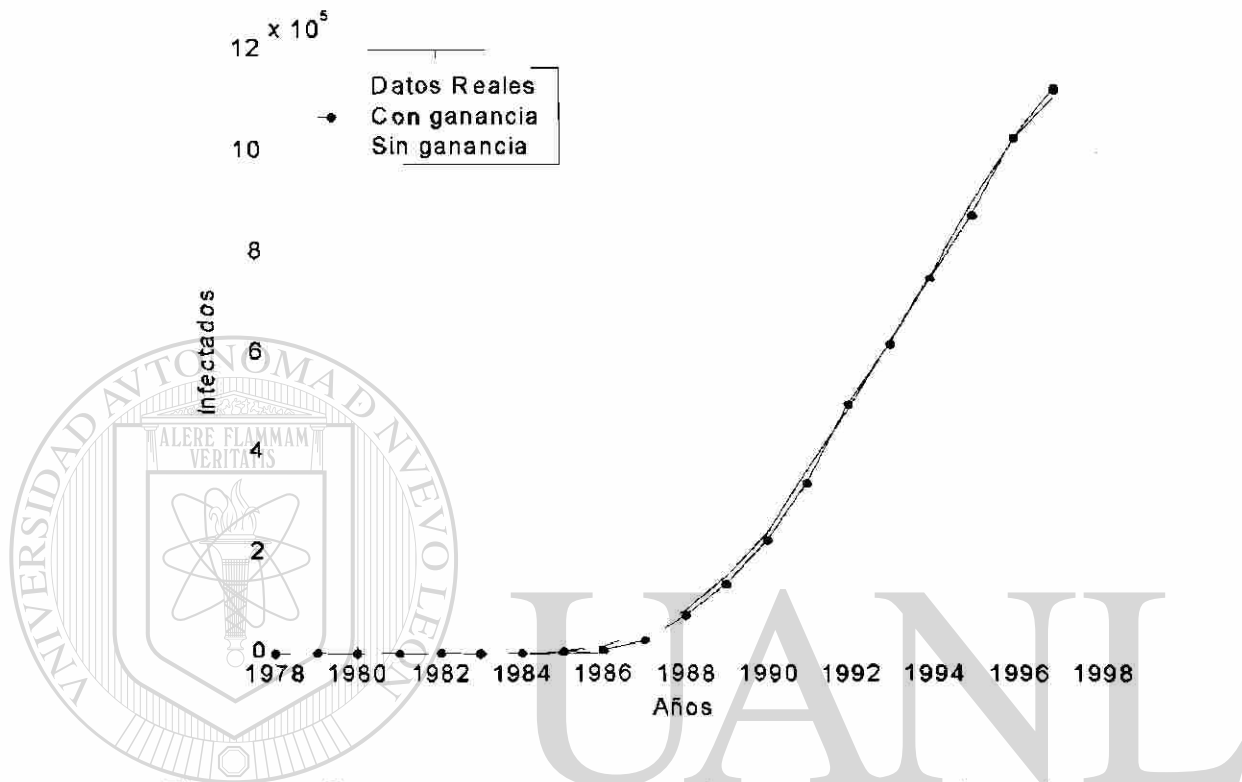


Figura 6.1: Simulación de la representación lineal del modelo de Anderson

6.2 Modelo No Lineal

Tomando el modelo de Anderson, (6.1) y después de sustituir $R \triangleq X + Y$ en el modelo, tenemos que:

$$\begin{bmatrix} \dot{R} \\ \dot{Y} \\ \dot{A} \\ \dot{Z} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B - \mu R - vY \\ \frac{\beta c(R - Y)}{R + Z} Y - (v + \mu)Y \\ \rho v Y - (d + \mu)A \\ (1 - \rho)vY - \mu Z \end{bmatrix} \quad (6.9)$$

$$N(t) = R(t) + Z(t) + A(t) \quad (6.1)$$

Se toma las ecuaciones de interés que son las ecuaciones que representan el numero de enfermos de SIDA (A) y el numero de infectados (I) que son las siguientes:

$$\dot{Y} = \frac{\beta c(R-Y)}{R+Z}Y - (v+\mu)Y \quad (6.10)$$

$$\dot{A} = \rho v Y - (d+\mu)A \quad (6.11)$$

Por medio de la ecuación (6.10) y (6.11) llegamos a las siguiente ecuación diferencial de segundo orden no lineal:

$$\ddot{A} = \left(\frac{\beta c R}{R+Z} - v - 2\mu - d \right) \dot{A} + \left[\left(\frac{\beta c R}{R+Z} - v - \mu \right) (d + \mu) \right] A - \left[\frac{\beta c}{(R+Z)\rho v} \left(\dot{A} + (d + \mu)A \right)^2 \right] \quad (6.12)$$

Simplificando, obtenemos:

$$\begin{aligned} \ddot{A} &= \left(\frac{\beta c R}{R+Z} - v - 2\mu - d \right) \dot{A} + \left[\left(\frac{\beta c R}{R+Z} - v - \mu \right) (d + \mu) \right] A \\ &+ \left(\frac{-\beta c}{(R+Z)\rho v} \right) \dot{A}^2 + \left(\frac{-\beta c}{(R+Z)\rho v} 2(d + \mu) \right) A \dot{A} \\ &+ \left(\left[\frac{-\beta c}{(R+Z)\rho v} \right] (d + \mu)^2 \right) A^2 \end{aligned}$$

$$\ddot{A} = \alpha_1 \dot{A} + \alpha_2 A + \alpha_3 \dot{A}^2 + \alpha_4 A \dot{A} + \alpha_5 A^2 \quad (6.13)$$

Discretizando la ecuación (6.13) por el método de Euler, hacemos una identificación por el método de mínimos cuadrados (es éste caso no se utilizó matriz de peso),

utilizando la ecuación de diferencias que surge despues de discretizar como nuestra estructura de identificación, encontrando los siguientes valores para cada parámetro para despues graficar estos resultados.

$$\begin{aligned}
 A(t) = & (3.027240) A(t - 1) + (-2.036490) A(t - 2) + (-0.0000117) A(t - 1)^2 \\
 & + (0.00002584) A(t - 2)A(t - 1) + (-0.00001445) A(t - 2)^2
 \end{aligned}
 \tag{6.14}$$

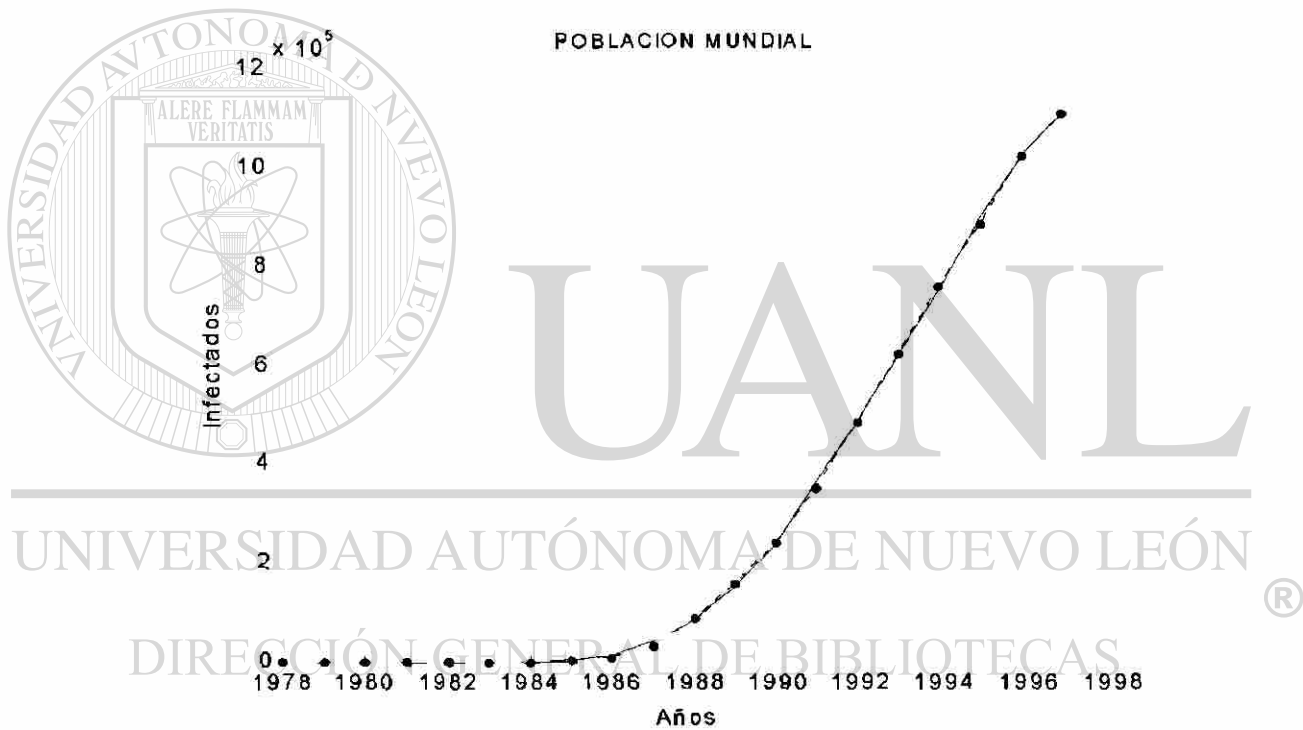


Figura 6.2: Identificación del total de enfermos de SIDA

6.3 Comparación Contra los Métodos Anteriores de Identificación

Comparando los resultados que obtuvimos, con los datos que nos arrojaron las identificaciones anteriormente descritas, encontramos la siguiente figura:

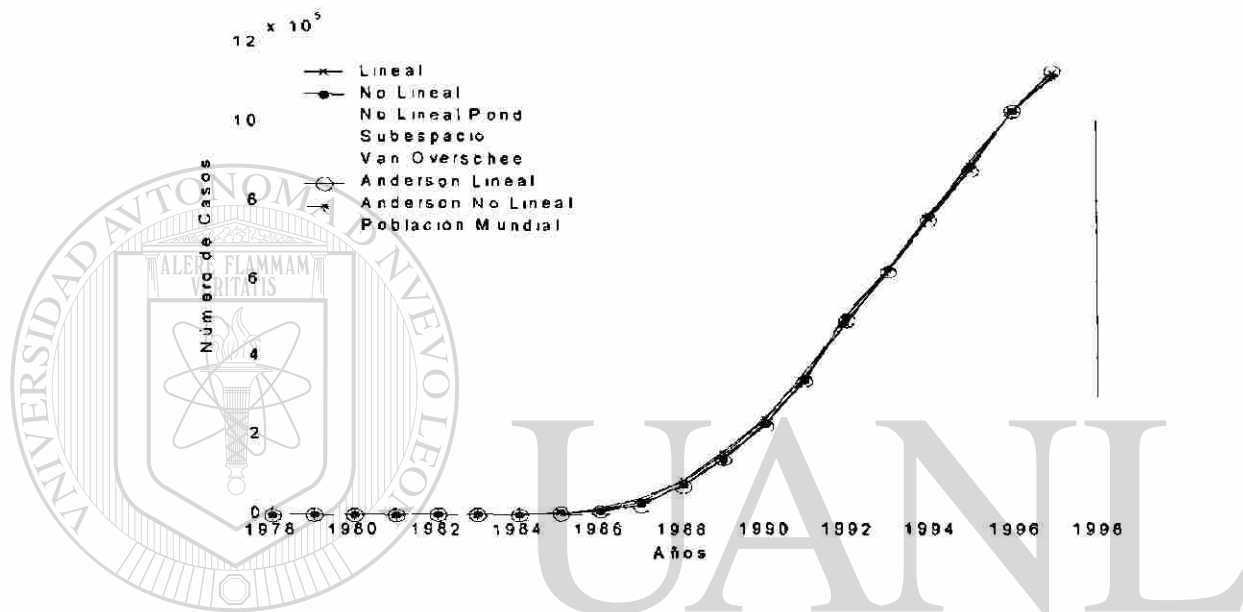


Figura 6.3: Comparación de los diferentes modelos

Por medio de la norma dos encontramos los siguientes porcentajes de error. ®

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Tabla 6.1: PORCENTAJES DE ERROR EN EL ANALISIS

Lineal	2.0187
No Lineal	1.9771
No Lineal Pond.	1.9771
Subespacio	2.5335
Van Overschee	1.9805
Anderson Lineal	2.3476
Anderson No Lineal	1.6614

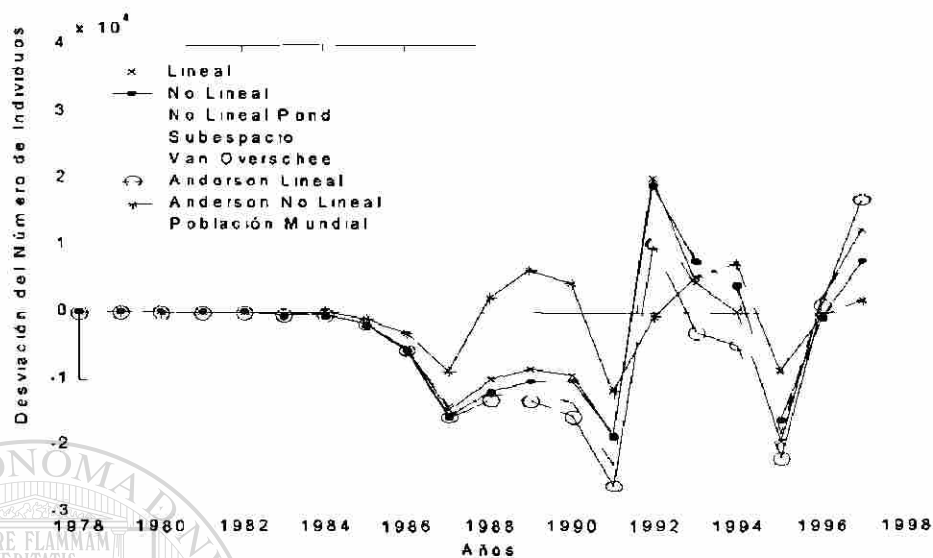


Figura 6.4: Desviación del número de individuos

Encontramos que el modelo de Anderson no lineal nos da el mejor resultado al tener el menor porcentaje de error al hacer la identificación de la epidemia.

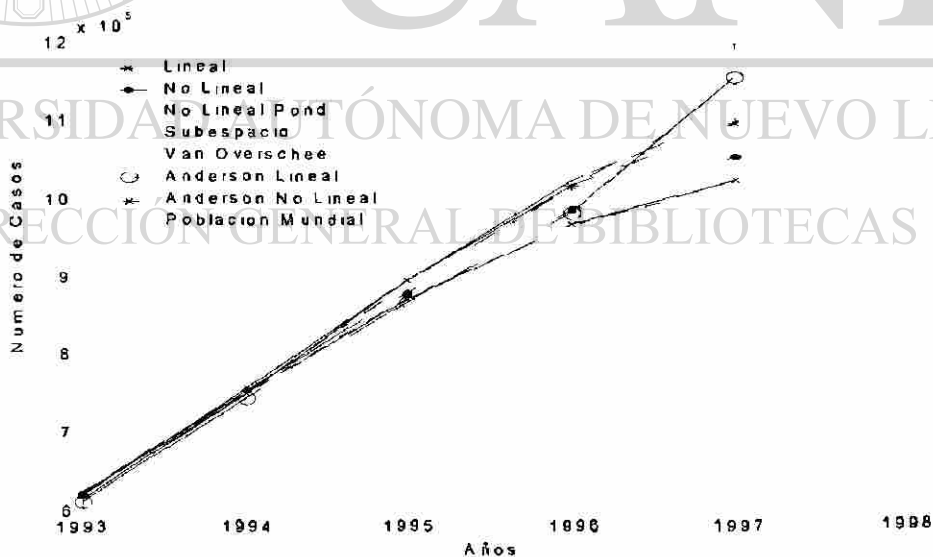
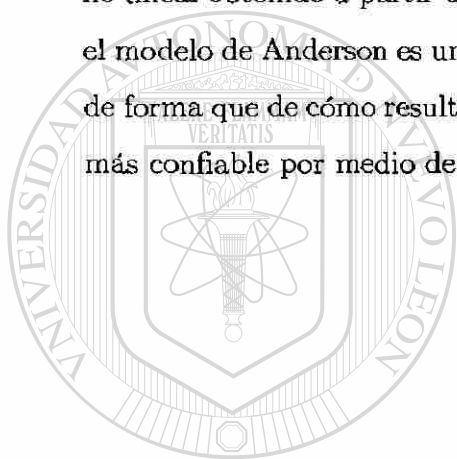


Figura 6.5: Predicción de la epidemia

Realizamos una predicción a corto plazo utilizando cada uno de los modelos que encontramos según los modelos que identificamos, así como el modelo lineal y no lineal encontrados a partir del modelo de Anderson, la cual se realizó de la siguiente forma, se realiza la predicción de los años 95, 96 y 97 a partir de los datos que anteriormente se hacían, los datos que están graficados como datos totales son los datos reales de la epidemia, esto se hizo para tener una base real de comparación.

De tal forma que vemos que el modelo que hizo una mejor predicción fue el modelo no lineal obtenido a partir del modelo de Anderson, por lo cual se puede concluir que el modelo de Anderson es un modelo muy completo solo faltaría poder parametrizarlo de forma que de cómo resultado los datos reales y poder hacer una predicción a futuro más confiable por medio de este modelo.



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Capítulo 7

El control del SIDA

En éste capitulo se presenta un nuevo modelo, al cual le incluiremos un término que nos va servir para resumir las campañas de control hasta la fecha aplicadas (boletines, campañas de concientización, uso de preservativos, etc.) y además veremos que beneficios surge en la identificación del sistema con esta consideración.

7.1 Identificación con entrada de control

Las campañas para concientizar a la gente sólo han sido aplicadas en la mayoría de los países industrializados, debido a ésto se ha visto una disminución en el crecimiento del número de infectados que aparecen día a día en éstos países. La epidemia no ha terminado aún, pero se ha hecho mucho en poco tiempo; se han disminuido las tasas de crecimiento anual y las expectativas de vida de un enfermo van en aumento, lo cual demuestra que estas medidas han sido benéficas y han cambiado el transcurso del crecimiento del SIDA. Por lo cual se ve la necesidad de plantear un nuevo modelo matemático para el SIDA, tomando estos nuevos factores, para así reconsiderar el trabajo hecho hasta la fecha.

Por lo cual proponemos en base a lo anterior el siguiente modelo matemático, el cual tiene un nuevo elemento que será una entrada de control $u(t)$, la cual simulará

el efecto de las campañas para la prevención del SIDA.

$$y(t) = a_1y(t-1) + a_2y(t-2) + a_3u(t) \quad (7.1)$$

Debido a que en los países donde radica el mayor número de infectados, fue donde se implementaron las campañas de prevención de mejor forma, es correcto suponer que estas campañas fueron aplicadas a toda la población de infectados alrededor del mundo, de tal forma que utilizaremos los datos que representan el número total de infectados.

Se realiza la identificación de los parámetros para el modelo (7.1) utilizando una entrada de control $u(t) = 1$, es decir, asumimos que las campañas empezaron a partir de 1990.

Vale la pena mencionar que esta entrada $u(t)$ tomara solo dos valores, los cuales son cuando $u(t) = 0$ que es cuando no se han aplicado ningún tipo de campañas de control, y $u(t) = 1$ cuando se han aplicado algún tipo de campañas de control (información del SIDA, panfletos, uso de preservativo, etc.), cabe aclarar que esta entrada de control no requiere ser de excitación persistente debido a que es una entrada externa al sistema.

$$u(t) = \begin{cases} 0 & t \in [1979, 1989] \\ 1 & t \in [1990, 1998] \end{cases}$$

Efectuamos la identificación con mínimos cuadrados, con lo que obtenemos:

$$y(t) = 2.3344y(t-1) - 1.4279y(t-2) + 37.5271u(t) \quad (7.2)$$

Con estos parámetros, hacemos la simulación del modelo matemático, obteniendo lo siguiente

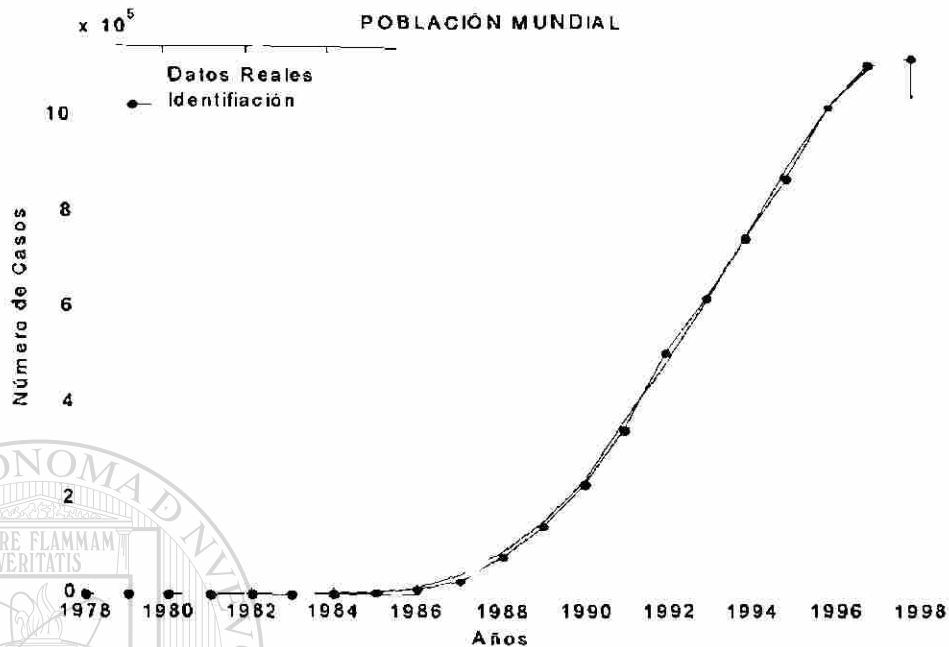


Figura 7.1: Simulación del total de infectados de SIDA utilizando el modelo con entrada de control

En la grafica se muestra una gran concordancia en la simulación contra el número real de infectados, dando esto un error en la identificación

$$\text{Error} = 1.9733\%$$

De tal forma que podemos suponer que de alguna forma se aplicaron campañas control para tratar de minimizar el crecimiento de la epidemia, como se ve en los resultados obtenidos debido a que se logro una buena identificación utilizando una entrada de control.

Capítulo 8

Conclusiones

El SIDA ha devastado enormemente a la humanidad durante varios años con gran voracidad y falta de algún control, por lo cual Anderson propuso un modelo el cual tiene la desventaja de no apegarse a la forma en como la epidemia se ha manifestado realmente.

Al identificar los parámetros por medio del método de mínimos cuadrados se obtiene un modelo abstracto, con el cual tenemos buenos resultados al hacer la simulación del modelo identificado debido que se apegan a los datos reales, pero con la desventaja de no tener ninguna interpretación de los parámetros identificados, ni de las variables involucradas, tanto en los modelos entrada-salida como en los modelos espacio de estado.

La similitud entre el modelo de Anderson y los modelos identificados es visible, debido a que con sólo aplicar una ganancia al modelo de Anderson muestra un comportamiento muy similar a los datos reales, haciendo esto posible utilizar esta estructura para realizar una buena identificación.

La identificación del modelo no lineal de segundo orden obtenida por matriz de peso (no lineal ponderado), resultó ser la que mejor resultado nos da en los casos de

los modelos identificados, debido a que con pocos datos se obtiene una muy buena representación de la epidemia, y esto ayuda a poder realizar una buena predicción de crecimiento a futuro.

Al comparar los modelos identificados contra las representaciones lineal y no lineal del modelo de Anderson, se ve una mejoría al realizar la identificación utilizando la representación no lineal, y también encontramos que al realizar una predicción a corto plazo nos da una buena aproximación de los datos que predijo esta representación no lineal del modelo de Anderson.

8.1 Trabajos Futuros

- Desarrollar un modelo estructurado por edades, debido a que la incidencia de casos difiere mucho entre la población sexualmente activa y la que no lo es llámese menores de edad y personas de la tercera edad.
- Identificar los parámetros en la estructura del modelo de Anderson, tomando en cuenta que los parámetros en esta estructura no son lineales con respecto al regresor, con la finalidad de que estos nuevos parámetros identificados se apeguen a la forma en que la epidemia realmente se ha manifestado.
- Hacer una identificación en espacio de estado, por técnicas de identificación de subespacio para encontrar los valores de los parámetros del modelo de Anderson en espacio de estado.

Apéndice A

Método de Mínimos Cuadrados



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Apéndice A

Método de Mínimos Cuadrados

El método de mínimos cuadrados fue desarrollado por Gauss. Él tenía 18 años de edad cuando utilizó por vez primera éste método para realizar sus cálculos astronómicos en 1795. Él sugirió que los valores más apropiados para algún desconocido pero deseado parámetro eran los más probables valores.

El definió esto como “el más probable valor para unas cantidades desconocidas deberá ser aquel en el cual la suma de los cuadrados de las diferencias entre los valores observados y los valores calculados, multiplicado por números que midan el grado de precisión es el mínimo”. La diferencia entre los valores observados y los valores calculados es llamado comúnmente residual.

A.1 El modelo

Denotamos generalmente las entradas y salidas del sistema al tiempo t como $u(t)$ y $y(t)$ respectivamente. La relación más básica entre entradas y salidas es la ecuación de diferencias lineal [12], [14]:

$$y(t) + a_1y(t-1) + \dots + a_ny(t-n) = b_1u(t-1) + \dots + b_mu(t-m)$$

Hemos escogido representar el sistema en tiempo discreto debido a que los datos son principalmente recolectados por muestreo, para lo cual es más apropiado relacionar este tipo de datos a modelos discretos.

Para simplificar el modelo asumimos que el tiempo de muestreo es uno, esto no es esencial pero nos hace más fácil la notación. Una forma muy útil de representar el modelo es verlo de forma que el próximo valor es determinado dados los previos.

$$y(t) = -a_1y(t-1) - \dots - a_ny(t-n) + b_1u(t-1) + \dots + b_mu(t-m) \quad (\text{A.1})$$

Si definimos el vector de parámetros (por determinar)

$$\theta = [a_1, \dots, a_n, b_1, \dots, b_m]^T \in \mathbb{R}^{n+m}$$

y al regresor como

$$\varphi(t) = [-y(t-1) \dots -y(t-n) \ u(t-1) \dots u(t-m)]^T \in \mathbb{R}^{n+m}$$

De tal modo que (A.1) puede ser reescrita de la siguiente forma

$$y(t) = \varphi^T(t)\theta \quad (\text{A.2})$$

A.2 El método de mínimos cuadrados

Expresando lo anterior en forma matricial tenemos lo siguiente

$$Y = Z\vartheta + E \quad (\text{A.3})$$

donde

$$\vartheta = [a(1), \dots, a(K)]$$

$$Y^T = [y(1), y(2), \dots, y(K)]$$

$$E^T = [e(1), e(2), \dots, e(K)]$$

$$Z = \begin{bmatrix} y(1-N), & u(1-N), & \dots, & y(0), & u(0) & y(1) \\ \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots & \vdots \\ y(K-N), & u(K-N), & \dots, & y(K-1), & u(K-1), & y(K) \end{bmatrix} \in R^{K \times 2n}$$

El mapeo de los datos y los parámetros en los vectores y matrices no tiene que ser necesariamente como están indicados arriba. Algunas consideraciones estadísticas y probabilísticas toman en cuenta el número de observaciones K que necesita ser mucho más grande que $2N + 1$ donde N es el número de parámetros estimados en la ecuación (A.1) o (A.2)

$$K \gg 2N + 1 \quad (\text{A.4})$$

Teniendo el estimado de ϑ basado en los K datos muestreados $\hat{\vartheta}(k)$. Entonces el residual asociado con la k -ésima medida es

$$e(k) = y(k) - Z^T(k)\hat{\vartheta}(k), \quad k = 1, 2, \dots, K \quad (\text{A.5})$$

Este error es comúnmente llamado medida del error. La respectiva representación vector matriz de (A.5) es

$$e = y - Z\vartheta \quad (\text{A.6})$$

donde

$$e^T = [e(1), e(2), \dots, e(K)]$$

La siguiente ecuación es llamada la función de costo

$$J = \frac{1}{2} [Y - Z\vartheta]^T W [Y - Z\vartheta] \quad (\text{A.7})$$

Los elementos de W (matriz de peso) indican el grado de confianza que presenta cada uno de los datos como mediciones individuales.

De acuerdo con la literatura los tres más conocidos tipos de mínimos cuadrados con respecto a la matriz de peso son cuando $W = I$ el procedimiento de minimizar la suma es llamado mínimos cuadrados, cuando W es una matriz positiva definida es llamado mínimos cuadrados con matriz de peso, y cuando $W = W^n$ es llamado proceso de Markov, nosotros estudiaremos sólo los dos primeros.

Solución Analítica de mínimos Cuadrados [3]

Para determinar las condiciones que minimizan la función de costo cuadrática (A.7) vamos a diferenciar con respecto a los parámetros e igualar el resultado a cero.

Para esto tenemos $W = I$

$$\frac{\partial J}{\partial \vartheta} = -Z^T [Y - Z\vartheta] = 0 \quad (\text{A.8})$$

Y el estimado de mínimos cuadrados

$$\hat{\vartheta} = (Z^T Z)^{-1} Z^T Y \quad (\text{A.9})$$

La relación (A.9) es usualmente denotada como estimador de mínimos cuadrados, es conveniente postular que $\begin{bmatrix} Z^T & Z \end{bmatrix}$ es una matriz no singular y tiene inversa. Por otra parte no es esencial hacer esta suposición debido a que el concepto de pseudoinversa puede ser introducido de ser necesario.

Haciendo la matriz W una matriz real positiva definida obtenemos que:

$$\hat{\vartheta} = (Z^T W Z)^{-1} W Z^T Y \quad (\text{A.10})$$

Esta relación es un estimado de mínimos cuadrados con matriz de peso.

A.3 Técnicas de Estimación en Subespacios para Modelos de Espacio Estado

Como sabemos un sistema lineal siempre puede ser representado en la forma de espacio estado, [12]

$$\begin{aligned}x(t+1) &= Ax(t) + Bu(t) + w(t) \\y(t) &= Cx(t) + Du(t) + e(t)\end{aligned}\tag{A.11}$$

Supondremos que no tenemos ningún conocimiento de la estructura de las matrices A , B , C y D , que describen el comportamiento entrada salida del sistema. Ésto debido a que existe un número infinito de matrices que representan el mismo sistema.

Supongamos por un momento que no sólo la $u(t)$ y la $y(t)$ medidos, son los datos disponibles, sino que también tenemos el orden del sistema.

Con estos datos conocidos el modelo (A.11) se convierte en una regresión lineal, los parámetros desconocidos y todas las entradas de todas las matrices, se mezclan con las señales medidas en una combinación lineal. De tal forma que la ecuación (A.11) la tenemos de la siguiente forma:

$$Y(t) = \Theta\Phi(t) + E(t)\tag{A.16}$$

Donde:

$$Y(t) = \begin{pmatrix} x(t+1) \\ y(t) \end{pmatrix}\tag{A.12}$$

$$\Theta = \begin{pmatrix} A & B \\ C & D \end{pmatrix}\tag{A.13}$$

$$\Phi = \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} \quad (\text{A.14})$$

$$E(t) = \begin{pmatrix} w(t) \\ e(t) \end{pmatrix} \quad (\text{A.15})$$

De esta ecuación todos los elementos de la matriz Θ pueden ser estimados por el método de mínimos cuadrados. Ésto puede ser realizado siempre y cuando conozcamos $x(t)$, de otra forma ésta deberá ser estimada por un observador. Es sabido que el vector de estado $x(t)$ puede ser reconstruido por los datos de entrada y salida, como combinaciones lineales de los componentes de n predictores de salida k pasos adelante.

$$y(t+k|t), \quad k = \{1, 2, \dots, n\}$$

Donde n es el orden del modelo. Podemos encontrar estos predictores y seleccionar una base entre sus componentes.

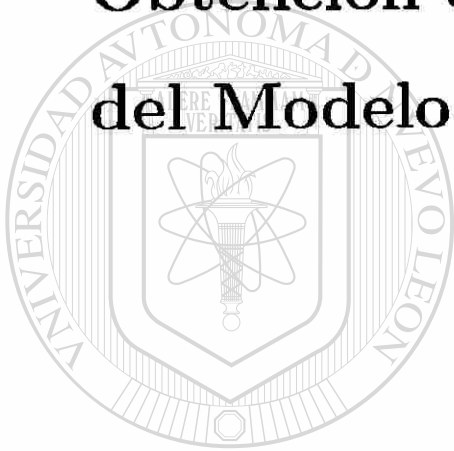
DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

$$x(t) = L \begin{pmatrix} y(t+1|t) \\ \vdots \\ y(t+n|t) \end{pmatrix} \quad (\text{A.16})$$

La selección de L determina la base para la realización de espacio de estado, y debe ser bien condicionada. El predictor $\hat{y}(t+k|t)$ es una función lineal de $y(s)$ y $u(s)$, $1 \leq s \leq t$ y puede ser determinada por proyecciones lineales directas en los datos de entrada salida.

Apéndice B

Obtención del Punto de Equilibrio del Modelo de Anderson



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN



DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

Apéndice B

Obtención del Punto de Equilibrio del Modelo Anderson

Tomamos las ecuaciones diferenciales que forman el modelo matemático de cuarto orden que representan el modelo de Anderson:

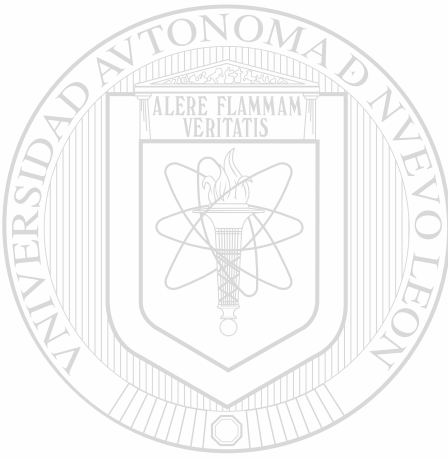
$$\frac{dX}{dt} = B - \mu X - \lambda c X$$

$$\frac{dY}{dt} = \lambda c X - (v + \mu) Y$$

$$\frac{dA}{dt} = \rho v Y - (d + \mu) A \quad (\text{B.1})$$

$$\frac{dZ}{dt} = (1 - \rho) v Y - \mu Z$$

$$\frac{dN}{dt} = B - \mu N - Ad$$



del sistema de ecuaciones, hacemos la ecuación de $\frac{dN}{dt} = 0$

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

$$0 = B - \mu N - Ad$$

de la cual despejando A , obtenemos el punto de equilibrio A^*

$$A^* = \frac{B - \mu N^*}{d}$$

de la misma manera haciendo que la ecuación $\frac{dA}{dt} = 0$

$$0 = \rho v Y - (d + \mu) A$$

despejando Y de la ecuación y sustituyendo A , obtenemos el punto de equilibrio Y^*

$$Y^* = \frac{(d + \mu)(B - \mu N^*)}{d\rho v}$$

igualando la ecuación $\frac{dZ}{dt} = 0$, tenemos que

$$0 = (1 - \rho)vY - \mu Z$$

de tal forma, que de esta ecuación despejamos Z y sustituimos Y , para encontrar el punto de equilibrio Z^*

$$Z^* = \frac{(1 - \rho)(d + \mu)(B - \mu N^*)}{\mu d\rho}$$

igualando $\frac{dY}{dt} = 0$, despejando X y a su vez sustituyendo Y y $\lambda = \beta Y/N$ en la ecuación

$$0 = \lambda cX - (v + \mu)Y$$

obtendremos el punto de equilibrio para X^*

$$X^* = \frac{(v + \mu)N^*}{\beta c}$$

hacemos la ecuación $\frac{dX}{dt} = 0$

$$0 = B - \mu X - \lambda cX$$

en la cual sustituimos el valor de $\lambda = \beta Y/N$ y sustituimos X , para despejar N de tal forma que podemos encontrar N^*

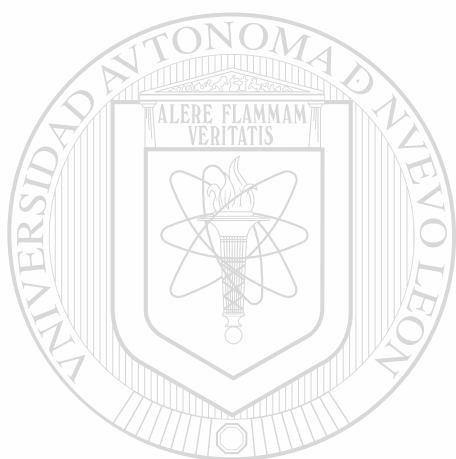
$$N^* = \frac{B\beta [(v + d + \mu)\mu + vd(1 - \rho)]}{(v + \mu) [\beta(d + \mu) - \rho v]}$$

Bibliografía

- [1] Aguilar, P., "*El Modelo Matemático del SIDA, El enfoque entre Oriente y Occidente*", un resumen de tesis.
- [2] Åström, K. J., Fasol, K.H, Godfrey, K., Isermann, R., Rake, H., Strejc, "*Tutorials on System Identification*", 5th IFAC Symposium on Identifications and System Parameter Estimation, Darmstad, F.R. Germany 24-28 Sept. 1979.
- [3] Åström, K. J, Wittenmark, B. "*Computer-Controlled Systems: Theory and Design*", Third Edition, Prentice Hall, 1997.
- [4] Åström, K. J., "*Lectures on the Identification Problem, The Least Squares Method*", Lund Institute of Technology, Division of Automatic Control, Reporte 6806, 1968.
- [5] Bay, J. S. "*Fundamentals of Linear State Space Systems*", WCB McGraw-Hill 1999.
- [6] Daley, D.J., Gani, J., "*Epidemic Modeling: An Introduccion*", Cambridge University Press, 1999.
- [7] Enns, R. H. y McGuire, G. C., 2nd. Ed., "*Nonlinear Physics with Maple for Scientists and Engineers*", Birkhäuser, 2000.
- [8] Gani, J. "*Random Allocation Methods in an Epidemic Model, Stochastic Processes*". Springer Verlag, 1991.

- [9] Hostetter, G.H., Santina, M. "*Analytical, Numerical and Computational Methods for Science and Engineering*", Prentice-Hall, 1991.
- [10] Johansen, A. "*A Simple Model of Recurrent Epidemics*", *J. Theor. Biol.*, vol. 178 Academic Press, pp. 45-51, 1996.
- [11] Khoo, Michael C.K. "*Physiological Control Systems Analysis, Simulation and Estimation*", IEEE Press, 2000.
- [12] Ljung, L. "*System Identification. In The Control Handbook*", CRC-IEEE Press, 1996. pags. 1033-1054
- [13] "*La epidemia de SIDA: Situacion en Diciembre de 2000*". El programa en conjunto de las Naciones Unidas sobre el HIV/SIDA (ONUSIDA) y la Organizacion Mundial de la Salud, (OMS), Diciembre 2000, ISBN:92-9173-010-6 Version Española.
- [14] Ljung, L. "*System Identification - Theory for the User*" Prentice-Hall, 1987.
- [15] Mazumdar, J. "*An Introduction to Mathematical Physiology and Biology*". 2nd. Ed. Cambridge University Press, 1999.
- [16] Meade, D.B. "*Qualitative Analysis of an Epidemic Model with Directed Dispersion*", Preprint of Departament of Mathematics, University of South Carolina, Columbia, 1991.
- [17] National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institute of Health. "*Evidence HIV Causes Aids*", <http://www.avert.org>.
- [18] "*Sexual Behavioural Change for HIV: Where have Theories taken us?*" UNAIDS Geneva, Switzerland, 1999.
- [19] Strejc, V. "*Least Squares in Identification Theory*", *Kybernetika* vol. 13, no. 2, 1977.

[20] UNAIDS, “*Joint United Nations Programme on HIV/AIDS*”
<http://www.unaids.org>



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

®

DIRECCIÓN GENERAL DE BIBLIOTECAS

