

# **ESCUELA POLITÉCNICA NACIONAL**

## **FACULTAD DE INGENIERÍA ELÉCTRICA Y ELECTRÓNICA**

**ANÁLISIS Y SIMULACIÓN EN PROCESOS DE PROPAGACIÓN  
REPRESENTADOS COMO SISTEMAS MULTIAGENTES  
ESTUDIAR Y APLICAR UN ALGORITMO DE CONTROL EN  
PROCESOS DE PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES**

**TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR PRESENTADO COMO  
REQUISITO PARA LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERO EN  
ELECTRÓNICA Y AUTOMATIZACIÓN**

**CARLOS DAVID PÁEZ VILLACÍS**

**carlos.paez@epn.edu.ec**

**DIRECTOR: Dra. JACKELINE ABAD TORRES**

**jackeline.abad@epn.edu.ec**

**DMQ, abril 2024**

## **CERTIFICACIONES**

Yo, Carlos David Páez Villacís declaro que el trabajo de integración curricular aquí descrito es de mi autoría; que no ha sido previamente presentado para ningún grado o calificación profesional; y, que he consultado las referencias bibliográficas que se incluyen en este documento.

---

**CARLOS DAVID PÁEZ VILLACÍS**

Certifico que el presente trabajo de integración curricular fue desarrollado por Carlos David Páez Villacís, bajo mi supervisión.

---

**Dra. JACKELINE ABAD TORRES**  
**DIRECTOR**

## **DECLARACIÓN DE AUTORÍA**

A través de la presente declaración, afirmamos que el trabajo de integración curricular aquí descrito, así como el producto resultante del mismo, son públicos y estarán a disposición de la comunidad a través del repositorio institucional de la Escuela Politécnica Nacional; sin embargo, la titularidad de los derechos patrimoniales nos corresponde a los autores que hemos contribuido en el desarrollo del presente trabajo; observando para el efecto las disposiciones establecidas por el órgano competente en propiedad intelectual, la normativa interna y demás normas.

CARLOS PÁEZ

Dra. JACKELINE ABAD

## **DEDICATORIA**

Dedico el resultado de este proyecto a mi familia: mis hermanas Erika y Lisette, y a mis padres, Wilma y Carlos, el apoyo de todos ellos ha sido incondicional en cada momento.



## **AGRADECIMIENTO**

Mi eterno agradecimiento a la Escuela Politécnica Nacional, a sus docentes que con mucha vocación y profesionalismo me han proporcionado los conocimientos y brindado las herramientas para consolidar mi formación en ingeniería. Un agradecimiento especial a la doctora Jackeline Abad por su eficiente guía en el desarrollo, proceso y satisfactoria culminación de este importante proyecto.

Adicionalmente, mi gratitud a todas esas personas que han formado parte de mi vida a lo largo de estos años de estudio; ya que, gracias a su compañía, momentos y experiencias vividas, han ayudado a dar color a mi existencia; menciono así, a mis amigos y familia.

Finalmente, un excepcional reconocimiento a mis padres por siempre estar junto a mí en los momentos más duros y en los más felices, gracias a ellos soy el ser humano que soy. Verlos felices y orgullosos es mi mayor motivación para seguir adelante y triunfar en la vida.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

CERTIFICACIONES.....	I
DECLARACIÓN DE AUTORÍA.....	II
DEDICATORIA.....	III
AGRADECIMIENTO.....	IV
RESUMEN .....	VII
ABSTRACT .....	VIII
1 INTRODUCCIÓN .....	1
1.1 OBJETIVO GENERAL .....	1
1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	1
1.3 ALCANCE .....	2
1.4 MARCO TEÓRICO.....	2
1.4.1 MODELOS DE PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES.....	3
1.4.2 MODELO SEIR.....	3
1.4.3 MODELO SIR .....	4
1.4.4 MODELO LINEAL SIR EN ESPACIO DE ESTADOS .....	7
1.4.5 SISTEMAS MULTIAGENTES (SMA).....	8
1.4.6 TEORÍA DE GRAFOS .....	8
2 METODOLOGÍA.....	13
2.1 DISEÑO DEL CONTROLADOR PARA EL SISTEMA.....	14
2.1.1 USO DEL CONTROLADOR LOCAL.....	14
2.1.2 MODELO EN LAZO ABIERTO .....	15
2.1.3 MODELO EN LAZO CERRADO .....	17
2.2 MODELO DE SIMULACIÓN .....	19
2.2.1 GENERACIÓN DEL GRAFO PARA EL SISTEMA MULTIAGENTE	20
2.2.2 IMPLEMENTACIÓN DEL MODELO MULTIAGENTE.....	24
2.2.3 IMPLEMENTACIÓN DEL CONTROL .....	26
3 RESULTADOS, CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	29
3.1 RESULTADOS.....	29
3.1.1 MODELO DEL GRAFO PARA EL SMA.....	29
3.1.2 PARÁMETROS SIR LINEAL.....	33
3.1.3 MODELO SMA EN LAZO ABIERTO.....	35
3.1.4 MODELO SMA EN LAZO CERRADO .....	39

3.1.5	ANÁLISIS ISE.....	45
3.1.6	PRUEBAS SIR CON PERTURBACIÓN EN LAZO CERRADO .....	46
3.2	CONCLUSIONES.....	49
3.3	RECOMENDACIONES .....	50
4	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	52
5	ANEXOS.....	55

## RESUMEN

En el proyecto se realiza una revisión bibliográfica detallada para explorar modelos matemáticos de propagación de enfermedades infecciosas, se selecciona el modelo SIR lineal por su claridad en ilustrar tendencias generales de la propagación. Paralelamente, en este trabajo se emplea el modelo SI multiagente, enfocándose en la infección activa sin considerar la fase de recuperación, para destacar la relevancia de factores geográficos y de interacción poblacional. Este último incorpora la dispersión espacial usando una matriz Laplaciana según la metodología de Murray. La simulación utiliza el modelo SI y un controlador local, complementada con un análisis del índice de error cuadrático integral (ISE) para valorar su eficiencia. Se aplica el método de diferencias finitas a las ecuaciones del modelo SI, configurando los parámetros basados en datos reales. Además, se utiliza un controlador proporcional-integral (PI), para mejorar la salida y disminuir el error del proceso. En un estudio de 60 días abarcando cuatro provincias del Ecuador, se identifican patrones de infección y se observa una tendencia del sistema hacia un equilibrio estable. Adicionalmente, se analiza la respuesta del sistema a perturbaciones: el sistema con controlador PI presenta un ISE menor y reduce el pico máximo de infectados más rápidamente que un sistema sin control ante una perturbación del 15%, destacando así la eficacia del controlador PI. Finalmente, en todas las provincias analizadas, el modelo SI con controlador PI revela un número reproductivo básico  $R_0$  menor a 1, lo que concluye que la enfermedad no se propaga de forma sostenible y eventualmente disminuirá en la población.

**PALABRAS CLAVE:** modelo en espacio de estados, modelos de propagación de enfermedades, teoría de grafos, sistemas multiagentes.

## ABSTRACT

In the project, a detailed literature review is conducted to explore mathematical models of the spread of infectious diseases. The linear SIR model is chosen for its clarity in illustrating general trends in the spread. At the same time, in this work the multi-agent SI model is used, focusing on active infection without considering the recovery phase, to stand out the relevance of geographical factors and population interaction. The latter incorporates spatial dispersion using a Laplacian matrix according to Murray's methodology. The simulation uses the SI model and a local controller, complemented by an analysis of the integral squared error index (ISE) to assess its efficiency. The finite difference method is applied to the equations of the SI model, setting the parameters based on real data. In addition, a proportional-integral (PI) controller is used to improve the output and reduce the process error. In a 60-day study covering four provinces in Ecuador, infection patterns are identified and a system trend towards a stable equilibrium is observed. Additionally, the response of the system to disturbances is analyzed: the system with a PI controller has a lower ISE and reduces the maximum peak of infected more quickly than a system without control when faced with a disturbance of 15%, thus highlighting the effectiveness of the PI controller. Finally, in all analyzed provinces, the SI model with PI controller reveals a basic reproductive number  $R_0$  less than 1, which concludes that the disease is not spreading sustainably and will eventually decrease in the population.

**KEYWORDS:** state space model, disease propagation models, graph theory, multi-agent systems

# 1 INTRODUCCIÓN

Con el crecimiento de la población humana, la propagación de enfermedades ha venido siendo un problema debido al aumento de contactos entre las personas. La movilidad de personas entre diversas poblaciones favorece a la propagación de enfermedades entre diferentes lugares del mundo [1]. Un ejemplo de este problema empezó en 2019 con el COVID-19, la cual es una enfermedad respiratoria que ataca al sistema respiratorio, tal enfermedad empezó en Wuhan, China y llegó a expandirse a todo el mundo hasta convertirse en pandemia, hasta la fecha se siguen registrando casos de este virus, pero se tiene un mejor control de este [2].

Las enfermedades infecciosas se pueden transmitir a través de contacto directo, indirecto, y a través del aire y secreciones, para todos estos casos debe haber un mínimo de dos personas: el huésped del virus o bacteria y la persona a infectar [3]. Una persona puede ser capaz de infectar a varios individuos potenciando la propagación de enfermedades en un solo sitio, el problema surge cuando esta persona se moviliza de su lugar habitual hacia otra población causando una rápida difusión de enfermedades entre diversas regiones del mundo. Los expertos han desarrollado modelos matemáticos para predecir y visualizar el comportamiento de enfermedades infecciosas basados en la teoría de grafos [1].

En el presente proyecto, se investigará la propagación de enfermedades infecciosas en diversas poblaciones utilizando modelos matemáticos y teoría de grafos. Mediante la representación gráfica de poblaciones como nodos y vértices, y la exploración de sus interconexiones, se busca comprender mejor estas relaciones. El análisis de un grafo y su matriz asociada permitirá un estudio más eficaz de sistemas multiagentes [4]. Posterior al análisis, se aplicará un algoritmo de control para el modelo definido con el objetivo de evidenciar la influencia de tal algoritmo en el proceso de propagación de la enfermedad y comparar estos resultados con los que se obtendrían en el sistema sin la implementación de un algoritmo de control, todo esto se realizará mediante un software de simulación.

## 1.1 OBJETIVO GENERAL

El objetivo general consiste en aplicar un algoritmo de control para un modelo matemático de propagación de enfermedades infecciosas.

## 1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Los objetivos específicos del proyecto son:

- Realizar la búsqueda bibliográfica sobre procesos de propagación de enfermedades.
- Escoger un modelo matemático de propagación de enfermedades para varias poblaciones.
- Determinar un modelo en espacio de estados para representar la propagación de enfermedades desde el punto de vista de sistemas multiagentes.
- Simular el modelo en espacio de estados del proceso de propagación de enfermedades.
- Aplicar un algoritmo de control al proceso de propagación de enfermedades.

### **1.3 ALCANCE**

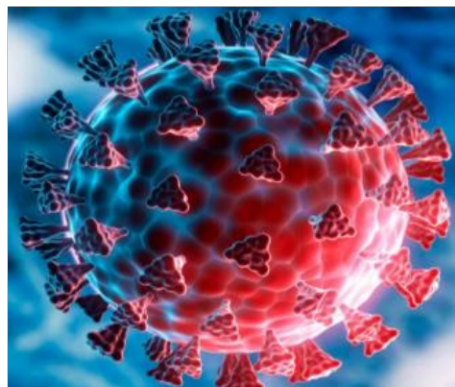
- Se determinará un modelo matemático de la propagación de enfermedades infecciosas con el cual se trabajará para visualizar su comportamiento mediante gráficas con los estados de la enfermedad a través del tiempo dentro de un software de simulación.
- Se simulará el modelo linealizado del proceso de propagación de enfermedades desde la perspectiva multiagentes con al menos veinte agentes.
- Se implementará un controlador local y simulará el modelo matemático del sistema en lazo cerrado.
- Se analizará el desempeño del controlador desarrollado mediante los resultados obtenidos del modelo matemático con y sin el algoritmo de control dentro de un software de simulación.
- Se desarrollará el documento escrito.

### **1.4 MARCO TEÓRICO**

Esta sección comprende una revisión general sobre los modelos de propagación de enfermedades, teoría de grafos y sistemas multiagentes.

### 1.4.1 MODELOS DE PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES

Las enfermedades infecciosas, que pueden variar desde afecciones leves hasta potencialmente mortales, son causadas por diversos patógenos como bacterias, virus, hongos y parásitos. Estos patógenos pueden propagarse a través del contacto directo con personas infectadas, objetos contaminados o picaduras de insectos. Para prevenir su propagación y reducir el riesgo de enfermedad, es esencial tomar medidas preventivas como la vacunación y el lavado regular de manos [5]. Actualmente, la enfermedad causada por el Coronavirus (ver Figura 1.1), detectado en diciembre de 2019 en Wuhan - China, se ha extendido de persona a persona y, además, existe la posibilidad de transmisión desde animales, tales como la civeta y el camello africano. Este virus causa síntomas como fiebre, tos y puede llevar a enfermedades graves como neumonía y la muerte [6].



**Figura 1.1.** Coronavirus CoV

La propagación de enfermedades infecciosas es una preocupación constante debido a su potencial impacto en diversas áreas, abarcando lo social, económico y político. En este escenario, los modelos matemáticos desempeñan un papel crucial al ofrecer una representación organizada de estos problemas. Estos modelos amplían nuestro conocimiento sobre la dinámica de las enfermedades infecciosas, lo que, a su vez, facilita la adopción de decisiones fundamentadas para abordar y controlar la propagación de dichas enfermedades. Además, para un análisis más detallado, se consideran diversos grupos dentro de la población, como susceptibles S, expuestos E (con o sin síntomas), infectados I, recuperados R, vacunados V, aislados A, diagnosticados D, entre otros, de acuerdo con las características de la enfermedad en cuestión [7].

### 1.4.2 MODELO SEIR

El modelo SEIR es un enfoque epidemiológico que divide a la población en cuatro grupos distintos, según su estado con relación a una enfermedad infecciosa. Comienza con individuos susceptibles (S), quienes se infectan y pasan a un estado de exposición (E) antes de convertirse en personas infectadas (I). Los individuos infectados pueden contagiar

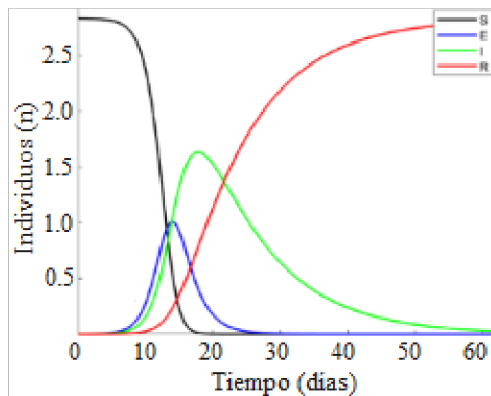


a otros, y posteriormente, las personas pueden desarrollar inmunidad (R) o, lamentablemente, fallecer debido a la enfermedad. Una particularidad de este modelo es que mantiene constante la población total (N) y se describe a través de la Ecuación 1.1 [8].

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta SI \\ \dot{E}(t) = \beta SI - \sigma E \\ \dot{I}(t) = \sigma E - \gamma I \\ \dot{R}(t) = \gamma I \\ N = S + E + I + R \end{cases}$$

**Ecuación 1.1.** Ecuaciones diferenciales no lineales SEIR

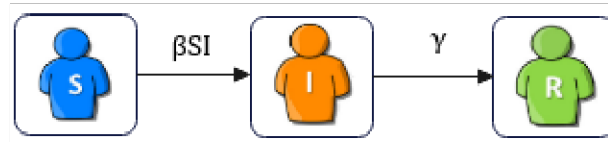
Donde  $\beta$  representa la tasa de transmisión, la cual se determina a través de estudios epidemiológicos y análisis de datos, esta varía dependiendo del tipo de enfermedad, la población afectada y las medidas de control implementadas. En cambio, la tasa de recuperación  $\gamma$  se calcula como la razón entre el número de total de individuos recuperados y el tiempo promedio de recuperación [9]. Por último, la tasa de exposición  $\sigma$  se establece como el inverso del periodo de incubación. La evolución de este modelo se ilustra en la Figura 1.2 [8].



**Figura 1.2.** Dinámica del modelo SEIR

**1.4.3 MODELO SIR**

El modelo no lineal SIR implica el análisis de diversas categorías de individuos dentro de una población. Estas categorías incluyen 1) a los susceptibles (S), que son personas que aún no han contraído la enfermedad, pero tienen la posibilidad de infectarse; 2) a los infectados (I), quienes portan y transmiten la enfermedad; y 3) a los recuperados (R). En la Figura 1.3, se presenta un modelo básico que no considera la mortalidad de los individuos. Además, se aplica la suposición de "acción de masas", que asume que la infección se propaga de manera continua y uniforme en la población, sin tener en cuenta interacciones específicas entre individuos. Bajo esta suposición, la transición de personas (S) a la (I) se determina mediante el término  $\beta SI$  [9].



**Figura 1.3.** Modelo SIR

En la Ecuación 1.2 se observa el modelo continuo, el cual está dado por el sistema de ecuaciones diferenciales no lineales [9]. Es relevante destacar que una persona que se ha recuperado puede volver a ser susceptible después de cierto tiempo si su sistema inmunológico no ha adquirido una carga viral suficiente [10].

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta SI \\ \dot{I}(t) = \beta SI - \gamma I \\ \dot{R}(t) = \gamma I \end{cases}$$

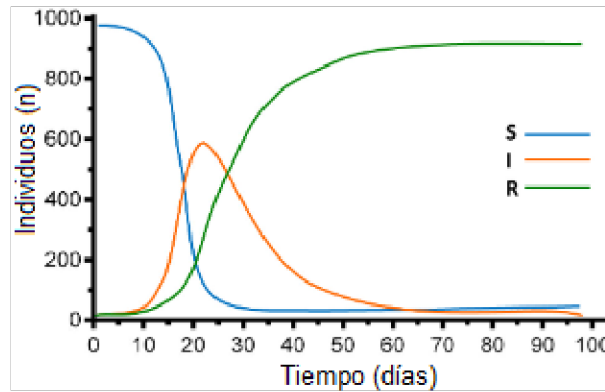
**Ecuación 1.2.** Ecuaciones diferenciales no lineales SIR

Desde una perspectiva médica, el desencadenamiento de una epidemia está vinculado a la relación entre los parámetros epidemiológicos  $\beta$  y  $\gamma$ . La expresión  $\beta S - \gamma$  debe ser mayor a cero, para que ocurra una epidemia en el tiempo  $t = 0$  y  $S = 1$ , visto en la Ecuación 1.3 [11].

$$\beta S - \gamma > 0 \text{ si: } t = 0 \text{ y } S = 1$$

**Ecuación 1.3.** Desencadenamiento de una epidemia

El número básico de reproducción  $R_0$ , es una medida clave en epidemiología que se relaciona con el modelo SIR de la propagación de enfermedades infecciosas.  $R_0$  representa la cantidad promedio de infecciones secundarias que resultan de un individuo (I) en una población completamente susceptible, es decir, en una población donde nadie tiene inmunidad y se calcula como la razón de  $\beta/\gamma$ . La interpretación de  $R_0$  es que, si su valor es mayor que 1, la enfermedad tiende a propagarse en la población, lo que indica un posible brote epidémico. En cambio, si  $R_0 \leq 1$ , la enfermedad no se propaga de manera sostenible y eventualmente disminuirá en la población. De manera concisa, la Figura 1.4 ilustra la evolución de las poblaciones de individuos (S), (I) y (R) a lo largo del tiempo [12].



**Figura 1.4.** Modelo SIR de la pandemia por COVID-19

No obstante, debido a su naturaleza no lineal, la resolución del problema se vuelve más compleja. Para abordar esta complejidad, se emplea un modelo lineal SIR, estableciendo un sistema por compartimentos que da lugar a la Ecuación 1.4 [13].

$$\dot{x}(t) = \text{razón de entrada} - \text{razón de salida}$$

**Ecuación 1.4.** Sistema básico de un compartimento

Esta ecuación permite describir cómo varía la cantidad de una sustancia en un compartimento en un momento dado  $x(t)$  y puede aplicarse para analizar la evolución de una población  $P(t)$ , empleando la Ecuación 1.5, conocida como la Ley de Malthus [13] para el crecimiento poblacional, siendo  $P_0$  la población inicial.

$$\begin{cases} \dot{P}(t) = \beta P(t) \\ P(0) = P_0 \\ \beta > 0 \end{cases}$$

**Ecuación 1.5.** Ley de Malthus para el crecimiento de poblaciones

Si múltiples especies interactúan y compiten entre sí, las poblaciones evolucionan mediante un sistema de ecuaciones diferenciales (ver Ecuación 1.6). En este problema, un modelo simplificado parte de las hipótesis [14]:

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta S \\ \dot{I}(t) = \beta S - \gamma I \\ \dot{R}(t) = \gamma I \end{cases}$$

**Ecuación 1.6.** Ecuaciones diferenciales lineales SIR

- La tasa de cambio de la población de individuos susceptibles es proporcional a su número, es decir,  $\dot{S}(t) = -\beta S$ .

- Dado que los susceptibles pueden infectarse, la tasa de cambio de la población de infectados es la diferencia, en un intervalo de tiempo, entre los nuevos infectados y aquellos que se vuelven resistentes o inmunes ( $\dot{I}(t) = \beta S - \gamma I$ ).
- Por último, la tasa de cambio de los resistentes es igual a la disminución de infectados, de manera que  $\dot{R}(t) = \gamma I$ .

Al modelo SIR se le agrega una tasa de vacunación  $v$  en función de la población  $N$ , tal como se indica en la Ecuación 1.7.

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta S - Nv \\ \dot{I}(t) = \beta S - \gamma I \\ \dot{R}(t) = \gamma I + Nv \end{cases}$$

**Ecuación 1.7.** Modelo SIR lineal con tasa de vacunación por población

#### 1.4.4 MODELO LINEAL SIR EN ESPACIO DE ESTADOS

La elección entre los modelos, lineal SIR y no lineal SEIR dependen de la naturaleza específica de la enfermedad infecciosa y de los objetivos del análisis. En este caso particular, se selecciona el modelo lineal SIR debido a su simplicidad y facilidad en la implementación. Esto lo convierte en una elección adecuada para abordar estudios a gran escala y alcanzar los objetivos del trabajo.

Las ecuaciones diferenciales del modelo lineal SIR pueden ser expresadas en el espacio de estados. Para ello, se utiliza la Ecuación 1.8, que incorpora la forma estándar del espacio de estados para modelar sistemas dinámicos. En este marco, la señal de entrada  $u(t)$  desempeña un papel crucial al influir o controlar el comportamiento del sistema. Por otro lado, la señal de salida  $y(t)$  proporciona una representación de la respuesta o el comportamiento observable del sistema. Por último, la variable de estado  $x(t)$  ofrece una descripción del estado interno del sistema en un momento dado [15].

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = Ax(t) + Bu(t) \\ y(t) = Cx(t) + Du(t) \end{cases}$$

**Ecuación 1.8.** Modelo en espacio de estados

Mediante la Ecuación 1.5, se toman  $S$ ,  $I$  y  $R$  como las variables de estado por lo que  $x = [S, I, R]$ , el cual sus matrices  $A$ ,  $B$ ,  $C$  y  $D$  se determinan bajo la expresión de la Ecuación 1.9; donde:

$$A = \begin{bmatrix} -\beta & 0 & 0 \\ \beta & -\gamma & 0 \\ 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix} \quad B = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad D = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

**Ecuación 1.9.** Matrices en espacio de estados

- La matriz A describe cómo evolucionan las variables de estado en función de ellas mismas, sin entradas de control. En otras palabras, es la matriz de coeficientes de las derivadas de las variables de estado con respecto a sí mismas.
- La matriz B describe cómo las entradas de control afectan a las variables de estado.
- La matriz C describe cómo se obtienen las salidas del sistema (si las hubiera) a partir de las variables de estado. En este caso, se opta que las salidas sean simplemente las mismas variables de estado.
- Finalmente, la matriz D describe cómo las entradas de control afectan directamente a las salidas. Si no se tiene salidas adicionales o entradas de control, la matriz es cero.

**1.4.5 SISTEMAS MULTIAGENTES (SMA)**

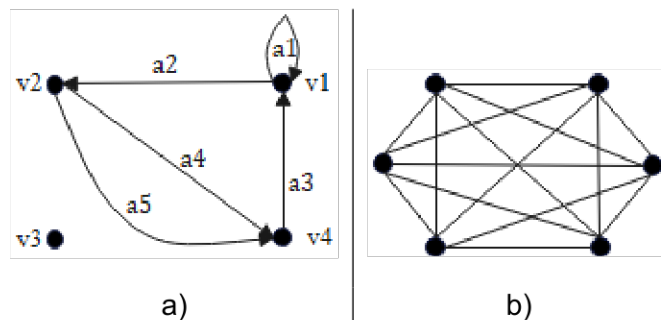
Los SMA se fundamentan en la interacción y comunicación entre múltiples agentes autónomos para resolver problemas o llevar a cabo tareas complejas [16]. En el ámbito de las enfermedades infecciosas, los SMA pueden abordar diversas cuestiones, incluyendo:

- Modelación y simulación: se utilizan para crear modelos detallados y realistas de la propagación de enfermedades infecciosas en una población [11]. Cada agente individual representa a una población y su comportamiento, lo que incluye el contacto a otras poblaciones. Esto facilita la comprensión de la propagación de la enfermedad y el impacto de diversas estrategias de control.
- Toma de decisiones y políticas de control: los SMA son útiles para tomar decisiones sobre estrategias de control de enfermedades infecciosas. Los agentes pueden simular diversos escenarios como las campañas de vacunación que impactan en la propagación de la enfermedad y la carga en el sistema de salud [16].

**1.4.6 TEORÍA DE GRAFOS**

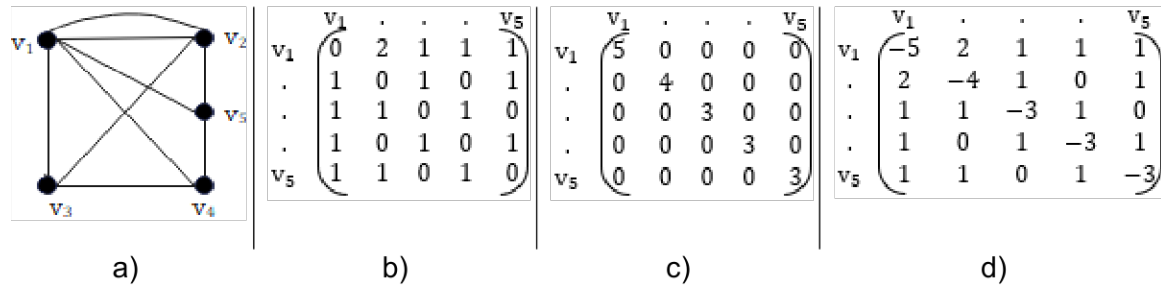
La teoría de grafos es una herramienta matemática utilizada en diversos campos, como química, diseño industrial, electrónica e informática [17]. Consiste en representación de las interacciones y conexiones entre estas poblaciones como nodos y aristas en un grafo. Cada población se modela como un nodo en el grafo, y las relaciones entre las poblaciones se reflejan mediante las aristas. A continuación, se mencionan algunos conceptos básicos:

- Un grafo  $G = (V, a)$  consiste en vértices o nodos y aristas o ejes. En un grafo no dirigido, una arista  $a = \{u, v\}$  conecta los vértices  $u$  y  $v$  sin dirección específica. En cambio, en un grafo dirigido, la arista  $A$  indica una conexión del vértice  $u$  a  $v$  [17]. En la Figura 1.5.a), se muestra un ejemplo de un grafo  $G$  con 4 vértices ( $v_1, v_2, v_3, v_4$ ) y 5 aristas ( $a_1, a_2, a_3, a_4, a_5$ ). Además, un grafo tiene aristas múltiples o paralelas cuando conecta el mismo par de nodos, como  $\{v_1, v_2\}$ , lo que significa múltiples conexiones entre los mismos nodos.
- Un grafo simple se considera completo cuando todos los vértices están conectados directamente entre sí [17], tal como se ilustra en la Figura 1.5.b).



**Figura 1.5.** Grafo a) dirigido y b) completo

- Las conexiones en una red o grafo (ver Figura 1.6.a) pueden ser representados a través de [17]:
  - Una matriz de adyacencia  $F$  (ver Figura 1.6.b) que describe las conexiones entre los nodos en un grafo. Si hay una conexión entre los nodos  $i$  y  $j$ , entonces  $F_{ij}$  es 1; de lo contrario es 0.
  - La matriz  $H$  (ver Figura 1.6.c) posee los grados de los nodos en la diagonal y ceros en otras posiciones. El grado de un nodo es simplemente la suma de las conexiones que tiene.
  - La matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$  (ver Figura 1.6.d) se define como la diferencia de las matrices  $F$  y  $H$ . Es una matriz simétrica donde los elementos diagonales son los grados de los nodos con signo negativo y los elementos fuera de la diagonal corresponden a los valores de  $F$ .  $\mathcal{L}$  tiene propiedades importantes en teoría de grafos y análisis de sistemas dinámicos. En los sistemas dinámicos, se utiliza para modelar la difusión y la conectividad entre nodos.



**Figura 1.6.** a) Grafo con matriz de a) adyacencia y b) Laplaciana

La teoría de grafos se aplica en sistemas multiagente SIR para capturar y analizar las interacciones espaciales entre individuos, lo que resulta esencial para modelar y comprender la propagación de enfermedades infecciosas en un entorno geográfico y para diseñar estrategias efectivas de control.

Los modelos no lineales SIR, definidos en las Ecuaciones 1.9 y 1.10, se enfocan exclusivamente en los individuos S e I, excluyendo las personas R de su dinámica. Luego, se puede introducir una red geográfica que conecta ciudades a través de carreteras, lo que agrega un componente espacial que transforma  $(S, I)$  en vectores  $(\vec{S}, \vec{I})$ , eliminando R. Este enfoque guarda similitud con el modelo propuesto por Murray [18], que introduce la dispersión espacial en un modelo SI mediante un término laplaciano continuo  $\sum_{k \sim i} (S_k - S_i)$ . La evolución de los individuos  $(S, I)$  en una ciudad  $i$  dentro de un modelo que involucra  $n$  ciudades se describe mediante la Ecuación 1.10; donde  $N_i$  representa la población para ciudad  $i$ , el término del sumatorio refleja las interacciones con las ciudades vecinas  $k$  de  $i$  y  $\varepsilon$  denota la constante de difusión [11].

$$\begin{cases} \dot{S}_i = -\beta \frac{S_i}{N_i} I_i + \varepsilon \sum_{k \sim i} (S_k - S_i) \\ \dot{I}_i = \beta \frac{S_i}{N_i} I_i - \gamma I_i + \varepsilon \sum_{k \sim i} (I_k - I_i) \end{cases}$$

**Ecuación 1.10.** Modelo SIR en una red geográfica

Si se considera que el desplazamiento de individuos entre ciudades es simétrico, se emplea la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$ , como se describe en la Ecuación 1.11. Esta matriz se utiliza para expresar las relaciones entre puntos o nodos en un grafo y típicamente se aplica en contextos relacionados con la propagación y el comportamiento de sistemas interconectados [11].

$$\begin{cases} \dot{\vec{S}} = \varepsilon \mathcal{L} \vec{S} - \beta \vec{S} \vec{I} \\ \dot{\vec{I}} = \varepsilon \mathcal{L} \vec{I} + \beta \vec{S} \vec{I} - \gamma \vec{I} \\ \vec{S} = (S_1, S_2, \dots, S_n)^T \\ \vec{I} = (I_1, I_2, \dots, I_n)^T \\ \vec{S} \vec{I} = (S_1 I_1, S_2 I_2, \dots, S_n I_n)^T \end{cases}$$

**Ecuación 1.11.** Modelo SIR con matriz Laplaciana

Los controladores en la teoría de control para sistemas multiagentes desempeñan un papel esencial en la coordinación y el comportamiento de estos sistemas. Estos sistemas se componen de múltiples agentes que interactúan entre sí y, en muchos casos, con su entorno. A continuación, se describen dos tipos de controladores:

- Un controlador adaptativo eficaz, el cual tiene como propósito abordar la propagación de la epidemia de COVID-19 en India, teniendo en cuenta la naturaleza no lineal de la transmisión y las incertidumbres asociadas al sistema. Este controlador es capaz de ajustar la tasa de contacto de la enfermedad con el fin de reducir la población infectada a cero, y lo logra mediante la implementación de una ley de adaptación basada en el teorema de Lyapunov, lo que le permite abordar eficazmente las incertidumbres, inestabilidades y divergencias inherentes al modelo. Su desempeño fue evaluado a través de simulaciones en el modelo de transmisión de COVID-19, que considera su naturaleza no lineal e incierta [19].
- La aplicación de la técnica de control Proporcional-Integral-Derivativo (PID) y la implementación del método directo simple de Euler aplicado a la epidemiología, específicamente en el modelo SIR no lineal, busca proporcionar una comprensión más precisa y eficaz de la propagación de la COVID-19. Esta aproximación permite ajustar de manera efectiva las políticas de contención en un delicado equilibrio entre los daños económicos, la capacidad del sistema de salud y la preservación de vidas humanas. Sin embargo, es importante destacar que la implementación de medidas como el distanciamiento social y el confinamiento puede introducir inestabilidades en los números de infectados en torno a niveles hospitalarios considerados aceptables [20].

Por último, en la Tabla 1.1 se describe una comparación de estos controladores.



**Tabla 1.1.** Controladores PID y adaptativo eficaz

Aspectos	PID	Adaptativo Eficaz
Simplicidad y facilidad	Estructura simple y fácil de implementar.	Más complejo en diseño e implementación, requiere un conocimiento profundo. Más difícil de ajustar.
Estabilidad	Intrínsecamente estable en una amplia gama de situaciones.	Puede ser susceptible a problemas de estabilidad, especialmente si no se sintoniza correctamente. Depende de la calidad del modelo del sistema.
Requisitos de rendimiento	Puede ser suficiente para cumplir con requisitos de rendimiento en muchos casos.	Elegido cuando se necesitan respuestas más flexibles y ajustadas a medida que las condiciones cambian con el tiempo.
Operación	Adecuado cuando las condiciones de operación son relativamente conocidas y estables.	Justificado cuando las condiciones del sistema son altamente variables y difíciles de modelar de manera precisa.

Entre los controladores mencionados, se elige el PID en lugar de uno adaptativo, basándose en el diseño simple y su capacidad para evitar problemas de estabilidad.

La selección de controladores P, PI o PID se basa en las características del sistema y las necesidades específicas de control. Estos controladores se diferencian en aspectos como la respuesta del sistema, el manejo del error, la precisión, la sensibilidad al ruido, la adecuación a sistemas con dinámicas lentas y su complejidad de diseño. Cada uno ofrece distintas ventajas en estos ámbitos, determinando su idoneidad para distintas aplicaciones, visto en la Tabla 1.2 [15].

**Tabla 1.2.** Características de los controladores P, PI y PID [15]

Rasgos	P	PI	PID
Respuesta	Rápida.	Más lenta que P.	Rápida.
Error	Puede dejar un error constante.	Reduce o elimina el error constante.	Minimiza el error tanto a corto como a largo plazo.
Precisión	Menos preciso debido al error residual.	Más preciso que P.	Muy preciso.

Sensibilidad al ruido	Menos sensible al ruido que PID.	Moderadamente sensible al ruido.	Sensible al ruido debido al componente derivativo.
Dinámicas lentas	Puede no se efectivo debido a la respuesta rápida y menos controlada.	Efectivo en sistemas con dinámicas lentas por su enfoque en la eliminación del error a largo plazo.	Puede ser demasiado reactivo para sistemas con dinámicas muy lentas.
Complejidad de diseño	Fácil de implementar y ajustar	Requiere un ajuste cuidadoso del término integral	Requiere un ajuste preciso de los términos P, I y D.
	Baja.	Moderada.	Alta.

El Índice de Error Cuadrático Integral (ISE) es una técnica clave en control de sistemas para evaluar la calidad de las respuestas, midiendo el error acumulado entre la salida del sistema y el valor de referencia. Según la Ecuación 1.12, un ISE bajo indica un control efectivo con errores mínimos, mientras que un valor alto apunta a un control ineficiente, caracterizado por desviaciones significativas y sostenidas del valor deseado [21].

$$ISE = \int (e_i(t))^2 dt$$

**Ecuación 1.12.** Señal de control

## 2 METODOLOGÍA

El proyecto se clasifica como una investigación deductiva, dado que emplea principios teóricos para analizar situaciones específicas, siguiendo un enfoque que va desde lo general hacia lo particular. En este proceso, se utiliza información precisa como punto de partida para llegar a conclusiones lógicas que tengan aplicaciones en situaciones concretas en la realidad [22].

En el ámbito de las enfermedades infecciosas, el empleo de enfoques multidisciplinarios y tecnológicos destaca de manera notable. Una de las metodologías emergentes en este campo es la generación de grafos en sistemas multiagentes, la implementación de modelos multiagentes y la incorporación del control local. Estos enfoques convergentes ofrecen una vía prometedora para comprender, simular y gestionar la propagación de enfermedades infecciosas de manera eficaz.

El diseño detallado en la Figura 2.1 cuenta con modelos SIR establecidos y linealizados para el proceso de propagación de enfermedades infecciosas, estos a su vez utilizan la teoría de grafos para analizar la relación que existe entre cada población y establecer el

sistema multiagente. Además, se aplica un algoritmo de control local a cada agente para evidenciar la influencia en el proceso de propagación.



**Figura 2.1.** Arquitectura general del modelo

## 2.1 DISEÑO DEL CONTROLADOR PARA EL SISTEMA

En esta sección, se abordan las expresiones relacionadas con el diseño y la simulación del controlador local, así como los modelos lineales SMA bajo las configuraciones de lazo abierto y cerrado, tanto en el enfoque de ecuaciones diferenciales como en la representación en variables de estado.

### 2.1.1 USO DEL CONTROLADOR LOCAL

La vacunación  $v$  es una medida de control crucial en la prevención y contención de enfermedades infecciosas. Consiste en administrar una vacuna a poblaciones para estimular la respuesta inmunitaria y generar inmunidad contra una enfermedad específica, lo que reduce la probabilidad de que esas personas contraigan la enfermedad o, si la contraen, experimenten síntomas graves [23].

El modelo SIR lineal se representa como un sistema multiagente, donde cada individuo (población de una ciudad) se considera un agente con su propio sistema SIR. Luego, se emplea la matriz Laplaciana, denotado como  $\mathcal{L}$ , para modelar las interacciones espaciales entre estos agentes, teniendo en cuenta la conectividad entre ellos, como se muestra en la

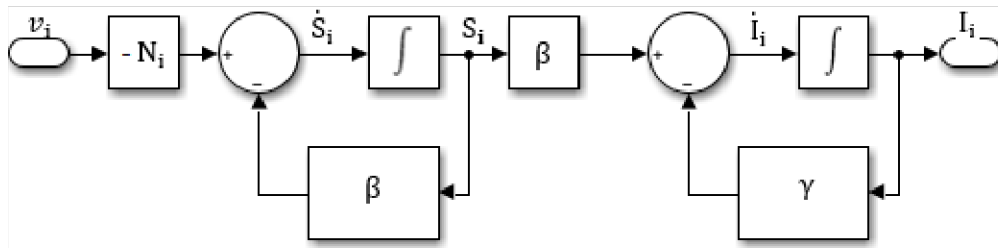
Ecuación 2.1. Esta metodología permite simular la propagación de la enfermedad entre agentes adyacentes, siendo influenciada por la estructura empleada en la teoría de grafos (ver sección 2.2.1). En esencia, este enfoque brinda la capacidad de modelar la difusión de la enfermedad en un contexto geográfico, considerando el efecto espacial en los procesos de infección y recuperación.

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = \varepsilon \mathcal{L}S - \beta S - Nv \\ \dot{I}(t) = \varepsilon \mathcal{L}I + \beta S - \gamma I \end{cases}$$

**Ecuación 2.1.** Modelo multiagentes SIRv con tasa de vacunación

### 2.1.2 MODELO EN LAZO ABIERTO

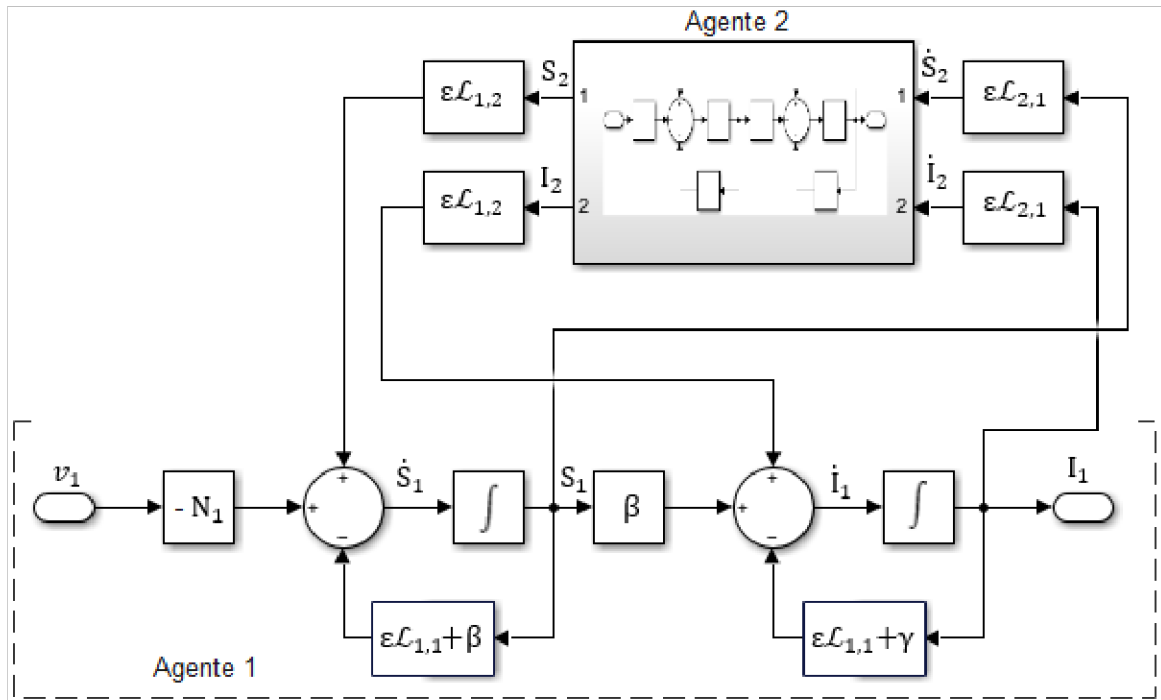
Cuando se representa el modelo SI, se tiene un punto de ajuste  $S_p$  igual a cero. Al observar un agente individual (ver Figura 2.2), su comportamiento se describe mediante un modelo lineal, expresado por la Ecuación 1.6, el cual no incluye la dinámica de las personas recuperadas (R).



**Figura 2.2.** Modelo SI en lazo abierto para un agente

Donde  $i = 1, \dots, n$ .

Una vez que se dispone del modelo con estructura multiagente, es crucial considerar las interacciones entre los distintos agentes (poblaciones) que están representadas en la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$ . En esta perspectiva, la Figura 2.3 presenta un ejemplo del diagrama de bloques que incorpora el modelo SI para dos agentes ( $i = 1, 2$ ).

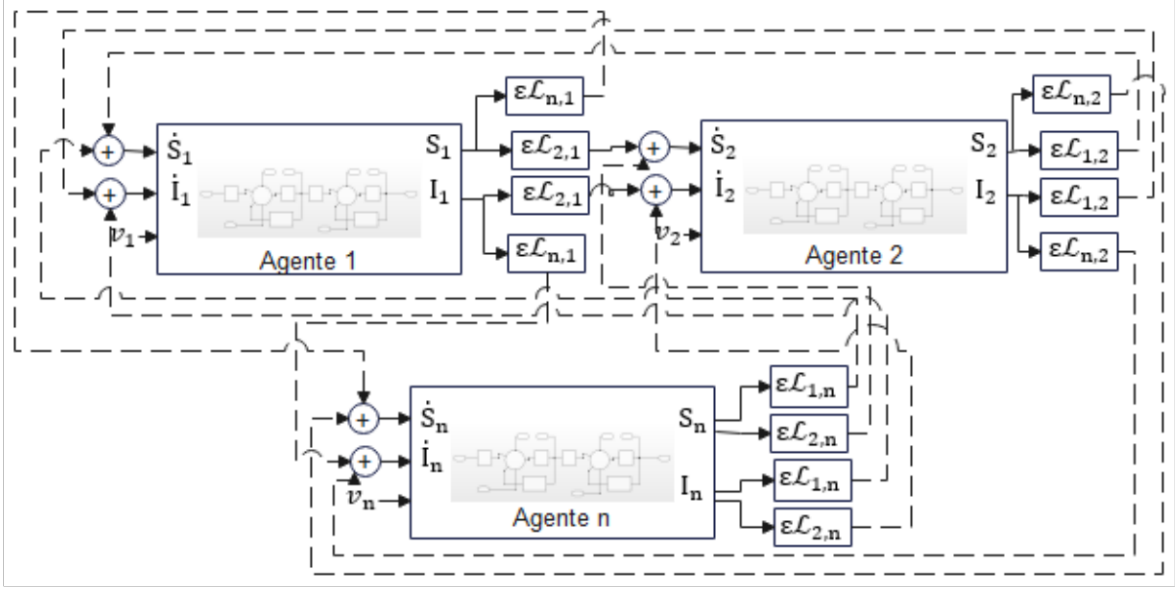


**Figura 2.3.** Modelo SI en lazo abierto para dos agentes

Cabe mencionar que el modelo se define en el espacio de estados, tomando como referencia las variables de entrada y de estado. Por tanto, el modelo SI con 2 agentes (ver Ecuación 2.2) se desarrolla de la siguiente manera:

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{I}_1 \\ \dot{I}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \varepsilon \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \mathcal{L}_{1,2} \\ \mathcal{L}_{2,1} & -\mathcal{L}_{2,2} \end{pmatrix} - \beta \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} & 0 \\ \beta \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} & \varepsilon \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \mathcal{L}_{1,2} \\ \mathcal{L}_{2,1} & -\mathcal{L}_{2,2} \end{pmatrix} - \gamma \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ S_2 \\ I_1 \\ I_2 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} N_1 & 0 \\ 0 & N_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \end{bmatrix}$$

A medida que el número de agentes crece (ver el ejemplo del Anexo 3), la red geográfica se expande hasta abarcar un total de n agentes, como se ilustra en la Figura 2.4.



**Figura 2.4.** SMA en lazo abierto para (n) agentes

Por último, en la Ecuación 2.2 se muestra el modelo en espacio de estados para (n) agentes.

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \vdots \\ \dot{S}_n \\ \dot{I}_1 \\ \vdots \\ \dot{I}_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \varepsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \beta E_{n \times n} & 0 \\ \beta E_{n \times n} & \varepsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \gamma E_{n \times n} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ \vdots \\ S_n \\ I_1 \\ \vdots \\ I_n \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} N_1 \\ \vdots \\ N_n \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} v_1 \\ \vdots \\ v_n \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix}$$

**Ecuación 2.2.** Espacio de estados del sistema multiagente SI en lazo abierto

Donde:

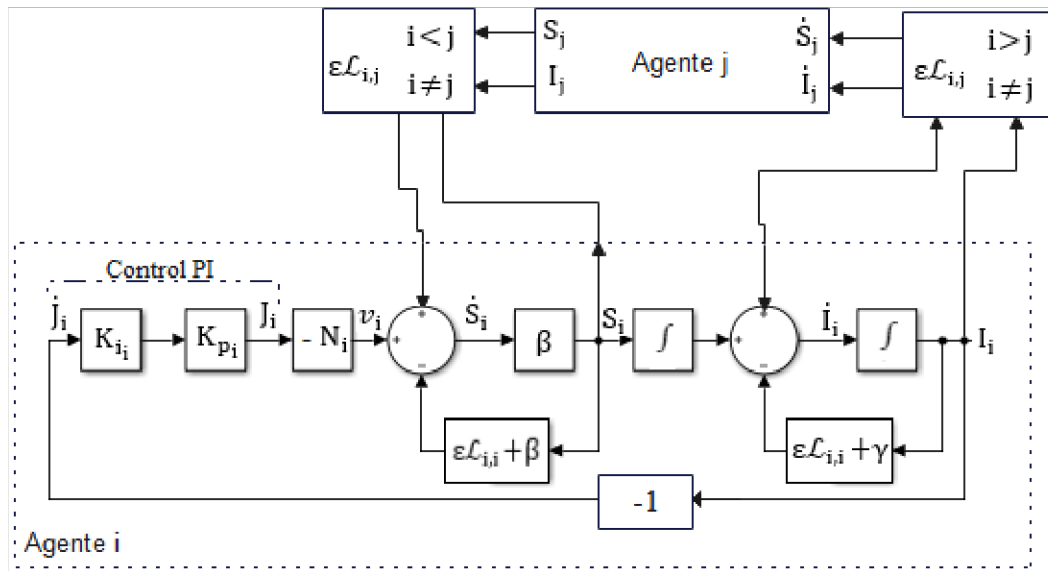
- $E_{n \times n}$  corresponde a la matriz identidad.
- $\mathcal{L}_{n \times n} = \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \dots & \mathcal{L}_{1,n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \mathcal{L}_{n,1} & \dots & -\mathcal{L}_{n,n} \end{pmatrix}$  es la matriz Laplaciana.
- $\mathbf{A} = \begin{bmatrix} \varepsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \beta E_{n \times n} & 0 \\ \beta E_{n \times n} & \varepsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \gamma E_{n \times n} \end{bmatrix}$
- $\mathbf{B} = - \begin{bmatrix} N_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & N_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & N_n \end{bmatrix}$

### 2.1.3 MODELO EN LAZO CERRADO

Los controladores PI, con sus dos únicos parámetros de ajuste, ofrecen una sintonización más sencilla y directa en contraste con los controladores PID, que incorporan un parámetro derivativo adicional (D). Esta simplificación conduce a una configuración del controlador

más ágil y eficiente. Particularmente en sistemas de respuesta lenta, la configuración de un controlador PI no solo resulta adecuada sino que también asegura una mayor estabilidad, evitando las complejidades adicionales asociadas al parámetro derivativo de los controladores PID [24].

El controlador PI compara continuamente la señal de referencia  $S_{p_i}$  con el número actual de infectados, generando una señal de control proporcional al error y sumando una componente integral para corregir desviaciones a lo largo del tiempo. Esta señal de control ajusta la dinámica del sistema SI multiagente, donde la interacción entre S e I define la evolución temporal de la enfermedad en diversas poblaciones, tal como se observa en la Figura 2.5.



**Figura 2.5.** Sistema de control SMA en lazo cerrado

Donde  $i = 1, \dots, n$  y  $j = 1, \dots, n$ .

El error en un sistema de control con un controlador PID se expresa de forma analítica como la diferencia entre las señales de referencia  $S_{p_i} = 0$  y salida  $I_i$ . Por tanto, el error  $e_i(t)$  se define bajo la expresión de la Ecuación 2.3.

$$e_i(t) = -I_i(t)$$

**Ecuación 2.3.** Error en el sistema de control

El sistema incorpora un controlador PI que consta de las constantes proporcionales  $K_{p_i}$  e integrales  $K_{i_i}$ , como se visualiza en la Ecuación 2.4.

$$v_i = K_{p_i} e_i(t) + K_{i_i} \int e_i(t) dt$$

**Ecuación 2.4.** Señal de control

Por lo tanto, para establecer las ecuaciones diferenciales en lazo cerrado del modelo SI, se introduce una nueva variable de estado  $J$ , que representa  $\int e(t)$  en el tiempo, y su derivada  $\dot{j}$  que corresponde a  $e(t)$ . La introducción de  $J$  y su derivada permite una descripción más completa de la dinámica del sistema en un control de tiempo continuo.

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = (\epsilon \mathcal{L} - \beta)S - N(K_p \dot{J} + K_i J) \\ \dot{I}(t) = \beta S + (\epsilon \mathcal{L} - \gamma)I \\ \dot{j}(t) = e(t) \end{cases}$$

**Ecuación 2.5.** Modelo multiagente SI en lazo cerrado

Las variables de entrada y de estado se muestran en la Ecuación 2.6.

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \vdots \\ \dot{S}_n \\ \dot{I}_1 \\ \vdots \\ \dot{I}_n \\ \dot{j}_1 \\ \vdots \\ \dot{j}_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \epsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \beta E_{n \times n} & N_n K_{p_n} E_{n \times n} & -N_n K_{i_n} E_{n \times n} \\ \beta E_{n \times n} & \epsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \gamma E_{n \times n} & 0 \\ 0 & -E_{n \times n} & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ \vdots \\ S_n \\ I_1 \\ \vdots \\ I_n \\ J_1 \\ \vdots \\ J_n \end{bmatrix}$$

**Ecuación 2.6.** Variables de estado en lazo cerrado

Donde:

$$A_{1c} = \begin{bmatrix} \epsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \beta E_{n \times n} & N_n K_{p_n} E_{n \times n} & -N_n K_{i_n} E_{n \times n} \\ \beta E_{n \times n} & \epsilon \mathcal{L}_{n \times n} - \gamma E_{n \times n} & 0 \\ 0 & -E_{n \times n} & 0 \end{bmatrix}$$

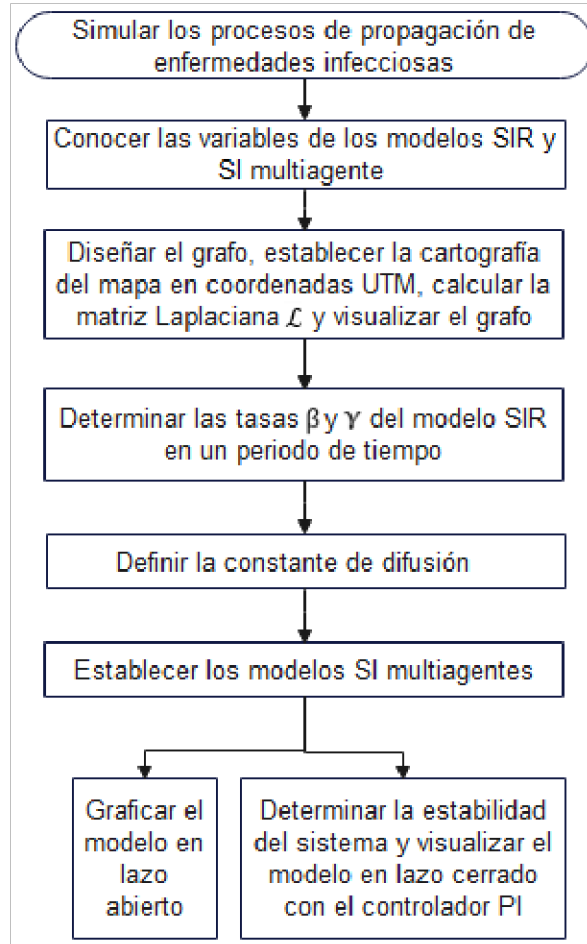
La estabilidad de un sistema de control en lazo cerrado  $\lambda(A_{1c})$  se determina mediante el análisis de los autovalores (eigenvalores) de la matriz asociada al sistema. Esta se obtiene al combinar la planta y el controlador, teniendo en cuenta la retroalimentación. Si todos los autovalores de la matriz  $A_{1c}$  tienen parte real negativa, entonces el sistema se considera estable [25].

## 2.2 MODELO DE SIMULACIÓN

El modelo de simulación (ver Figura 2.6) implica la creación de un grafo que representa el SMA, utilizando la cartografía de un país como base, donde cada ciudad es un nodo en el grafo. Luego, se procede a la implementación de dos componentes: el modelo lineal SIR



(ver Ecuación 1.5) y el modelo multiagente SI (ver Ecuación 2.1), además de la incorporación del control PI. Estos aspectos requieren la utilización de diversas librerías (ver Anexo 2) compatibles con Python para su ejecución y análisis.



**Figura 2.6.** Esquema general de la simulación del sistema multiagente

### 2.2.1 GENERACIÓN DEL GRAFO PARA EL SISTEMA MULTIAGENTE

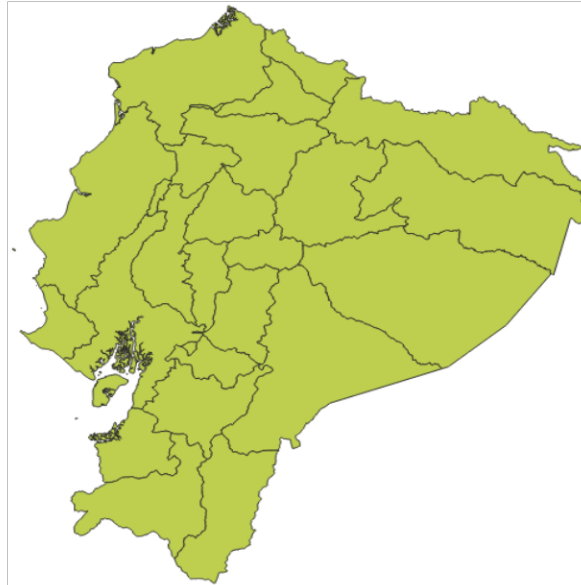
La implementación de la teoría de grafos en la creación del SMA se inicia utilizando la cartografía de un país, como se detalla en la Figura 2.7. No obstante, antes de adentrarse en el desarrollo del sistema, es crucial adquirir un entendimiento sólido de los conceptos fundamentales relacionados con el software QGIS.



**Figura 2.7.** Cartografía de un país

El sistema de información geográfica de carácter abierto QGIS es un software de código abierto, lo que significa que su código fuente es accesible y modificable por cualquier persona. Esto fomenta la colaboración, el desarrollo comunitario y la personalización según las necesidades del usuario. Además, presenta otras características, tales como [26]:

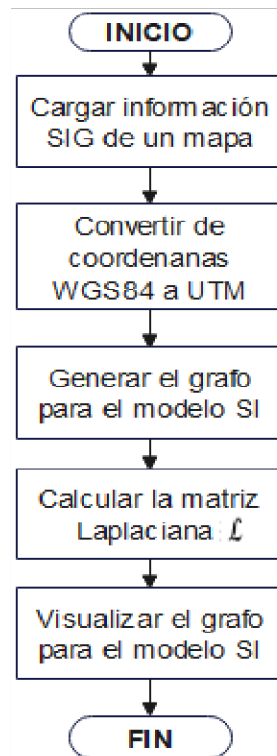
- Es compatible con diferentes sistemas operativos, como Windows, macOS y Linux, lo que lo hace accesible para una amplia gama de usuarios.
- Cuenta con una interfaz de usuario amigable y fácil de usar. Además, presenta un diseño intuitivo, el cual facilita la navegación y el acceso a las diversas funcionalidades del software.
- Permite crear, editar, gestionar y exportar datos representados como capas vectoriales.
- Realiza un análisis de los datos espaciales ya sea mediante muestreo, geometría, análisis vectorial y ráster.
- Visualización de datos vectoriales 2D o 3D en diferentes formatos PostGIS, MS SQL Spatial, JPEG, ArcInfo ASCII, etc.
- Componer mapas y explorar datos espaciales, visto en la Figura 2.8.



**Figura 2.8.** Cartografía de un país con QGIS

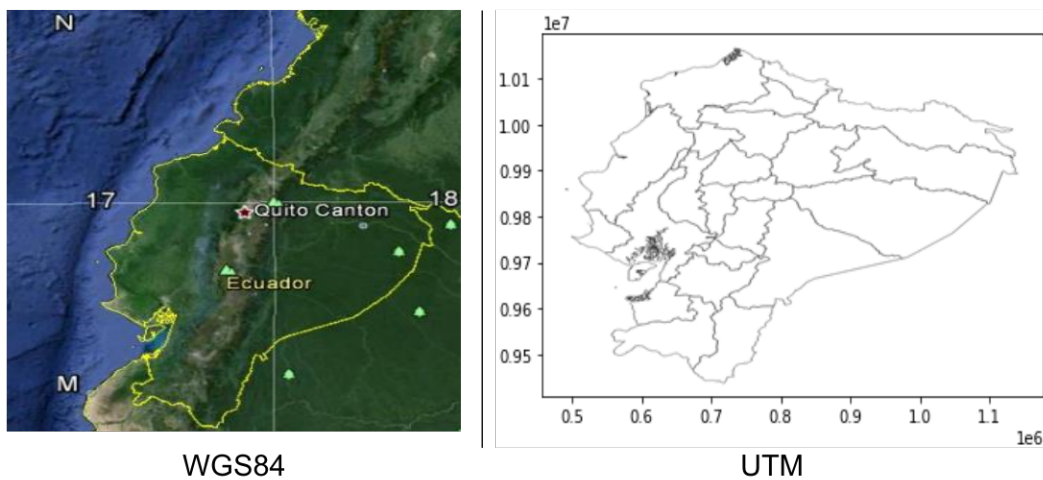
- Ofrece compatibilidad con Python para las secuencias de comandos.

El proceso de generación del grafo para el sistema multiagente engloba una serie de etapas que se despliegan desde la cartografía del país hasta la obtención del grafo y la matriz Laplaciana, tal como se denota en la Figura 2.9.



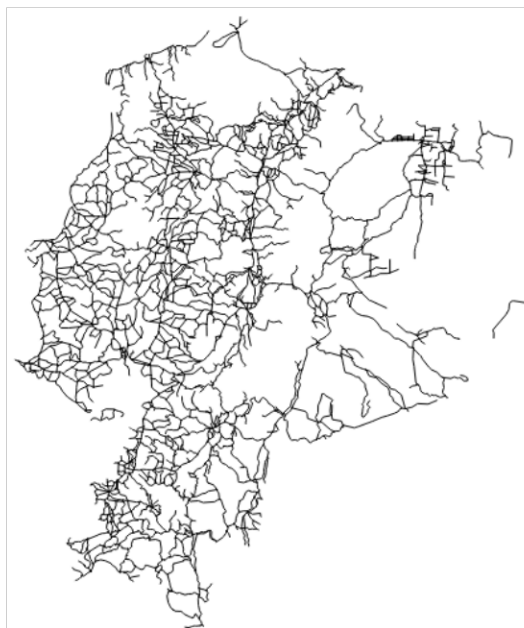
**Figura 2.9.** Generación del grafo para el sistema multiagente

El archivo Shapefile con extensión SHP, es un formato comúnmente utilizado en sistemas de información geográfica (SIG) para representar datos geoespaciales, como límites de regiones, carreteras, entre otros. Luego, se realiza un registro “shapeRecords ()” que contiene los valores correspondientes de cada campo y devuelve la geometría del mapa. Además, QGIS establece el objeto bajo el Sistema Geodésico Mundial 1984 “WGS84” (ver Figura 2.10.a), es decir, posee datos de latitud y longitud. Por tanto, estos se transforman en un sistema de coordenadas geográficas UTM (ver Figura 2.10.b) con el objeto de medir distancias con facilidad ya que realiza una proyección sobre una superficie cilíndrica.



**Figura 2.10.** Conversión de coordenadas a) WGS84 y b) UTM

El mapa de un país incluye una red de caminos tanto pavimentados como no pavimentados destinados al transporte vehicular, como se representa en la Figura 2.11.



**Figura 2.11.** Vías vehiculares de un país

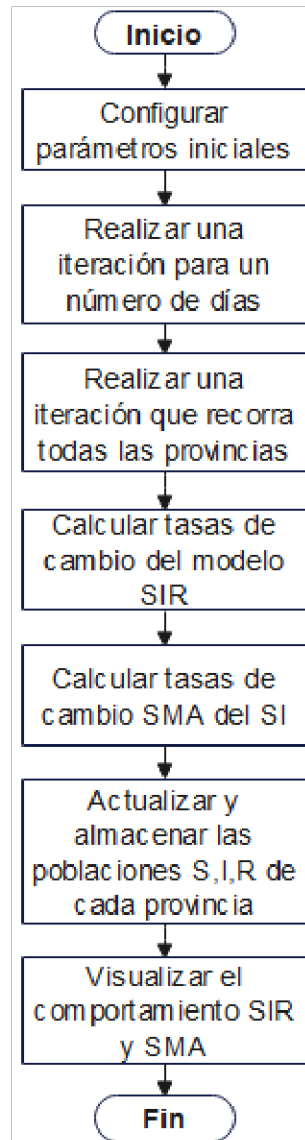
Luego, se calcula la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$ , donde cada fila y columna corresponde a un agente (población). Se asegura que el valor de la posición  $i, j$  sea igual al valor en la posición  $j, i$ . Por ejemplo, la cantidad de vías es la misma entre los agentes 1 y 2, indicando que  $\mathcal{L}_{1,2} = \mathcal{L}_{2,1}$  (ver Figura 3.2), y este patrón se repite para todas las posiciones de la matriz. Es relevante señalar que puede haber vías que no se crucen entre los agentes, por lo que su valor es cero.

$$\mathcal{L} = \begin{matrix} & \begin{matrix} \text{Agente 1} & \text{Agente 2} & \dots & \text{Agente 22} & \text{Agente 23} \end{matrix} \\ \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \mathcal{L}_{1,2} & \dots & \mathcal{L}_{1,22} & \mathcal{L}_{1,23} \\ \mathcal{L}_{2,1} & -\mathcal{L}_{2,2} & \dots & \mathcal{L}_{2,22} & \mathcal{L}_{2,23} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ \mathcal{L}_{22,1} & \mathcal{L}_{22,2} & \dots & -\mathcal{L}_{22,22} & \mathcal{L}_{22,23} \\ \mathcal{L}_{23,1} & \mathcal{L}_{23,2} & \dots & \mathcal{L}_{23,22} & -\mathcal{L}_{23,23} \end{pmatrix} & \begin{matrix} \text{Agente 1} \\ \text{Agente 2} \\ \text{Agente 22} \\ \text{Agente 23} \end{matrix} \end{matrix} \quad \begin{matrix} \mathcal{L}_{i,j} = \mathcal{L}_{j,i} \\ i = \text{fila} \\ j = \text{columna} \end{matrix}$$

**Figura 2.12.** Cálculo de la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$

### 2.2.2 IMPLEMENTACIÓN DEL MODELO MULTIAGENTE

La Figura 2.13 presenta un modelo de diseño que aborda la propagación de enfermedades en el marco epidemiológico SIR y SMA. Inicialmente concebidos en un formato continuo que describe de manera fluida las interacciones entre agentes y la dinámica de la enfermedad, estos modelos adoptan una forma discreta para su implementación y simulación computacional. Esta transición a ecuaciones en diferencia implica que las variables y eventos asociados con la propagación de la enfermedad se evalúan y actualizan en intervalos específicos, como días. Además, esta adaptación es esencial para la eficiencia computacional y para alinear la simulación con datos empíricos registrados de manera discreta. Por tanto, la implementación involucra la inclusión de una biblioteca, configuración inicial de parámetros, bucles y cálculo de otros factores, enunciados a continuación:



**Figura 2.13.** Diseño de los modelos SIR y SMA

- Se configuran los parámetros iniciales:  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\varepsilon$  y  $t$  (días).
- El tiempo de muestreo es 1 día.
- Se crean bucles para iterar un número de días y otro para recorrer las provincias de un país.
- Se aplica el método de diferencias finitas, el cual es una técnica numérica utilizada para aproximar soluciones a ecuaciones diferenciales mediante la discretización de sus derivadas. Este método convierte una ecuación diferencial en un conjunto de ecuaciones algebraicas, lo que facilita su resolución numérica en una computadora [27].

- En cada iteración, se calculan las tasas de cambio  $\dot{S}_i$  e  $\dot{I}_i$  del modelo SIR, visto en la Ecuación 2.7.

$$\begin{cases} S(\tau) - S(\tau - 1) = -\beta S(\tau - 1) \\ I(\tau) - I(\tau - 1) = \beta S(\tau - 1) - \gamma I(\tau - 1) \\ R(\tau) - R(\tau - 1) = \gamma I(\tau - 1) \end{cases}$$

**Ecuación 2.7.** Ecuaciones diferenciales lineales SIR

- Se realiza nuevamente una iteración sobre todas las provincias para actualizar las tasas de cambio, tomando en cuenta la difusión  $\varepsilon$  y la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$  de la enfermedad entre las provincias para el diseño SMA, visto en la Ecuación 2.8.

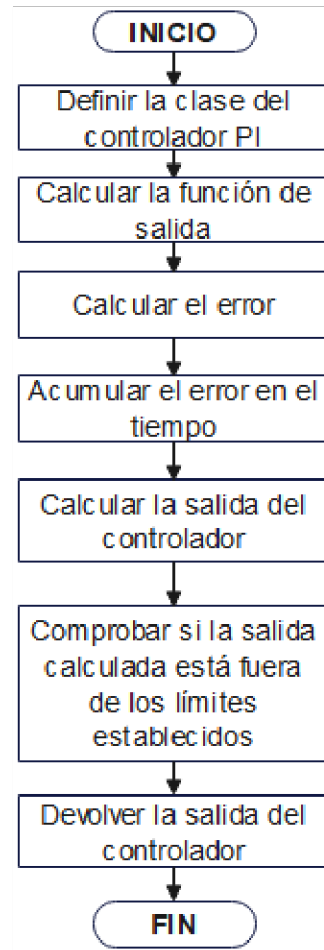
$$\begin{cases} S(\tau) - S(\tau - 1) = \varepsilon \mathcal{L}S(\tau - 1) - \beta S(\tau - 1) - Nv(\tau) \\ I(\tau) - I(\tau - 1) = \varepsilon \mathcal{L}I(\tau - 1) + \beta S(\tau - 1) - \gamma I(\tau - 1) \end{cases}$$

**Ecuación 2.8.** Modelo multiagente SIRv con tasa de vacunación

- Después de calcular las tasas de cambio, se actualizan las poblaciones de susceptibles, infectados y recuperados de cada provincia.
- Almacenar estas variables en arreglos para hacer un seguimiento de la evolución de la enfermedad y la vacunación a lo largo de los días y en cada provincia.
- Finalmente, se utiliza otro bucle externo para recorrer nuevamente todas las provincias. Para cada provincia, se trazan gráficos que muestran cómo cambian las poblaciones de susceptibles, infectados y recuperados a lo largo de los días.

### 2.2.3 IMPLEMENTACIÓN DEL CONTROL

El controlador PI es un tipo de controlador utilizado en sistemas de control automático para reducir errores en el sistema y mantener la salida lo más cerca posible del valor de referencia ( $S_p = 0$ ). A continuación, se explica el diseño en base a la Figura 2.14:



**Figura 2.14.** Controlador PI

- Se escoge un controlador PI discreto, ya que este al no tener el componente derivativo, es generalmente más sencillo de implementar y sintonizar. Además, que es apto para constantes de tiempo muy largas.
- Para un controlador PI discreto, se aplica la regla de la suma de Riemann como método de discretización, lo que implica convertir la acción integral del controlador en una suma discreta. Esta transformación se efectúa discretizando la Ecuación 2.4 con la regla de la suma de Riemann, que interpreta la integral como una serie de sumas finitas. Comúnmente, se utiliza la suma de Riemann hacia adelante, también conocida como método de Euler hacia adelante, para esta finalidad. La forma discretizada resultante de esta aproximación se especifica en la Ecuación 2.9 [28].

$$v[k] = K_p e[k] + K_i \sum_{i=0}^k e[i]$$

**Ecuación 2.9.** Señal de control discreta



- Se define una clase del controlador y se inicializa los parámetros de las ganancias  $K_p$ ,  $K_i$ , límites inferior y superior del control de salida, valor de referencia  $S_p$ , valor de control y el término de error integral.
- Se calcula la función de salida del controlador en función del valor de proceso actual.
- Se calcula el error del proceso como la diferencia entre  $S_p = 0$  y el valor  $I$ .
- El controlador mantiene un término integral que acumula el error a lo largo del tiempo. Esto se hace para corregir errores residuales y permitir que el controlador ajuste la salida para eliminar los errores acumulados. Luego, se verifica si el producto del término y la ganancia integrales está dentro de los límites especificados antes de actualizar el término integral. Esto asegura que no se acumulen valores excesivamente grandes o pequeños.
- Se calcula la salida del controlador como la suma de dos términos. El primer término es proporcional al error multiplicado por  $K_p$ . El segundo término es la acumulación del error integral multiplicado por la ganancia integral  $K_i$ .
- Se comprueba si la salida calculada está fuera de los límites especificados y, de ser así, se ajusta para que esté dentro de esos límites.
- Finalmente, se devuelve la salida del controlador.

### 3 RESULTADOS, CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

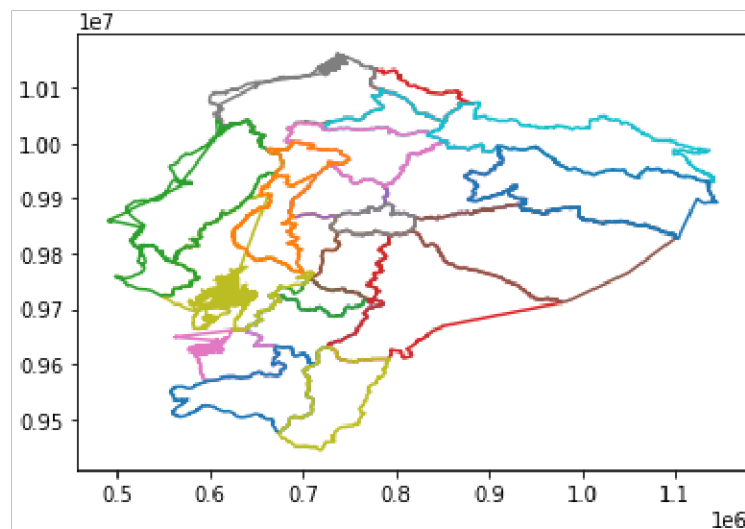
#### 3.1 RESULTADOS

Los resultados de la simulación en procesos de propagación, representados mediante un enfoque SMA, se generan mediante la aplicación de un modelo SIR como punto de partida. Posteriormente, se implementa un sistema multiagente SI que incorpora la teoría de grafos para modelar las interacciones espaciales entre provincias. Además, se construye un modelo en lazo cerrado, utilizando un controlador local PI para cada provincia.

##### 3.1.1 MODELO DEL GRAFO PARA EL SMA

La teoría de grafos en un sistema multiagente SI tiene como objetivo modelar y analizar las interacciones espaciales entre agentes, que en este contexto corresponden a las provincias ecuatorianas, excluyendo las Islas Galápagos. Esta herramienta es fundamental para el análisis de los resultados obtenidos en el sistema, permitiendo visualizar y comprender de manera efectiva cómo se propaga la enfermedad entre las distintas regiones del país.

El proceso inicia con la carga de información geoespacial de las provincias, seguido por la conversión de sus coordenadas a UTM [29]. Posteriormente, se genera un gráfico de dispersión que ilustra la ubicación geográfica de estas provincias, como se aprecia en la Figura 3.1.



**Figura 3.1.** Cartografía del Ecuador en coordenadas UTM

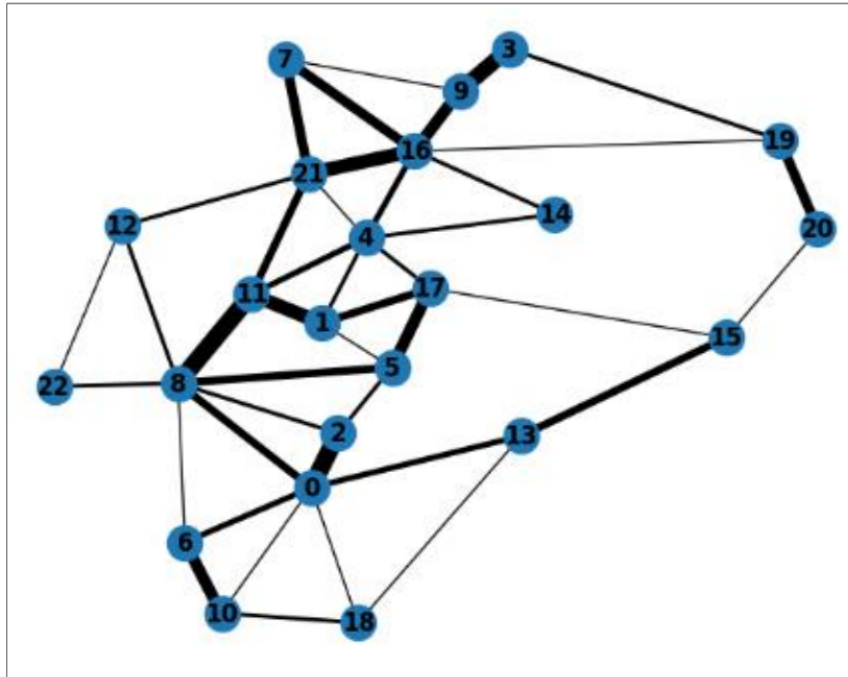
En este proceso, se identifican las carreteras pavimentadas y se recopilan los puntos que definen su trazado. La generación de  $\mathcal{L}$  se determina en base a las relaciones que existen entre las provincias, basadas en la intersección de las carreteras con las áreas geográficas

de cada una. La Figura 3.2 y el Anexo 3 ilustran de manera clara estas conexiones reflejadas en  $\mathcal{L}$ .

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22		
0	-21	0	9	0	0	0	3	0	4	0	1	0	0	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	Azuay	
1	0	-14	0	0	2	1	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	Bolívar	
2	9	0	-13	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Cañar	
3	0	0	0	-10	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	Carchi	
4	0	2	0	0	-13	0	0	0	0	0	3	0	0	2	0	3	2	0	0	0	1	0	0	Cotopaxi	
5	0	1	2	0	0	-13	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	Chimborazo	
6	3	0	0	0	0	0	-10	0	1	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	El Oro	
7	0	0	2	0	0	0	0	-11	0	1	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	5	0	Esmeraldas	
8	4	0	0	0	0	4	1	0	-24	0	0	9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	Guayas	
9	0	0	0	8	0	0	0	1	0	-15	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	Imbabura	
10	1	0	0	0	0	0	6	0	0	0	-9	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	Loja	
11	0	7	0	0	3	0	0	0	9	0	0	-23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	Los Ríos	
12	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	-5	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	Manabí	
13	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-8	0	4	0	0	1	0	0	0	0	Morona Santiago	
14	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	-4	0	2	0	0	0	0	0	0	0	Napo	
15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	-6	0	1	0	0	1	0	0	Pastaza	
16	0	0	0	0	3	0	0	5	0	6	0	0	0	2	0	-24	0	0	1	0	7	0	0	Pichincha	
17	0	4	0	0	2	6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	-13	0	0	0	0	0	0	Tungurahua	
18	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	-4	0	0	0	0	0	Zamora Chinchipe	
19	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	-8	5	0	0	0	Sucumbíos	
20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	5	-6	0	0	0	Orellana	
21	0	0	0	0	1	0	0	5	0	0	4	2	0	0	0	7	0	0	0	0	-19	0	0	Santo Domingo	
22	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-3	0	Santa Elena

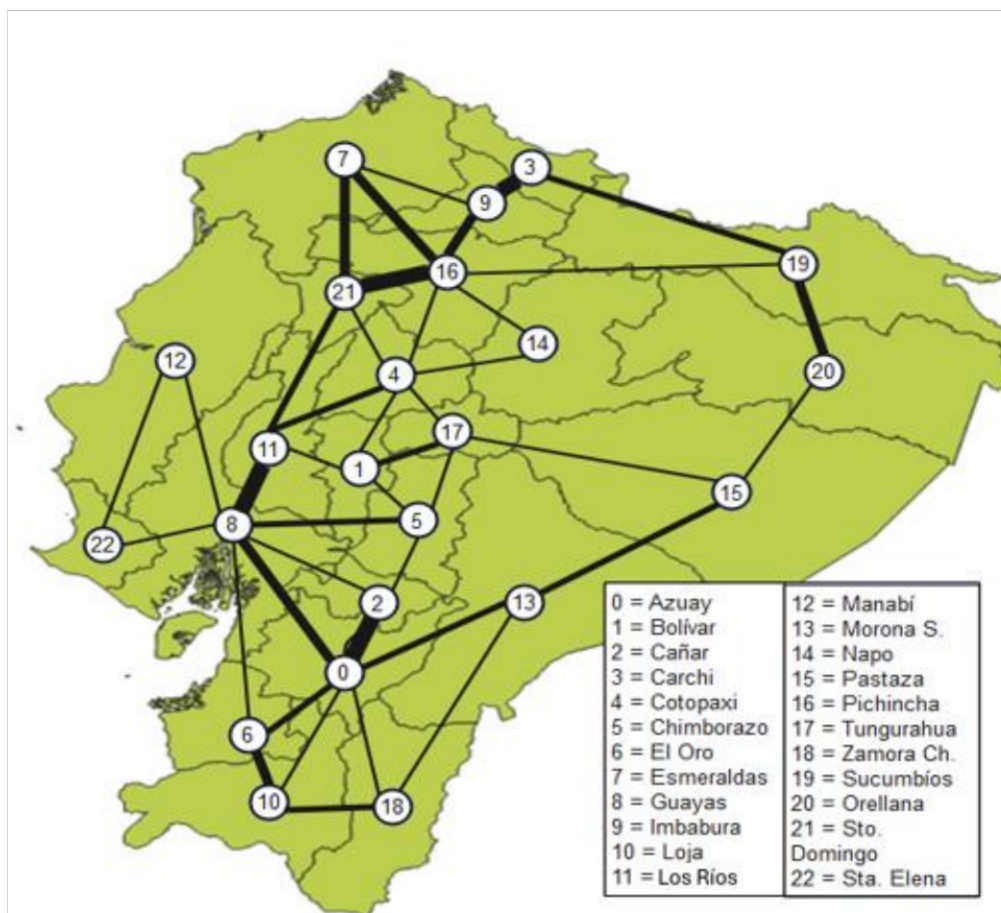
**Figura 3.2.** Valores de la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$

Se crean nodos para cada provincia, asignándoles nombres y ubicaciones geográficas en relación con sus centroides. Posteriormente, se establecen conexiones entre las provincias según la matriz de conectividad previamente calculada. Estas conexiones se ponderan en función del número de carreteras pavimentadas que las enlazan. La Figura 3.3 ilustra el grafo resultante, representando las provincias como nodos etiquetados y destacando las conexiones entre ellas. Esta Figura visualiza de manera efectiva la importancia de las carreteras pavimentadas en la conectividad geográfica.



**Figura 3.3.** Grafo resultante para el sistema multiagente

La Figura 3.4 presenta una superposición de un grafo ponderado de la cartografía de Ecuador. En esta representación, se resaltan las conexiones entre diferentes regiones geográficas del Ecuador, lo que permite visualizar cómo las provincias están interconectadas en función de la información contenida en el grafo ponderado.



**Figura 3.4.** Generación del grafo propuesto

Cada agente en el sistema representa una provincia en Ecuador, y en este caso, se han seleccionado 22 agentes, cuya población N se detalla en la Tabla 3.1.

**Tabla 3.1.** Población por provincia del Ecuador

Agente	Provincia	N	Agente	Provincia	N
0	Azuay	881.394	12	Manabí	1,562.079
1	Bolívar	209.933	13	Morona Santiago	196.535
2	Cañar	281.396	14	Napo	133.705
3	Carchi	186.869	15	Pastaza	114.202
4	Cotopaxi	488.716	16	Pichincha	3,228.233
5	Chimborazo	524.004	17	Tungurahua	590.600
6	El Oro	715.751	18	Zamora Chinchipe	120.416
7	Esmeraldas	643.654	19	Sucumbíos	230.503
8	Guayas	4,387.434	20	Orellana	161.338

9	Imbabura	476.257	21	Santo Domingo de los Tsáchilas	458.580
10	Loja	521.154			
11	Los Ríos	921.763	22	Santa Elena	401.178

### 3.1.2 PARÁMETROS SI LINEAL

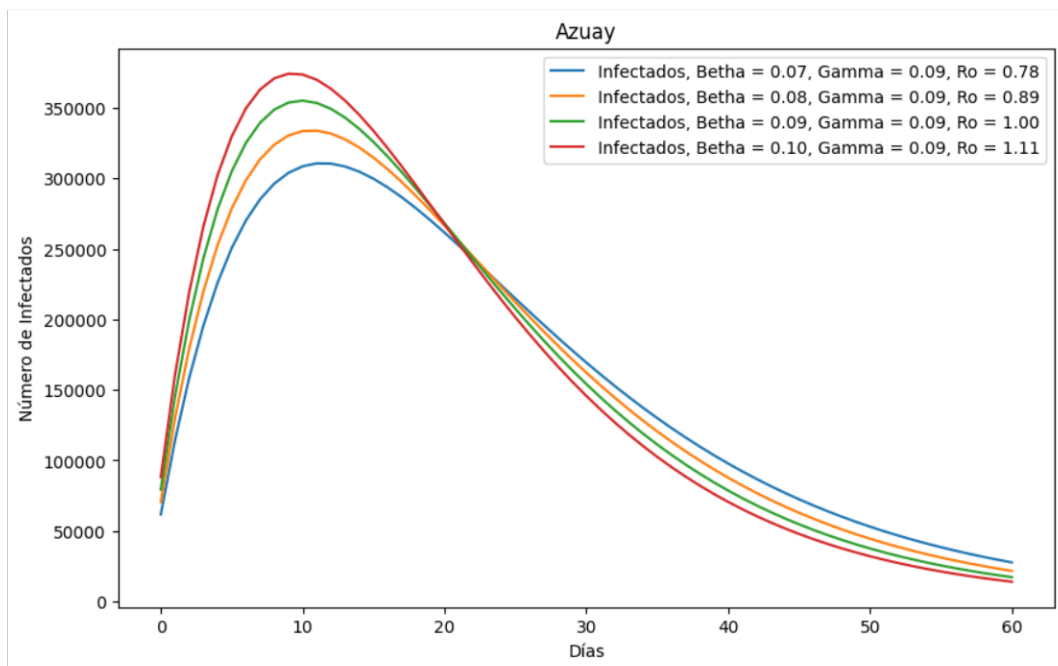
Se realizan pruebas en el modelo de propagación de enfermedades infecciosas, ajustando los parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$ . Este método permite analizar el impacto de las variaciones en  $\beta$  y  $\gamma$  sobre la dinámica de la propagación de la enfermedad, ofreciendo una comprensión más profunda de cómo estos factores influyen en la velocidad y el alcance del contagio. El objetivo es comprender y modelar la propagación de enfermedades infecciosas en una red de múltiples regiones conectadas principalmente por rutas aéreas.

En la Tabla 3.2, se presenta una muestra de casos que evidencian la presencia o ausencia de epidemias. Se observa que, durante un período de 60 días, para que se desencadene una pandemia, la tasa  $\beta$  debe ser mayor a  $\gamma$  para que satisfaga la condición  $(\beta S - \gamma) > 0$ . Caso contrario, indica que la enfermedad no tiene la capacidad de propagarse de forma sostenida en la población y, por lo tanto, se espera que el número total de casos disminuya con el tiempo, llevando eventualmente a la extinción de la epidemia en la población si no hay cambios en las condiciones.

**Tabla 3.2.** Modelo lineal SIR de Azuay

Detalles	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
$\beta$	0,07	0,08	0,09	0,10
$\gamma$	0,09	0,09	0,09	0,09
$R_0$	0,78	0,89	1,00	1,11
$\beta S - \gamma$	-0,02	-0,01	0,00	0,01
Días	60	60	60	60
Cantidad de máximos infectados	310.670	333.893	355.170	374.272
¿Se propaga la enfermedad infecciosa en la población?	No	No	No	Sí

La relación entre  $R_0$  y la propagación de enfermedades se presenta en la Figura 3.5. Un  $R_0$  superior a 1 señala un alto potencial de rápida propagación de la enfermedad en la población, lo que indica un riesgo significativo de brote epidémico. Por otro lado, un  $R_0$  menor o igual a 1, indica que la enfermedad no se propagará de manera sostenida, llevando a una disminución gradual de los casos. Además, se ha demostrado experimentalmente que, manteniendo constante  $\gamma$  y una disminución en el valor de  $R_0$ , resulta en una menor cantidad de casos máximos de infectados.



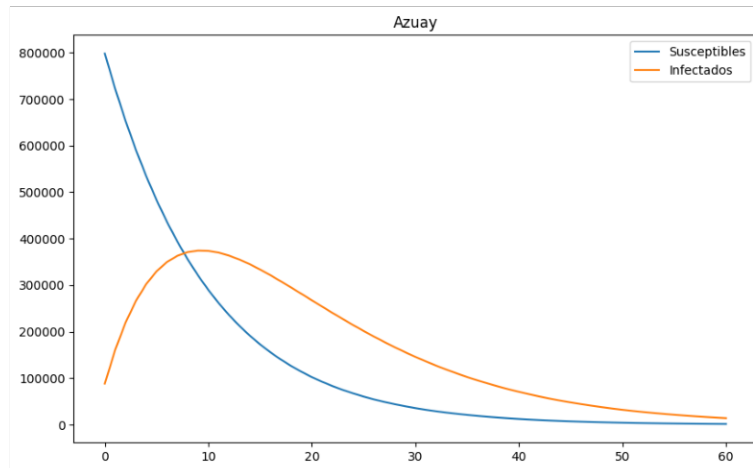
**Figura 3.5.** Infectados con diferentes  $\beta$  en la provincia Azuay



### 3.1.3 MODELO SMA EN LAZO ABIERTO

El comportamiento de un agente individual se describe mediante un modelo lineal, como se ilustra en la Ecuación 1.6. Al evolucionar hacia un modelo multiagente, se consideran las interacciones entre las diversas poblaciones, representadas en la matriz Laplaciana  $\mathcal{L}$ , visto en la Figura 3.2. En el Anexo 4 se observa la gráfica de infectados de todas las provincias de Ecuador. A continuación, se mencionan cuatro agentes (provincias) como muestra para un periodo de 60 días con una  $\varepsilon$  de 0,001,  $\beta = 0,1$  y  $\gamma = 0,09$ :

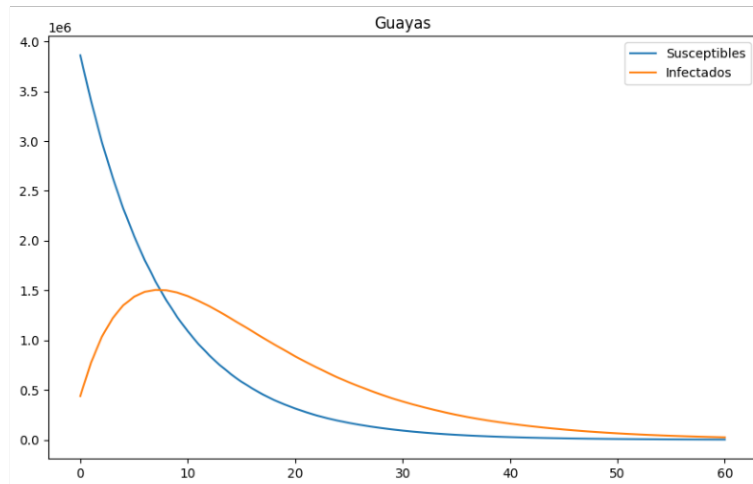
- En la provincia de Azuay, que inicialmente tiene una población de 881.394 habitantes y cero casos de infección, se observa que el pico máximo de infectados alcanza el 42,46% de la población en el noveno día. Esto corresponde a 374.272 personas infectadas, tal y como se muestra en la Figura 3.6.



**Figura 3.6.** Modelo SMA para Azuay

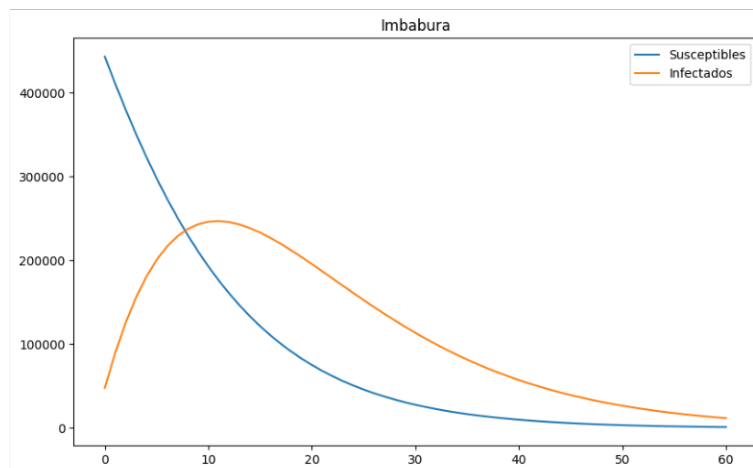
- En Guayas, una provincia con una población inicial de 4,387.434 habitantes y sin casos iniciales de infección, se registra que, en su punto máximo, el 34,30% de la población está infectada en el séptimo día. Esto representa 1,589.540 personas afectadas, detalle que se ilustra en la Figura 3.7.





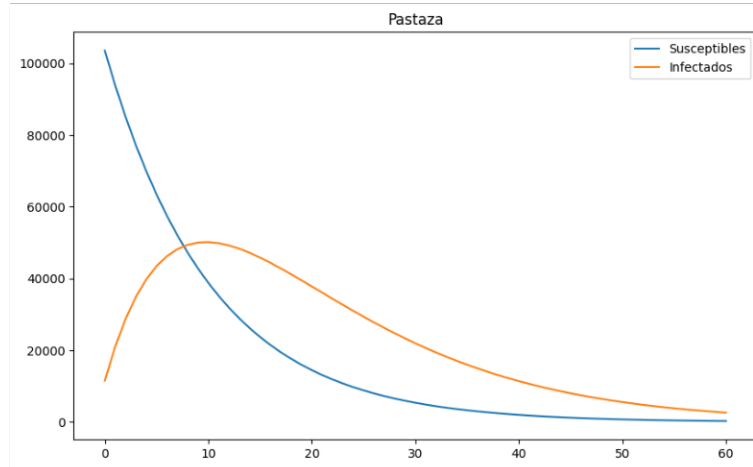
**Figura 3.7.** Modelo SMA para Guayas

- En la provincia de Imbabura, con una población inicial de 476.257 habitantes y sin casos iniciales de infección, se observa que, en el punto máximo de la pandemia, el 51,81% de la población está infectada en el onceavo día. Esto se traduce en 246.750 personas afectadas, como se visualiza en la Figura 3.8.



**Figura 3.8.** Modelo SMA para Imbabura

- En Pastaza, una provincia con una población inicial de 114.202 habitantes y sin casos iniciales de infección, se ha registrado que, en el pico máximo de la pandemia, el 43,91% de la población está infectada en el décimo día. Esto corresponde a un total de 50.151 personas, como se evidencia en la Figura 3.9.



**Figura 3.9.** Modelo SMA para Pastaza

Los autovalores, también conocidos como valores propios o eigenvalores, son conceptos fundamentales en álgebra lineal y teoría de matrices. En el contexto de sistemas dinámicos y matrices, los autovalores tienen aplicaciones en el análisis de estabilidad, transformaciones lineales y resolución de sistemas de ecuaciones diferenciales. Este concepto se expresa mediante la Ecuación 3.1, donde  $\lambda$  es el autovalor asociado,  $E$  es la matriz identidad y  $A$  es la matriz cuadrada [30].

$$\det(A - \lambda E) = 0$$

**Ecuación 3.1.** Autovalores

En el análisis de sistemas en lazo abierto, los autovalores desempeñan un papel fundamental en la caracterización de la dinámica intrínseca. Específicamente, los autovalores con partes reales negativas, como se observa en la Tabla 3.3, son indicativos de soluciones exponenciales no oscilatorias en sistemas lineales. Estos autovalores señalan un comportamiento donde cualquier perturbación o desviación del sistema tenderá a decaer exponencialmente hacia el estado de equilibrio, independientemente de si hay o no propagación de una enfermedad.

**Tabla 3.3.** Autovalores de la matriz A

$\lambda_n$	Autovalores	$\lambda_n$	Autovalores	$\lambda_n$	Autovalores
$\lambda_1$	-0,1357	$\lambda_{17}$	-0,0928	$\lambda_{33}$	-0,1000
$\lambda_2$	-0,1312	$\lambda_{18}$	-0,0937	$\lambda_{34}$	-0,1003
$\lambda_3$	-0,1277	$\lambda_{19}$	-0,0939	$\lambda_{35}$	-0,1056
$\lambda_4$	-0,1257	$\lambda_{20}$	-0,0950	$\lambda_{36}$	-0,1051
$\lambda_5$	-0,1223	$\lambda_{21}$	-0,0951	$\lambda_{37}$	-0,1050
$\lambda_6$	-0,1212	$\lambda_{22}$	-0,0965	$\lambda_{38}$	-0,1045
$\lambda_7$	-0,1208	$\lambda_{23}$	-0,0971	$\lambda_{39}$	-0,1039
$\lambda_8$	-0,1190	$\lambda_{24}$	-0,1124	$\lambda_{40}$	-0,1037
$\lambda_9$	-0,1177	$\lambda_{25}$	-0,1123	$\lambda_{41}$	-0,1009
$\lambda_{10}$	-0,0900	$\lambda_{26}$	-0,1115	$\lambda_{42}$	-0,1015
$\lambda_{11}$	-0,1165	$\lambda_{27}$	-0,1108	$\lambda_{43}$	-0,1015
$\lambda_{12}$	-0,0909	$\lambda_{28}$	-0,1103	$\lambda_{44}$	-0,1028
$\lambda_{13}$	-0,1156	$\lambda_{29}$	-0,1090	$\lambda_{45}$	-0,1024
$\lambda_{14}$	-0,0915	$\lambda_{30}$	-0,1071	$\lambda_{46}$	-0,1024
$\lambda_{15}$	-0,1145	$\lambda_{31}$	-0,1065	<b>Sistema Estable</b>	
$\lambda_{16}$	-0,0924	$\lambda_{32}$	-0,1065		

El análisis detallado de modelos que transitan desde la representación lineal del comportamiento de agentes individuales hasta complejos modelos multiagentes, como se muestra en cuatro provincias del Ecuador, proporciona una comprensión profunda de la dinámica de las interacciones entre diferentes poblaciones. Los resultados específicos para Azuay, Guayas, Imbabura y Pastaza durante un periodo de 60 días, con parámetros específicos, revelan patrones de infección. Además, el estudio de estabilidad mediante el análisis de autovalores indica una tendencia hacia un equilibrio estable, destacando la capacidad del sistema para disipar perturbaciones iniciales de manera exponencial. Este enfoque integral contribuye a la comprensión de la complejidad de los modelos epidemiológicos y destaca la importancia de considerar tanto las interacciones entre poblaciones como la estabilidad intrínseca del sistema en la formulación y evaluación de estrategias de gestión de enfermedades infecciosas.

### 3.1.4 MODELO SMA EN LAZO CERRADO

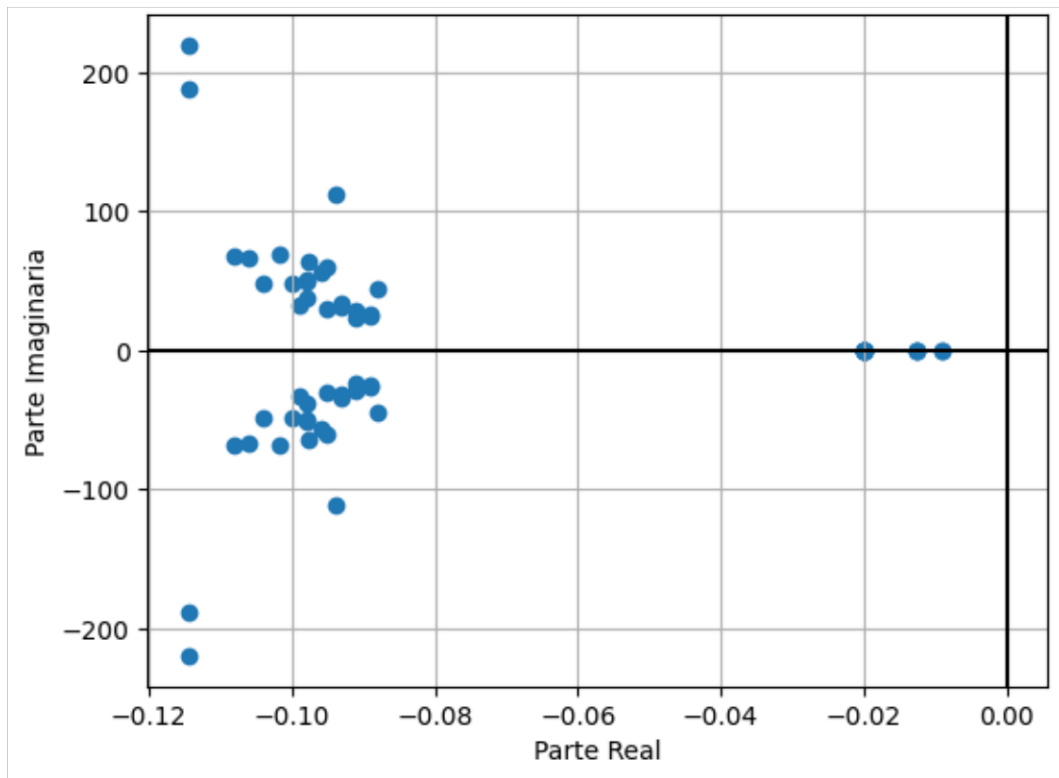
En la Ecuación 2.5, se introduce una señal de control  $N(K_p J + K_i J)$ , que es fundamental para cerrar el lazo del sistema. Por consiguiente, se realiza el análisis de estabilidad, que implica la determinación de los autovalores de la matriz asociada al sistema. Estos autovalores desempeñan un papel fundamental en la comprensión de la evolución del sistema a lo largo del tiempo y ver si convergerá a un estado estable o no. A través de la Tabla 3.4 se observa que los autovalores de la matriz son negativos y complejos, generalmente se considera que el sistema es asintóticamente estable.

**Tabla 3.4.** Autovalores de la matriz  $A_{1c}$

$\lambda_n$	Autovalores	$\lambda_n$	Autovalores	$\lambda_n$	Autovalores
$\lambda_1$	-0,114 +219,686j	$\lambda_{25}$	-0,098 +49,433j	$\lambda_{49}$	-0,012
$\lambda_2$	-0,114 -219,686j	$\lambda_{26}$	-0,098 -49,433j	$\lambda_{50}$	-0,012
$\lambda_3$	-0,114 +188,442j	$\lambda_{27}$	-0,104 +47,884j	$\lambda_{51}$	-0,012
$\lambda_4$	-0,114 -188,442j	$\lambda_{28}$	-0,104 -47,884j	$\lambda_{52}$	-0,020
$\lambda_5$	-0,094 +111,788j	$\lambda_{29}$	-0,089 +24,537j	$\lambda_{53}$	-0,020
$\lambda_6$	-0,094 -111,788j	$\lambda_{30}$	-0,089 -24,537j	$\lambda_{54}$	-0,020
$\lambda_7$	-0,106 +66,385j	$\lambda_{31}$	-0,091 +23,896j	$\lambda_{55}$	-0,020
$\lambda_8$	-0,106 -66,385j	$\lambda_{32}$	-0,091 -23,896j	$\lambda_{56}$	-0,020
$\lambda_9$	-0,098 +64,570j	$\lambda_{33}$	-0,100 +48,798j	$\lambda_{57}$	-0,020
$\lambda_{10}$	-0,098 -64,570j	$\lambda_{34}$	-0,100 -48,798j	$\lambda_{58}$	-0,020
$\lambda_{11}$	-0,108 +67,888j	$\lambda_{35}$	-0,093 +31,348j	$\lambda_{59}$	-0,020
$\lambda_{12}$	-0,108 -67,888j	$\lambda_{36}$	-0,093 -31,348j	$\lambda_{60}$	-0,020
$\lambda_{13}$	-0,102 +68,737j	$\lambda_{37}$	-0,091 +28,402j	$\lambda_{61}$	-0,020
$\lambda_{14}$	-0,102 -68,737j	$\lambda_{38}$	-0,091 -28,402j	$\lambda_{62}$	-0,020
$\lambda_{15}$	-0,095 +59,823j	$\lambda_{39}$	-0,099 +32,399j	$\lambda_{63}$	-0,020
$\lambda_{16}$	-0,095 -59,823j	$\lambda_{40}$	-0,099 -32,399j	$\lambda_{64}$	-0,020
$\lambda_{17}$	-0,096 +56,730j	$\lambda_{41}$	-0,093 +33,949j	$\lambda_{65}$	-0,020
$\lambda_{18}$	-0,096 -56,730j	$\lambda_{42}$	-0,093 -33,949j	$\lambda_{66}$	-0,020
$\lambda_{19}$	-0,098 +51,186j	$\lambda_{43}$	-0,089 +25,856j	$\lambda_{67}$	-0,020
$\lambda_{20}$	-0,098 -51,186j	$\lambda_{44}$	-0,089 -25,856j	$\lambda_{68}$	-0,020
$\lambda_{21}$	-0,098 +37,510j	$\lambda_{45}$	-0,095 +30,567j	$\lambda_{69}$	-0,020

$\lambda_{22}$	-0,098 -37,510j	$\lambda_{46}$	-0,095 -30,567j	Sistema Estable
$\lambda_{23}$	-0,088 +44,787j	$\lambda_{47}$	-0,009	
$\lambda_{24}$	-0,088 -44,787j	$\lambda_{48}$	-0,009	

La Figura 3.10 ilustra autovalores complejos, cada uno compuesto por una parte real y una imaginaria. La presencia de partes reales negativas en estos autovalores señala una tendencia del sistema a volver a su estado de equilibrio, reflejando una propiedad fundamental de estabilidad. Esta se ve reforzada por el hecho de que las magnitudes de las partes reales superan a las de las partes imaginarias, lo que indica un amortiguamiento robusto del sistema. Aunque las partes imaginarias pueden sugerir la posibilidad de oscilaciones alrededor del estado de equilibrio, la naturaleza compleja de los autovalores implica que estas oscilaciones serían amortiguadas a lo largo del tiempo.



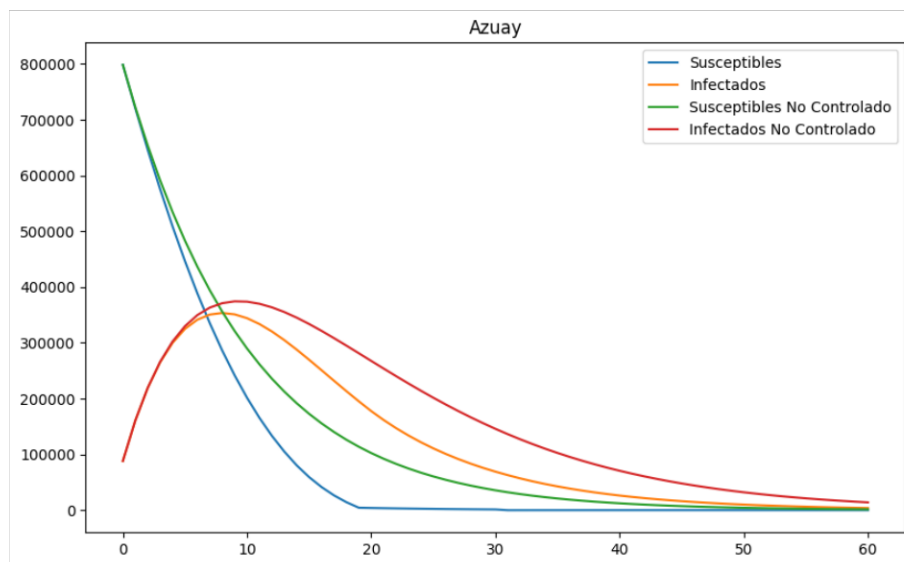
**Figura 3.10.** Autovalores en el plano complejo

En este contexto, cualquier respuesta del sistema a perturbaciones iniciales se caracteriza por un retorno progresivo al equilibrio, sin la presencia de oscilaciones destacadas. La respuesta del sistema podría ser más lenta, especialmente si algunos autovalores se encuentran cercanos al eje imaginario, apuntando que, aunque el sistema alcanzará eventualmente su estado de equilibrio, este proceso podría requerir un período de tiempo

considerable. El fuerte amortiguamiento del sistema conduce a que cualquier pico máximo en la respuesta sea significativamente atenuado o incluso inexistente.

La dinámica del modelo epidemiológico SI se ve significativamente afectada por el  $R_0$ . Para evaluar su impacto en la propagación de la enfermedad, se realizan pruebas que determinan los picos de infección y se comparan con situaciones donde  $R_0$  es igual a 1 (lazo abierto), permitiendo así una comprensión más clara de cómo  $R_0$  influye en la evolución de la enfermedad infecciosa. En el Anexo 4 se observa la gráfica de infectados de todas las provincias de Ecuador. A continuación, se mencionan cuatro agentes (provincias del Ecuador) como muestra para un periodo de 60 días con una  $\varepsilon$  de 0,001,  $\beta = 0,1$ ,  $\gamma = 0,09$  y con diversos controladores PI:

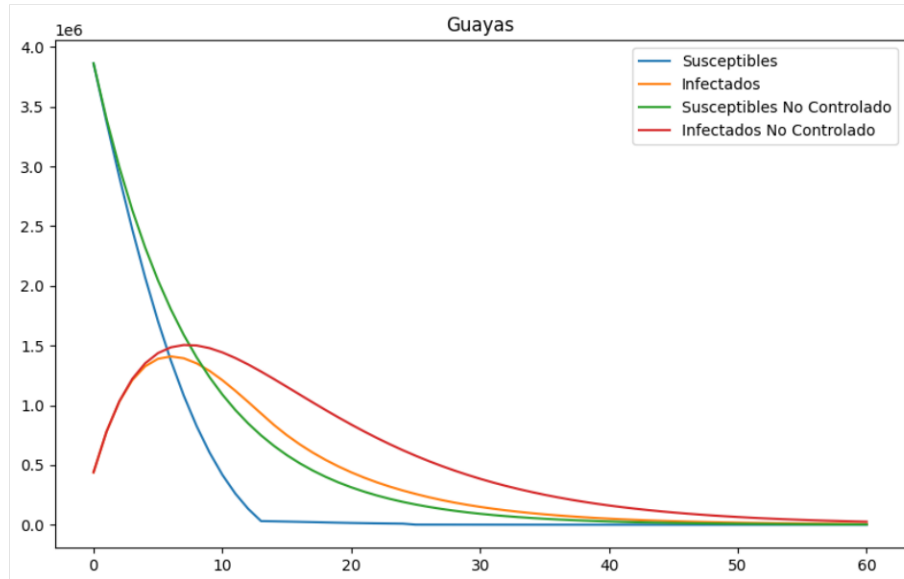
- En la provincia de Azuay, que cuenta con una población inicial de 881.394 habitantes y sin casos iniciales de infección, se observa un pico máximo de infectados equivalentes al 40,10% de la población. Esto se traduce en 353.436 personas infectadas en el octavo día, visto en la Figura 3.11. Además, al comparar este escenario con un  $R_0 = 1$ , donde se registran 355.170 personas infectadas, se encuentra que el modelo SI aplicado junto con un controlador PI ( $k_p = -0,05$ ,  $k_i = -0,001$ ) resulta en un  $R_0 < 1$ . Esto sugiere que, bajo estas condiciones, la enfermedad no se propagará de forma efectiva entre la población.



**Figura 3.11.** Modelo lineal SI con PI para Azuay

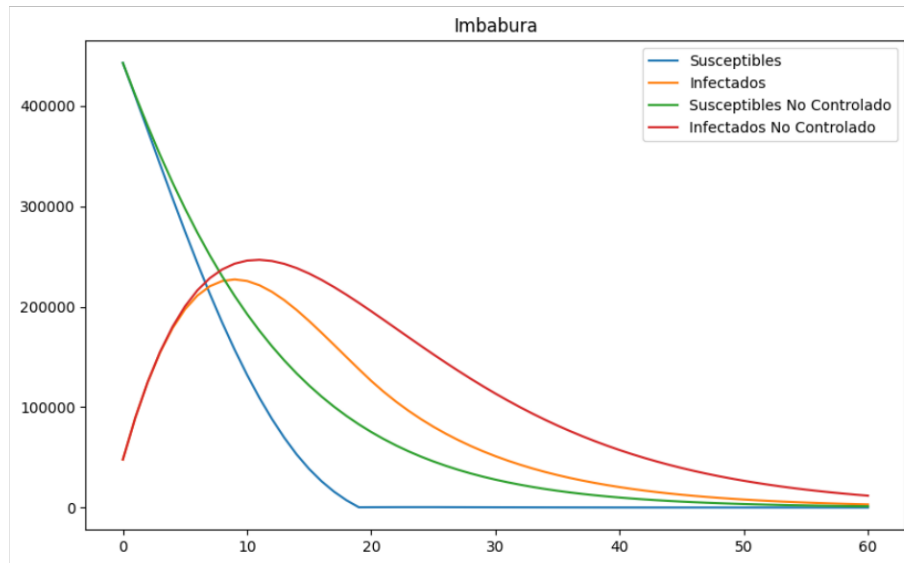
- En Guayas, una provincia con 4,387.434 habitantes y sin casos iniciales de infección, se registra un pico de infectados que alcanzó el 32,11% de la población, equivalente a 1,408.898 personas en el séptimo día, como se ilustra en la Figura

3.12. Además, al comparar este escenario con un  $R_0 = 1$ , donde se registran 1,412.620 personas infectadas, se encuentra que el modelo SI aplicado junto con un controlador PI ( $k_p = -0,11, k_i = -0,001$ ) resulta en un  $R_0 < 1$ . Esto sugiere que, bajo estas condiciones, la enfermedad no se propagará de forma efectiva entre la población.



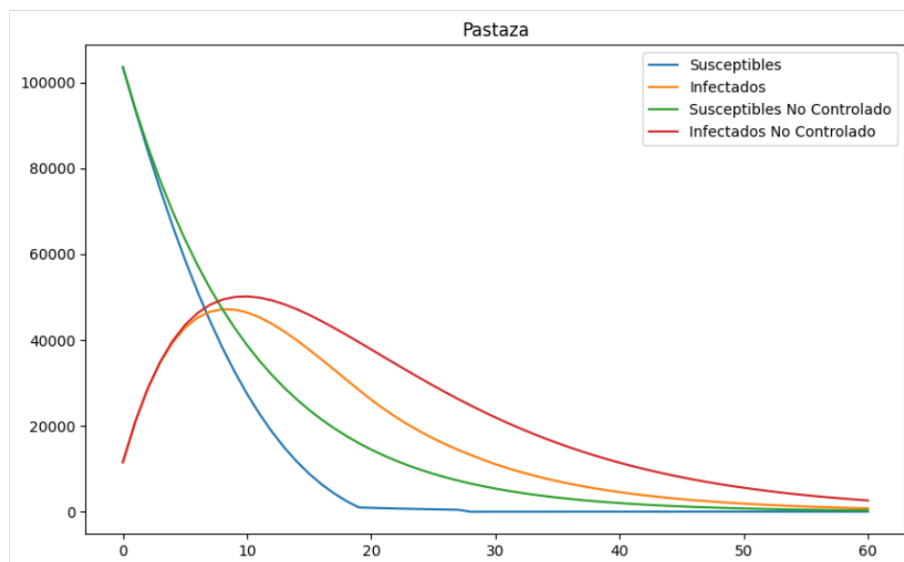
**Figura 3.12.** Modelo lineal SI con PI para Guayas

- En Imbabura, una provincia con una población inicial de 476.257 habitantes y sin casos iniciales de infectados, se observa que, en el punto más alto del brote, el 47,71% de la población está infectada, lo que corresponde a 227.225 personas, según se muestra en la Figura 3.13. Además, al comparar este escenario con un  $R_0 = 1$ , donde se registran 293.496 personas infectadas, se encuentra que el modelo SI aplicado junto con un controlador PI ( $k_p = -0,05, k_i = -0,001$ ) resulta en un  $R_0 < 1$ . Esto sugiere que, bajo estas condiciones, la enfermedad no se propagará de forma efectiva entre la población.



**Figura 3.13.** Modelo lineal SI con PI para Imbabura

- En Pastaza, que tiene una población inicial de 114.202 habitantes y empieza sin infectados, se alcanza un pico de infección del 41,29%, representando 47.159 personas, como se visualiza en la Figura 3.14. Además, al comparar este escenario con un  $R_0 = 1$ , donde se registran 47.672 personas infectadas, se encuentra que el modelo SI aplicado junto con un controlador PI ( $k_p = -0,05, k_i = -0,001$ ) resulta en un  $R_0 < 1$ . Esto sugiere que, bajo estas condiciones, la enfermedad no se propagará de forma efectiva entre la población.



**Figura 3.14.** Modelo lineal SI con PI para Pastaza

En un estudio realizado durante 60 días en cuatro agentes, se aplican parámetros epidemiológicos y el controlador PI para examinar la propagación de una enfermedad. Según la Tabla 3.5, los resultados demuestran que un ajuste preciso del controlador PI



puede prevenir eficazmente la propagación de la enfermedad en estas áreas. Para confirmar que  $R_0 < 1$ , se calcula el número máximo de infectados cuando  $R_0 = 1$  y se compara con el modelo de lazo cerrado. Este análisis revela que el controlador PI afecta la tasa de transmisión, adelantando la llegada al pico de infecciones debido a una reducción más rápida en  $\beta$ . Además, se observa un adelanto en el pico de infecciones que va desde 1 a 3 días.

**Tabla 3.5.** Cantidad de infectados máximos por agente del sistema

Agentes	Punto máximo de infectados						
	Prueba en lazo abierto $R_0 = 1, 11$		Prueba en lazo cerrado $R_0 < 1$				Prueba en lazo abierto $R_0 = 1$
	Personas	Día	$K_p$	$K_i$	Personas	Día	Personas
Azuay	374.272	9	-0,05	-0,001	353.436	8	355.170
Bolívar	122.287	13	-0,05	-0,001	110.544	10	118.009
Cañar	174.887	12	-0,05	-0,001	157.468	10	168.691
Carchi	88.637	11	-0,05	-0,001	82.333	9	84.767
Cotopaxi	232.021	10	-0,05	-0,001	215.896	9	221.518
Chimborazo	270.637	11	-0,05	-0,001	249.123	9	258.779
El Oro	302.230	9	-0,05	-0,001	285.851	8	286.835
Esmeraldas	307.388	10	-0,05	-0,001	285.800	9	293.496
Guayas	1,504.777	7	-0,11	-0,001	1,408.898	6	1,412.620
Imbabura	246.750	11	-0,05	-0,001	227.225	9	235.792
Loja	215.744	9	-0,08	-0,001	199.278	7	204.441
Los Ríos	451.316	10	-0,05	-0,001	417.232	8	430.292
Manabí	643.062	9	-0,08	-0,001	594.148	7	608.844
Morona Santiago	87.186	10	-0,05	-0,001	81.892	8	82.901
Napo	84.367	13	-0,05	-0,001	75.529	10	81.386
Pastaza	50.151	10	-0,05	-0,001	47.159	8	47.672
Pichincha	1,100.773	7	-0,11	-0,001	1,031.367	6	1,032.575
Tungurahua	233.498	9	-0,08	-0,001	217.394	7	220.886
Zamora Chinchipe	56.186	10	-0,05	-0,001	52.394	9	53.641

Sucumbíos	103.066	10	-0,05	-0,001	96.631	8	98.001
Orellana	67.201	9	-0,05	-0,001	63.676	8	63.735
Santo Domingo de los Tsáchilas	280.908	12	-0,05	-0,001	252.318	9	270.270
Santa Elena	198.919	11	-0,05	-0,001	183.715	9	190.166

En un sistema de control proporcional, cualquier error, positivo o negativo, activa una señal de control distinta de cero. La acción integral, por su parte, acumula este error y ajusta la señal de control: la incrementa frente a errores positivos y la reduce cuando los errores son negativos. Esta estrategia garantiza que el error se anule en el régimen permanente, demostrando la efectividad de las acciones proporcional e integral para corregir desviaciones y asegurar la estabilidad del sistema [31]. Así, ante un error negativo, las señales de control proporcional e integral se orientan hacia valores negativos, reflejando la relación inversa entre la medida de control (vacunación) e infectados (variable a controlar). Esto subraya la importancia de ajustar adecuadamente los parámetros del controlador PI para manejar la dinámica entre la vacunación y el número de infectados.

### 3.1.5 ANÁLISIS ISE

Para evaluar la eficacia de los sistemas de control, se realizan pruebas en lazo abierto y cerrado enfocándose en el análisis del ISE. Las pruebas de lazo abierto examinan la respuesta natural del sistema sin control activo, mientras que las de lazo cerrado incorporan retroalimentación y ajuste del controlador. Mediante el análisis ISE en ambos modos, se mide y compara el error acumulado, lo que es clave para evaluar la eficacia del controlador en la reducción del error, estabilización del sistema y optimización general del rendimiento del sistema.

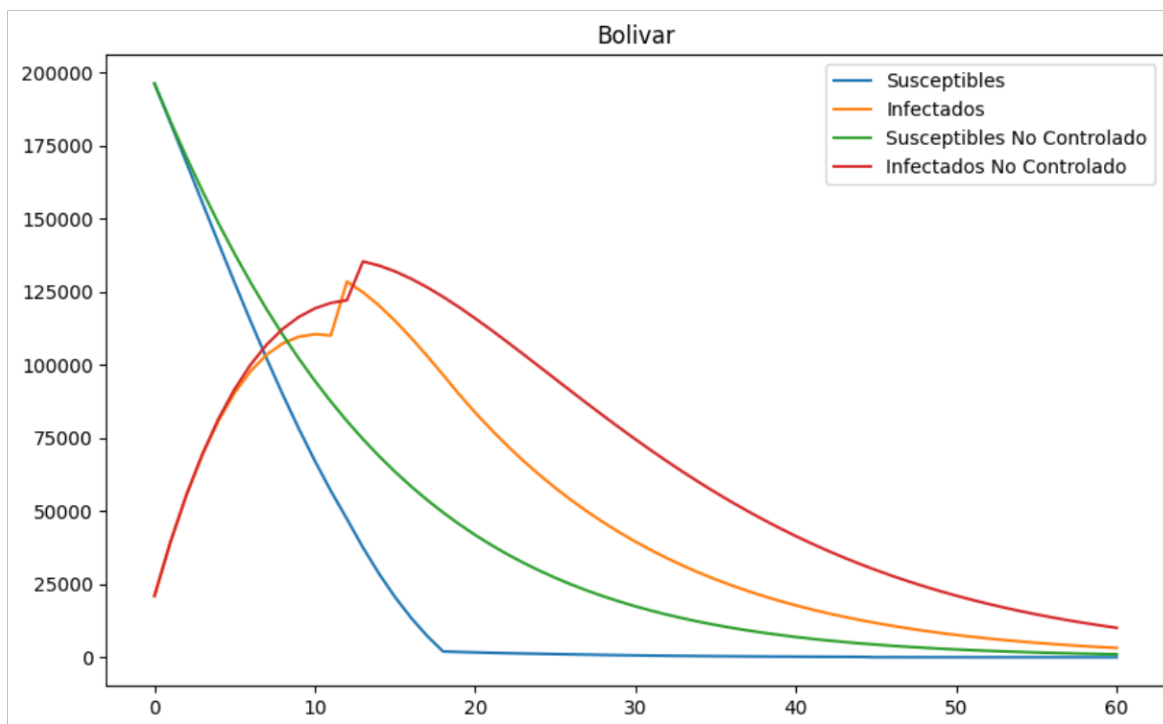
La Tabla 3.6 muestra una reducción del ISE en el rango de 0,64 a 3,74 unidades cuando se compara con los valores obtenidos en un sistema de lazo abierto. Eso implica que el controlador mejora el rendimiento del sistema en términos del error acumulado a lo largo del tiempo.

**Tabla 3.6.** Análisis ISE en lazos abierto LA y cerrado LC

Agentes	ISE en LA	ISE en LC	Reducción	Agentes	ISE en LA	ISE en LC	Reducción
Azuay	3,37	2,31	1,06	Manabí	3,13	1,95	1,18
Bolívar	7,75	4,63	3,12	Morona Santiago	3,91	2,66	1,25
Cañar	8,44	4,99	3,45	Napo	8,83	5,09	3,74
Carchi	4,88	3,15	1,73	Pastaza	3,82	2,6	1,22
Cotopaxi	4,56	2,96	1,60	Pichincha	1,8	1,16	0,64
Chimborazo	5,44	3,42	2,02	Tungurahua	2,86	1,82	1,04
El Oro	3,37	2,34	1,03	Zamora Chinchipe	4,49	2,94	1,55
Esmeraldas	4,6	2,98	1,62	Sucumbíos	3,88	2,61	1,27
Guayas	1,83	1,18	0,65	Orellana	3,29	2,3	0,99
Imbabura	5,41	3,41	2,00	Santo Domingo de los Tsáchilas	7,86	4,62	3,24
Loja	3,21	2,01	1,20				
Los Ríos	4,62	2,95	1,67	Santa Elena	5,05	3,19	1,86

### 3.1.6 PRUEBAS SIR CON PERTURBACIÓN EN LAZO CERRADO

En el modelo SI, se introduce una perturbación en la ecuación de infectados para simular un evento que modifica súbitamente el número de infectados en la población. Esta perturbación consiste en añadir un porcentaje de los individuos recuperados al total de infectados. Dicha alteración, limitada a un día, representa un incremento abrupto y significativo en las infecciones, similar a la aparición de un nuevo foco infeccioso. La inclusión de este cambio permite evaluar cómo el sistema responde a eventos imprevistos, tal como se ilustra en las Figuras 3.15.



**Figura 3.15.** Modelo SI con perturbación del 15% en el día 12 y con PI (-0,05; -0,001)

Quando se introduce una perturbación en el sistema, el ISE aumenta tanto en la configuración de lazo abierto como en lazo cerrado (ver Tabla 3.7). Sin embargo, incluso con dicha perturbación, el sistema que incorpora un controlador PI mantiene un ISE menor en comparación al de lazo abierto. Además, que disminuye en un día el pico máximo de infectados. Esto evidencia la capacidad del controlador PI para atenuar el impacto de las perturbaciones, asegurando un rendimiento más estable frente a un sistema que opera sin control retroalimentado. En el Anexo 4 se observa la gráfica de infectados de todas las provincias de Ecuador con/sin perturbación.

**Tabla 3.7.** Análisis de infectados máximos  $I_{m\acute{a}x}$  con/sin perturbación

Agente	Perturbación	Lazo Abierto LA		Lazo Cerrado LC	
		Día $I_{m\acute{a}x}$	ISE $_{LA}$	Día $I_{m\acute{a}x}$	ISE $_{LC}$
Azúay	No	9	3,37	8	2,31
	Sí	13	3,75	12	2,70
Bolívar	No	13	7,75	10	4,63
	Sí	13	8,63	12	5,51
Cañar	No	12	8,44	10	4,99
	Sí	13	9,42	12	5,96

Carchi	No	11	4,88	9	3,15
	Sí	13	5,43	12	3,71
Cotopaxi	No	10	4,56	9	2,96
	Sí	13	5,07	12	3,49
Chimborazo	No	11	5,44	9	3,42
	Sí	13	6,06	12	4,04
El Oro	No	9	3,37	8	2,34
	Sí	13	3,74	12	2,72
Esmeraldas	No	10	4,60	9	2,98
	Sí	13	5,12	12	3,51
Guayas	No	7	1,83	6	1,18
	Sí	7	2,02	6	1,41
Imbabura	No	11	5,41	9	3,41
	Sí	13	6,02	12	4,06
Loja	No	9	3,21	7	2,01
	Sí	13	3,56	12	2,43
Los Ríos	No	10	4,62	8	2,95
	Sí	13	5,15	12	3,50
Manabí	No	9	3,13	7	1,95
	Sí	13	3,48	12	2,36
Morona Santiago	No	10	3,91	8	2,66
	Sí	13	4,35	12	3,11
Napó	No	13	8,83	10	5,09
	Sí	13	9,84	12	6,09
Pastaza	No	10	3,82	8	2,6
	Sí	13	4,25	12	3,04
Pichincha	No	7	1,80	6	1,16
	Sí	7	1,99	6	1,38
Tungurahua	No	9	2,86	7	1,82
	Sí	13	3,18	12	2,19
	No	10	4,49	9	2,94

Zamora Chinchipe	Sí	13	5,00	12	3,46
Sucumbíos	No	10	3,88	8	2,61
	Sí	13	4,38	12	3,06
Orellana	No	9	3,29	8	2,3
	Sí	13	3,65	12	2,69
Santo Domingo de los Tsáchilas	No	12	7,86	9	4,62
	Sí	13	8,79	12	5,55
Santa Elena	No	11	5,05	9	3,19
	Sí	13	5,63	12	3,78

### 3.2 CONCLUSIONES

- La revisión bibliográfica sobre la propagación de enfermedades revela la diversidad y profundidad de los modelos matemáticos disponibles. Mientras el modelo SIR lineal brilla por su simplicidad y claridad, facilitando la interpretación de tendencias generales, los modelos SIR y SEIR no lineales capturan la complejidad de los procesos epidemiológicos reales.
- El modelo SIR lineal se destaca por su estructura simplificada para analizar la propagación de enfermedades infecciosas, ofreciendo claridad en el análisis y la interpretación de resultados. Al enfocarse en un sistema multiagente SI y excluir la variable R (recuperados), el modelo se centra en la infección activa. Además, siguiendo la metodología de Murray, se incorpora la dispersión espacial mediante una matriz Laplaciana, lo que enriquece la comprensión de la influencia de la geografía y las interconexiones poblacionales en la propagación de enfermedades, ofreciendo una visión precisa de la dinámica de la enfermedad. Este análisis se lleva a cabo utilizando un software de simulación denominado Python junto a otras librerías, las cuales permiten una interpretación más profunda y una visualización detallada de la propagación de la enfermedad en el contexto de múltiples poblaciones.
- La utilización de un modelo en espacio de estados para representar la propagación de enfermedades desde la perspectiva de sistemas multiagente, como se evidencia en las ecuaciones proporcionadas, se justifica por su capacidad para capturar con precisión la complejidad y la naturaleza interactiva de tales sistemas. Este enfoque

permite modelar detalladamente cómo diferentes provincias (agentes) interactúan entre sí.

- La simulación se inicia con un modelo SIR multiagente de tipo lineal, cuyos parámetros epidemiológicos con  $\beta = 0,1$  y  $\gamma = 0,09$ , obteniendo un  $R_0 = 1,11$ . Este enfoque se implementa en Python y utiliza la teoría de grafos para capturar las interconexiones entre más de veinte provincias ecuatorianas, excluyendo las Islas Galápagos. El modelo emplea un laplaciano construido a partir de las intersecciones de carreteras provinciales, capturando eficazmente la complejidad en la propagación de enfermedades. La simulación en espacio de estados se realiza a través de este enfoque multiagente, proporcionando una visión detallada de la dinámica de la enfermedad a nivel provincial.
- Al aplicar un algoritmo de control al proceso de propagación de enfermedades y al implementar controladores locales en un modelo matemático en lazo cerrado, se logra una mitigación de la propagación de enfermedades. La introducción de una señal de control  $N(K_{p_i}e_i(t) + K_{i_i} \int e_i(t) dt)$  es crucial para cerrar el lazo del sistema, lo que indica la efectividad de los controladores en la modificación de la dinámica del sistema. Los autovalores reales negativos en ambos modos de operación (lazo abierto y cerrado) indican que el sistema es estable. Además, la presencia de autovalores complejos en la configuración de lazo cerrado sugiere que la introducción del controlador modifica la dinámica del sistema.
- La implementación de varios controladores PI se muestra eficaz en la prevención de la propagación de enfermedades, alcanzando un  $R_0 < 1$ , lo cual indica que estas estrategias de control reducen la transmisión de la enfermedad en las poblaciones correspondientes. Además, en el sistema de lazo cerrado, el ISE registra valores más bajos que en lazo abierto. Por ejemplo, en la provincia de Napo, el ISE acumula un error de 8,83 unidades, mientras que con un controlador PI configurado con  $(K_p = -0,05, K_i = -0,001)$  en lazo cerrado, el error se reduce a 5,09 unidades, disminuyendo así el error en 3,74 unidades. Esto evidencia un mejor rendimiento del sistema con el controlador implementado.

### 3.3 RECOMENDACIONES

- Se aconseja realizar simulaciones detalladas para evaluar la propagación de la enfermedad en diferentes escenarios. Esto proporcionará información valiosa sobre cómo la enfermedad se propaga en el tiempo y en el espacio.

- Se recomienda evaluar constantemente el  $R_0$  ante cualquier cambio del sistema multiagente para determinar si habrá o no propagación de la enfermedad en cada población del sistema.



## 4 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] O. A. Montesinos-López y C. M. Hernández-Suárez, “Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas”, *Salud pública Méx*, vol. 49, núm. 3, 2007, doi: 10.1590/S0036-36342007000300007.
- [2] CDC, “El COVID-19 y su salud”, Centers for Disease Control and Prevention. Consultado: el 5 de marzo de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/your-health/about-covid-19/basics-covid-19.html>
- [3] H. G. Hernández-Orozco, “Criterios para aislamiento por enfermedades infectocontagiosas”, *Acta Pediátrica de México*, vol. 33, núm. 2, pp. 89–93, 2012.
- [4] S. M. Cioabă, *A First Course in Graph Theory and Combinatorics*. Ed. Springer, 2009.
- [5] Medline Plus, “Enfermedades infecciosas”. Consultado: el 6 de marzo de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://medlineplus.gov/spanish/infectiousdiseases.html>
- [6] OPS/OMS, “Temas - OPS/OMS | Organización Panamericana de la Salud”. Consultado: el 6 de marzo de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/temas>
- [7] M. J. Fresnadillo-Martínez, E. García-Sánchez, E. García-Merino, Á. M. Del Rey, y J. E. García-Sánchez, “Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: de dónde venimos y hacia dónde vamos”, *SEQ*, vol. 26, núm. 2, pp. 81–91, 2013.
- [8] M. Culqui Sánchez, J. Nasimba Quinatoa, y E. Chilibingua Calderón, “Aplicación del modelo matemático SEIR en la pandemia por Covid-19, relevancia en salud pública”, *Vive Revista de Salud*, vol. 3, núm. 9, pp. 275–290, dic. 2020.
- [9] P. A. G. Parra y C. Castillo-Chávez, *Modelos discretos en epidemiología: Influenza AH1N1 y COVID-19 pandemias del siglo XXI*. Ed. Autónoma de Occidente, 2022.
- [10] J. A. Delgado, “Modelo dinámico de la pandemia de COVID19”, *Sanidad Militar*, vol. 77, núm. 1, pp. 7–16, mar. 2021, doi: 10.4321/s1887-85712021000100002.
- [11] F. Bustamante-Castaneda, J.-G. Caputo, G. Cruz-Pacheco, A. Knippel, y F. Mouatamide, “Epidemic model on a network: analysis and applications to COVID-19”. arXiv, el 24 de septiembre de 2020. Consultado: el 17 de marzo de 2023. [En línea]. Disponible en: <http://arxiv.org/abs/1906.07449>
- [12] E. K. Grillo Ardila, J. Santaella-Tenorio, R. Guerrero, y Bravo, “Modelos matemáticos y el COVID-19”. Consultado: el 13 de marzo de 2023. [En línea]. Disponible en:

- [http://www.scielo.org.co/scielo.php?pid=S1657-95342020000200009&script=sci\\_arttext&tlng=es](http://www.scielo.org.co/scielo.php?pid=S1657-95342020000200009&script=sci_arttext&tlng=es)
- [13] R. K. Nagle, E. B. Saff, y A. D. Snider, *Ecuaciones Diferenciales y problemas con valores en la frontera*, 4ta edición. México: Ed. Pearson Educación, 2005.
- [14] A. Vidal Meló, “Modelos matemáticos en un problema de epidemias”, *Model. sci. educ. learn.*, vol. 9, núm. 1, p. 73, ene. 2016, doi: 10.4995/msef.2016.4426.
- [15] K. Ogata, *Ingeniería de control moderna*, Quinta. Madrid: Ed. Prentice Hall, 2010.
- [16] A. Zai y B. Brown, “Deep Reinforcement Learning in Action”, *Manning Publications Co*, p. 383, 2020.
- [17] A. M. Vieites Rodríguez, F. Aguado Martín, F. Gago Couso, M. Ladra González, G. Pérez Vega, y V. M. Vidal Martín, *Teoría de grafos. Ejercicios y problemas resueltos*. Ed. Paraninfo, S.A., 2014.
- [18] J. D. Murray, Ed., *Mathematical Biology: II: Spatial Models and Biomedical Applications*, vol. 18. en *Interdisciplinary Applied Mathematics*, vol. 18. New York, NY: Ed. Springer, 2003. doi: 10.1007/b98869.
- [19] B. Cao y T. Kang, “Nonlinear adaptive control of COVID-19 with media campaigns and treatment”, *Biochemical and Biophysical Research Communications*, vol. 555, pp. 202–209, May 2021, Doi: 10.1016/j.bbrc.2020.12.105.
- [20] A. Ianni y N. Rossi, “SIR-PID: A Proportional–Integral–Derivative Controller for COVID-19 Outbreak Containment”, *Physics*, vol. 3, núm. 3, Art. núm. 3, sep. 2021, doi: 10.3390/physics3030031.
- [21] R. Dorf y R. Bishop, *Modern Control Systems*, 12th ed. New Jersey: Ed. Prentice Hall, 2011.
- [22] J. I. Peinado, *Métodos, técnicas e instrumentos de la investigación criminológica*. Ed. Dikynson, 2015.
- [23] A. García Pinera, “Modelos de Ecuaciones Diferenciales para la Propagación de Enfermedades Infecciosas”, *UC*, pp. 1–56, 2014.
- [24] A. Boghossian, J. Brown, y S. Zak, “9.2: Control de P, I, D, PI, PD y PID”, LibreTexts español. Consultado: el 25 de enero de 2024. [En línea]. Disponible en: [https://espanol.libretexts.org/Ingenieria/Ingenier%C3%ADa\\_Industrial\\_y\\_de\\_Sistemas/Libro%3A\\_Din%C3%A1mica\\_y\\_Control\\_de\\_Procesos\\_Qu%C3%ADmicos\\_\(Woolf\)/09%3A\\_Control\\_proporcional-integral-derivado\\_\(PID\)/9.02%3A\\_Control\\_de\\_P%2C\\_I%2C\\_D%2C\\_PI%2C\\_PD\\_y\\_PID](https://espanol.libretexts.org/Ingenieria/Ingenier%C3%ADa_Industrial_y_de_Sistemas/Libro%3A_Din%C3%A1mica_y_Control_de_Procesos_Qu%C3%ADmicos_(Woolf)/09%3A_Control_proporcional-integral-derivado_(PID)/9.02%3A_Control_de_P%2C_I%2C_D%2C_PI%2C_PD_y_PID)
- [25] D. Alcaraz Candela, “Capítulo 3 Estabilidad de ecuaciones diferenciales”. [En línea]. Disponible en:

- [https://www.dmae.upct.es/~paredes/am\\_ti/apuntes/Tema%203.%20Estabilidad%20de%20Ecuaciones%20Diferenciales.pdf](https://www.dmae.upct.es/~paredes/am_ti/apuntes/Tema%203.%20Estabilidad%20de%20Ecuaciones%20Diferenciales.pdf)
- [26] QGIS, “Bienvenido al proyecto QGIS!” Consultado: el 29 de junio de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://www.qgis.org/es/site/>
- [27] J. J. Cortés Rosas, M. E. Gonzalez Cardenas, V. D. Pinilla Morán, A. Salazar Moreno, y V. H. Tovar Pérez, “Solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias con valores en la frontera”. [En línea]. Disponible en: [https://www.ingenieria.unam.mx/pinilla/PE105117/pdfs/tema5/5-6\\_valoresenlafrontera.pdf](https://www.ingenieria.unam.mx/pinilla/PE105117/pdfs/tema5/5-6_valoresenlafrontera.pdf)
- [28] K. Ogata, *Sistemas de control en tiempo discreto*. Ed. Pearson Educación, 1996.
- [29] Python, “Welcome to Python.org”, Python.org. Consultado: el 21 de noviembre de 2022. [En línea]. Disponible en: <https://www.python.org/>
- [30] S. Castañeda Hernández y A. Barrios Sarmiento, *Introducción al Álgebra Lineal*. Barranquilla: Ed. Universidad del Norte, 2012.
- [31] V. Mazzone, “Controladores PID”, Universidad Nacional de Quilmes, 2002. Consultado: el 5 de diciembre de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://www.eng.newcastle.edu.au/~jhb519/teaching/caut1/Apuntes/PID.pdf>

## 5 ANEXOS

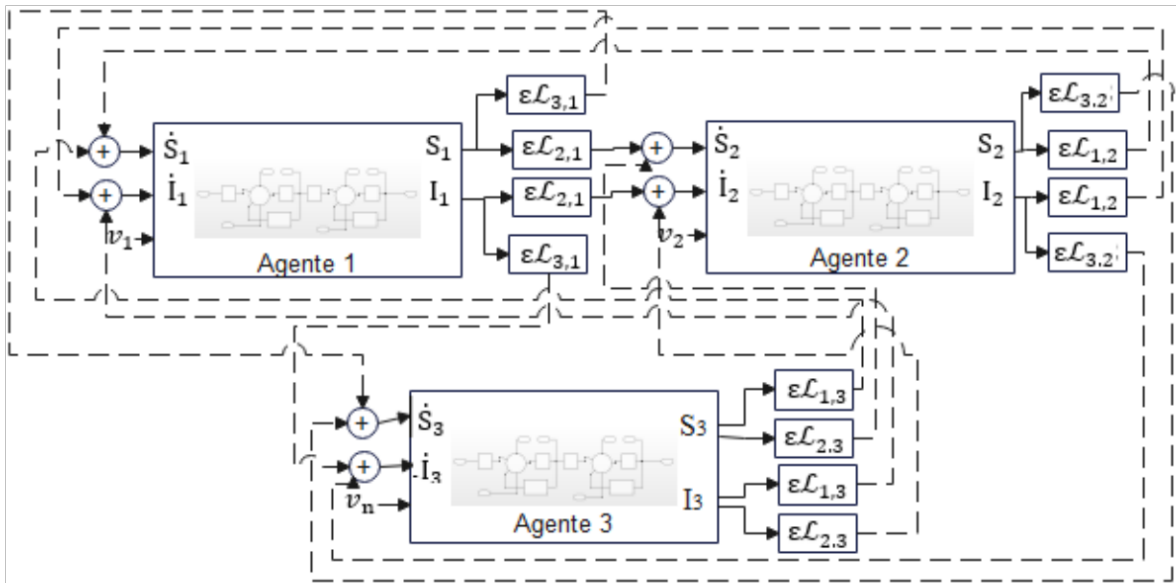
### Anexo 1. Ecuaciones del modelo SI en lazo abierto para 3 agentes

De la Ecuación 2.2 del sistema multiagente, se efectúa para 3 agentes con el propósito de observar las relaciones que se obtienen entre sí para formar el modelo del sistema para n agentes.

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{S}_3 \\ \dot{I}_1 \\ \dot{I}_2 \\ \dot{I}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \varepsilon \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \mathcal{L}_{1,2} & \mathcal{L}_{1,3} \\ \mathcal{L}_{2,1} & -\mathcal{L}_{2,2} & \mathcal{L}_{2,3} \\ \mathcal{L}_{3,1} & \mathcal{L}_{3,2} & -\mathcal{L}_{3,3} \end{pmatrix} - \beta \mathbf{E}_{3 \times 3} & 0 \\ \beta \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} & \varepsilon \begin{pmatrix} -\mathcal{L}_{1,1} & \mathcal{L}_{1,2} & \mathcal{L}_{1,3} \\ \mathcal{L}_{2,1} & -\mathcal{L}_{2,2} & \mathcal{L}_{2,3} \\ \mathcal{L}_{3,1} & \mathcal{L}_{3,2} & -\mathcal{L}_{3,3} \end{pmatrix} - \gamma \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ S_2 \\ S_3 \\ I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} N_1 v_1 \\ N_2 v_2 \\ N_3 v_3 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{S}_3 \\ \dot{I}_1 \\ \dot{I}_2 \\ \dot{I}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\varepsilon \mathcal{L}_{1,1} - \beta & \varepsilon \mathcal{L}_{1,2} & \varepsilon \mathcal{L}_{1,3} & 0 & 0 & 0 \\ \varepsilon \mathcal{L}_{2,1} & -\varepsilon \mathcal{L}_{2,2} - \beta & \varepsilon \mathcal{L}_{2,3} & 0 & 0 & 0 \\ \varepsilon \mathcal{L}_{3,1} & \varepsilon \mathcal{L}_{3,2} & -\varepsilon \mathcal{L}_{3,3} - \beta & 0 & 0 & 0 \\ \beta & 0 & 0 & -\varepsilon \mathcal{L}_{1,1} - \gamma & \varepsilon \mathcal{L}_{1,2} & \varepsilon \mathcal{L}_{1,3} \\ 0 & \beta & 0 & \varepsilon \mathcal{L}_{2,1} & -\varepsilon \mathcal{L}_{2,2} - \gamma & \varepsilon \mathcal{L}_{2,3} \\ 0 & 0 & \beta & \varepsilon \mathcal{L}_{3,1} & \varepsilon \mathcal{L}_{3,2} & -\varepsilon \mathcal{L}_{3,3} - \gamma \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ S_2 \\ S_3 \\ I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} N_1 v_1 \\ N_2 v_2 \\ N_3 v_3 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{S}_3 \\ \dot{I}_1 \\ \dot{I}_2 \\ \dot{I}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (-\varepsilon \mathcal{L}_{1,1} - \beta) S_1 + \varepsilon \mathcal{L}_{1,2} S_2 + \varepsilon \mathcal{L}_{1,3} S_3 \\ \varepsilon \mathcal{L}_{2,1} S_1 + (-\varepsilon \mathcal{L}_{2,2} - \beta) S_2 + \varepsilon \mathcal{L}_{2,3} S_3 \\ \varepsilon \mathcal{L}_{3,1} S_1 + \varepsilon \mathcal{L}_{3,2} S_2 + (-\varepsilon \mathcal{L}_{3,3} - \beta) S_3 \\ \beta S_1 + (-\varepsilon \mathcal{L}_{1,1} - \gamma) I_1 + \varepsilon \mathcal{L}_{1,2} I_2 + \varepsilon \mathcal{L}_{1,3} I_3 \\ \beta S_2 + \varepsilon \mathcal{L}_{2,1} I_1 + (-\varepsilon \mathcal{L}_{2,2} - \gamma) I_2 + \varepsilon \mathcal{L}_{2,3} I_3 \\ \beta S_3 + \varepsilon \mathcal{L}_{3,1} I_1 + \varepsilon \mathcal{L}_{3,2} I_2 + (-\varepsilon \mathcal{L}_{3,3} - \gamma) I_3 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} N_1 v_1 \\ N_2 v_2 \\ N_3 v_3 \end{bmatrix}$$



## **Anexo 2.** Descripción en la simulación del grafo y cálculo de la matriz Laplaciana

- **Cartografía del Ecuador con coordenadas UTM**

Este programa realiza varias operaciones utilizando bibliotecas de Python para procesar datos geoespaciales y generar un gráfico de dispersión de las provincias, detallados a continuación:

1. Se importan bibliotecas como NumPy, Pandas, Matplotlib, Shapefile y UTM para habilitar el procesamiento de datos geoespaciales y visualización.
2. Se carga un archivo Shapefile que contiene información geoespacial de las provincias del Ecuador. Estos datos se almacenan en la variable provinciasSh.
3. Se itera a través de cada provincia en provinciasSh utilizando un bucle for para procesar la información de cada provincia.
4. Se crea un diccionario llamado provincia para almacenar información sobre cada provincia, como su nombre, coordenadas, población e infectados. Algunas provincias tienen casos iniciales de infectados, como en el caso de Guayas.
5. Se verifica si la provincia ya está en la lista provnames para evitar duplicados. Si no está en la lista, se agrega a la lista y se almacena en provinciasVector.
6. Para cada provincia en provinciasVector, se convierten las coordenadas geográficas (latitud y longitud) a coordenadas UTM (Universal Transverse Mercator) utilizando la función `utm.from_latlon()`. Esto se realiza para todas las coordenadas de la provincia.
7. Se crea un polígono UTM para cada provincia basado en las coordenadas UTM de sus puntos. Esto se almacena en `ep['poligonoUTM']`.
8. Finalmente, se utiliza Matplotlib para crear un gráfico de dispersión que muestra la ubicación de las provincias en función de sus coordenadas UTM.

- **Interconexión entre provincias y generación de la matriz Laplaciana a través de la red de carreteras.**

Este programa realiza una serie de operaciones para analizar las conexiones entre provincias a través de carreteras, y finalmente imprime una matriz que representa estas conexiones, detallados a continuación:

1. Se importan las bibliotecas necesarias, incluyendo shapefile, NumPy, y `shapely.geometry`.

2. Se carga un archivo Shapefile que contiene información sobre las carreteras. Este archivo se almacena en la variable roadSh.
3. Se inicializa una lista vacía llamada roadVs para almacenar los puntos que definen las carreteras.
4. Se crea una matriz mtl llena de ceros con dimensiones basadas en la cantidad de provincias.
5. Se itera a través de cada registro de carretera en roadSh utilizando un bucle for.
6. Se verifica si el tipo de carretera (en el campo con índice 17 del registro) es "Hard / Paved".
7. Si la carretera es "Hard / Paved," se extraen los puntos que definen la carretera y se almacenan en la lista puntosRoad.
8. Se inicia una variable provInicio para llevar un registro de la provincia a la que pertenece el punto de inicio de la carretera.
9. Se itera a través de cada punto de la carretera y se verifica en qué provincia cae el punto utilizando la función puntoRoad.within(prov['poligonoUTM']).
10. Se registra la conexión entre provincias actualizando la matriz mtl. Si se conecta una provincia A con una provincia B, se aumenta el valor en mtl[A][B] y mtl[B][A] en 1.
11. Después de procesar todas las carreteras, se realiza un ajuste en la matriz mtl para evitar contar doblemente las conexiones.
12. Finalmente, se imprime la lista de nombres de provincias en provnames y la matriz mtl, que muestra la cantidad de conexiones entre provincias.

- **Generación del Grafo**

Este programa utiliza la biblioteca NetworkX para crear un grafo que representa las conexiones entre provincias y, posteriormente, dibuja un gráfico basado en ese grafo. A continuación, se describen los pasos en la simulación:

1. Se importa la biblioteca NetworkX con la abreviatura nx.
2. Se crea un objeto de grafo vacío G utilizando nx.Graph().
3. Agregar nodos al grafo:

- a. Se inicia un bucle for para iterar a través de las provincias representadas en provinciasVector.
  - b. Para cada provincia, se agrega un nodo al grafo G. Cada nodo contiene la siguiente información, i: El índice de la provincia en provinciasVector, 'name': El nombre de la provincia y 'pos': La posición en el plano (x, y) del centro del polígono de la provincia.
  - c. Los nodos se agregan al grafo utilizando G.add\_nodes\_from().
4. Agregar bordes al grafo:
- a. Se inicia otro bucle for para iterar a través de las provincias en provinciasVector nuevamente.
  - b. Para cada par de provincias (provincia[i], provincia[n]), se verifica si hay una conexión entre ellas según los valores almacenados en la matriz mtl. Si mtl[i, n] es mayor que cero, significa que hay una conexión.
  - c. Si se encuentra una conexión, se agrega un borde ponderado al grafo G utilizando G.add\_edge(). El peso del borde se establece como el valor entero de mtl[i, n].
5. Se crea un diccionario de atributos para las posiciones de los nodos y los nombres de las provincias en el grafo G. Esto es necesario para el siguiente paso.
6. Dibujo del grafo:
- a. Se utiliza la función nx.draw() para dibujar el grafo G en un plano, basándose en las posiciones y atributos definidos anteriormente.
  - b. Se muestran etiquetas en los nodos con with\_labels=True.
  - c. Los nombres de las provincias se muestran en negrita con font\_weight='bold'.
  - d. El ancho de los bordes en el gráfico se determina por los pesos de los bordes.

### Anexo 3. Visualización de la matriz Laplaciana con Python

Se presenta un algoritmo que procesa datos geográficos de caminos en Ecuador, enfocándose en aquellos pavimentados. Su objetivo es determinar la conexión entre provincias mediante estos caminos. Utiliza archivos shapefile para extraer y analizar la información relevante, estableciendo un mapa claro de las rutas pavimentadas entre distintas localidades. La conexión entre provincias da a lugar a la matriz laplaciana.

['azuay', 'bolivar', 'cañar', 'carchi', 'cotopaxi', 'chimborazo', 'el oro', 'esmeraldas', 'guayas', 'imbabura', 'loja', 'los rios', 'manabi', 'morona santiago', 'napo', 'pastaza', 'pichincha', 'tungurahua', 'zamora chinchipe', 'sucumbios', 'orellana', 'santo domingo de los tsachilas', 'santa elena']

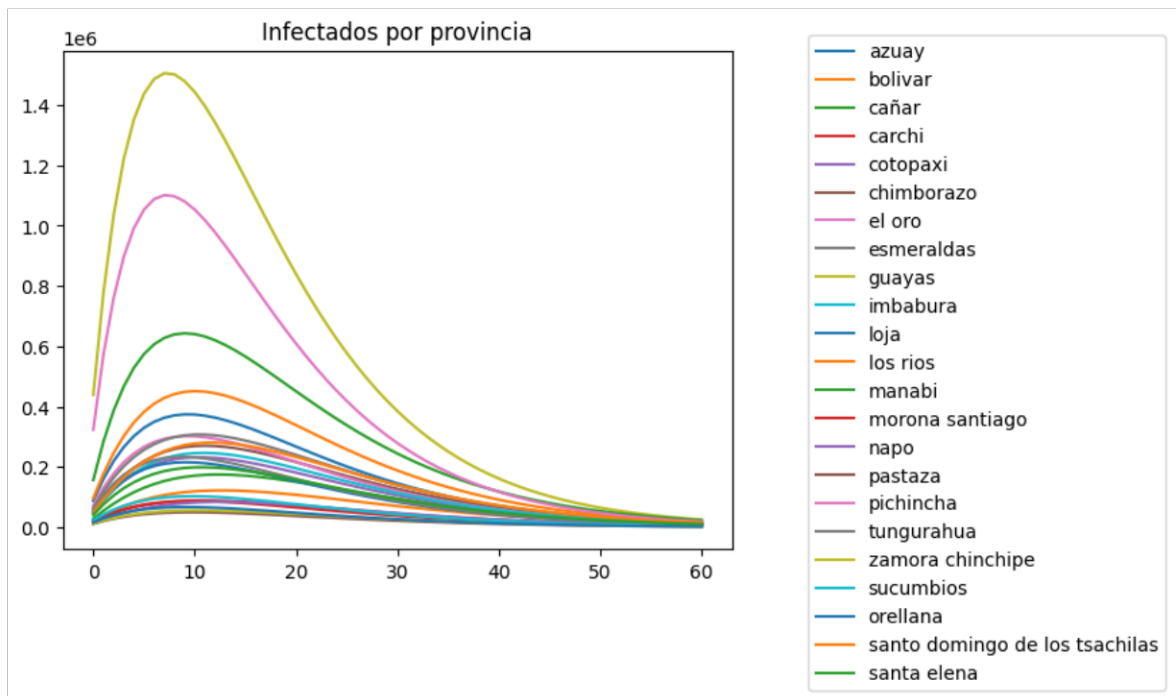
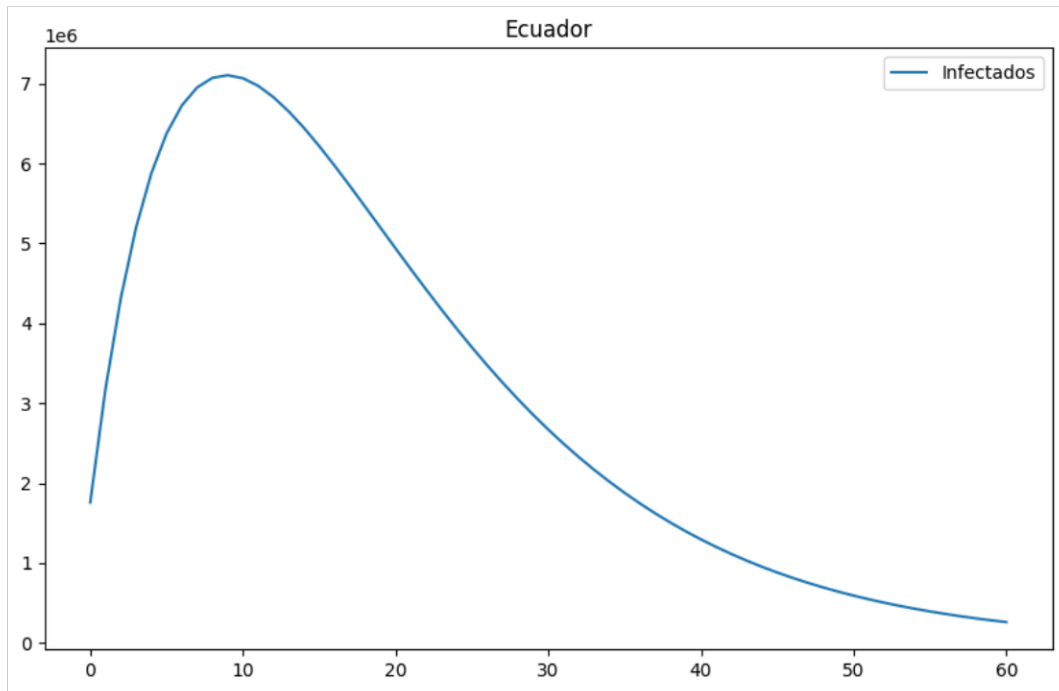
```
[[ -21.  0.  9.  0.  0.  0.  3.  0.  4.  0.  1.  0.  0.  3.  0.  0.  0.  0.  1.  0.  0.  0.  0.]
 [  0. -14.  0.  0.  2.  1.  0.  0.  0.  0.  0.  7.  0.  0.  0.  0.  0.  4.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  9.  0. -13.  0.  0.  2.  0.  0.  2.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0. -10.  0.  0.  0.  0.  0.  8.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0.]
 [  0.  2.  0.  0. -13.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  3.  0.  0.  2.  0.  3.  2.  0.  0.  0.  0.  1.  0.]
 [  0.  1.  2.  0.  0. -13.  0.  0.  4.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  6.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  3.  0.  0.  0.  0.  0. -10.  0.  1.  0.  6.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0. -11.  0.  1.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  5.  0.  0.  0.  0.  0.  5.  0.]
 [  4.  0.  2.  0.  0.  4.  1.  0. -24.  0.  0.  9.  2.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.]
 [  0.  0.  0.  8.  0.  0.  0.  1.  0. -15.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  6.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  1.  0.  0.  0.  0.  0.  6.  0.  0.  0. -9.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  7.  0.  0.  3.  0.  0.  0.  9.  0.  0. -23.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  4.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0. -5.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  1.]
 [  3.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0. -8.  0.  4.  0.  0.  1.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0. -4.  0.  2.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  4.  0. -6.  0.  1.  0.  0.  1.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  3.  0.  0.  5.  0.  6.  0.  0.  0.  0.  2.  0. -24.  0.  0.  1.  0.  7.  0.  0.]
 [  0.  4.  0.  0.  2.  6.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  1.  0. -13.  0.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  1.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  1.  0.  0.  0.  0. -4.  0.  0.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  1.  0.  0. -8.  5.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  1.  0.  0.  0.  5. -6.  0.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  1.  0.  0.  5.  0.  0.  0.  4.  2.  0.  0.  0.  7.  0.  0.  0.  0. -19.  0.  0.]
 [  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  2.  0.  0.  0.  1.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0.  0. -3.]]
```



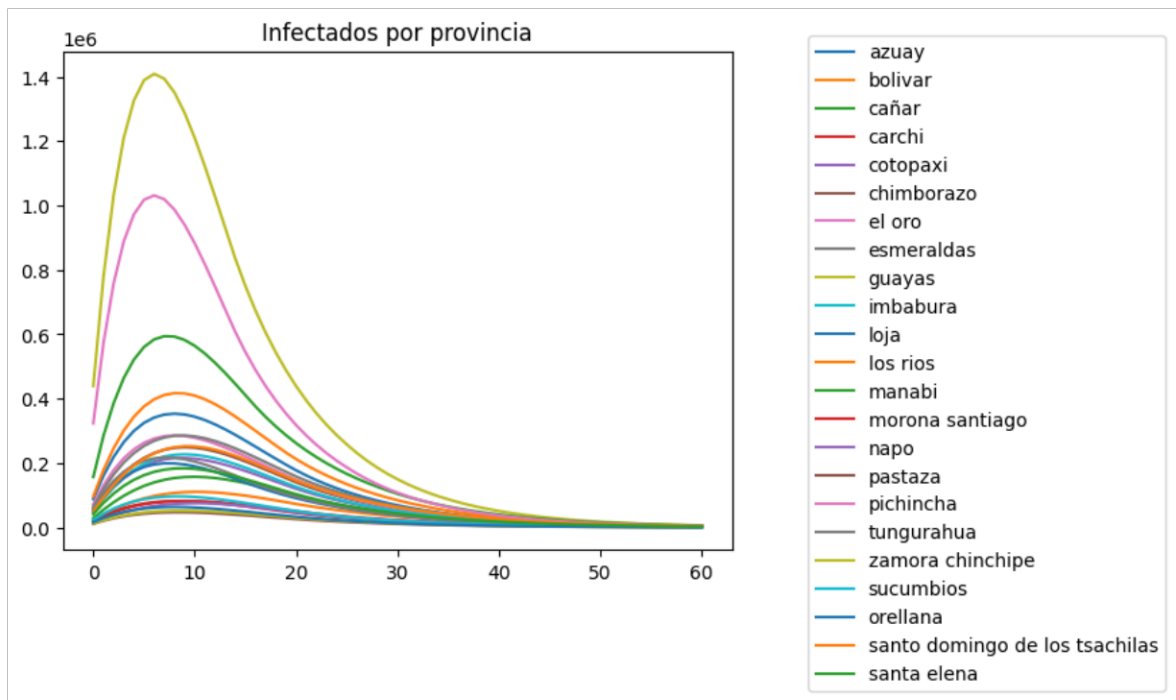
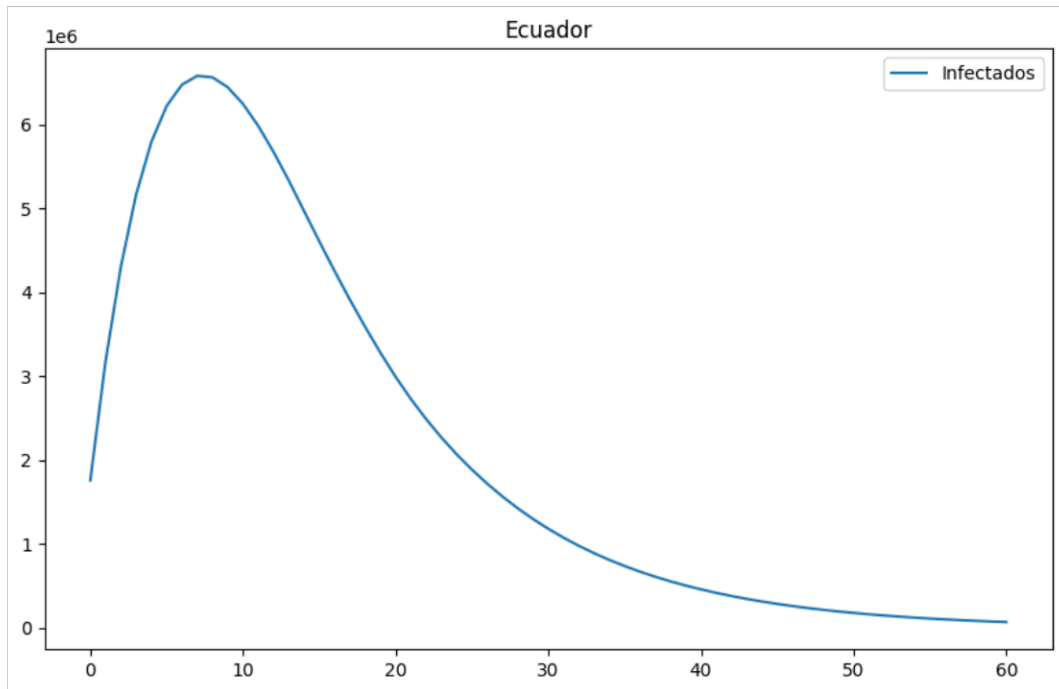
**Anexo 4.** Gráfica de infectados con/sin controlador PI y con/sin perturbación.

En las siguientes Figuras se observa el comportamiento de infectados por provincias del Ecuador ya sea en lazo abierto (sin controlador) y en lazo cerrado (con controlador PI). Además, se observan los infectados con/sin perturbación.

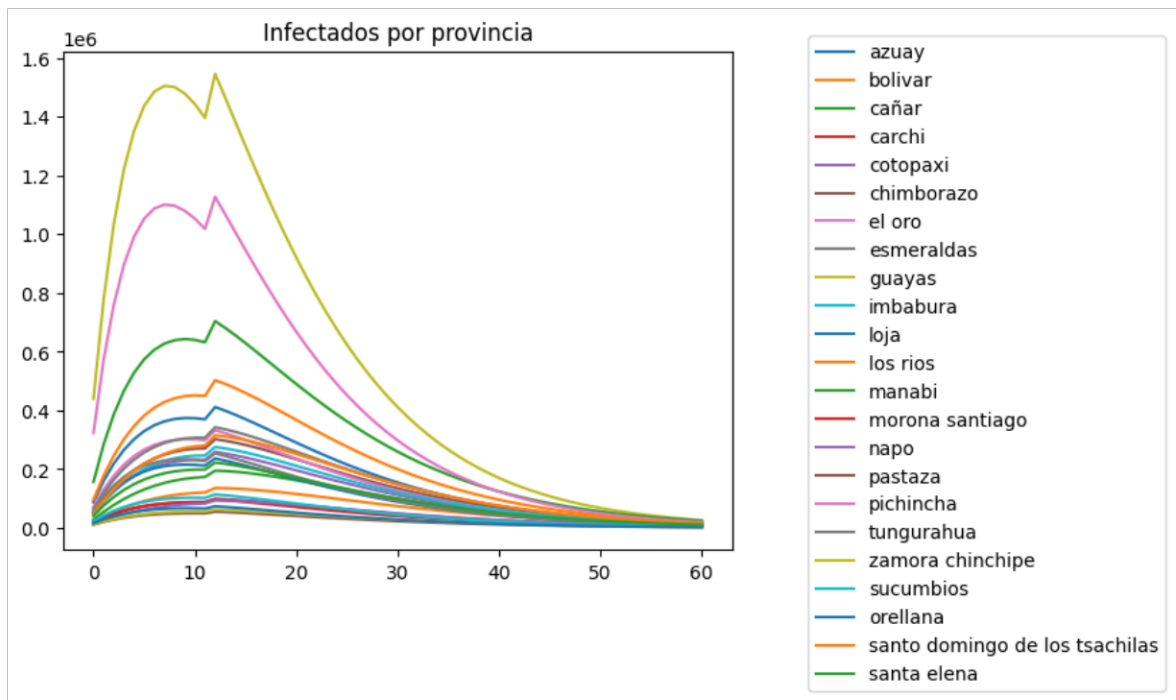
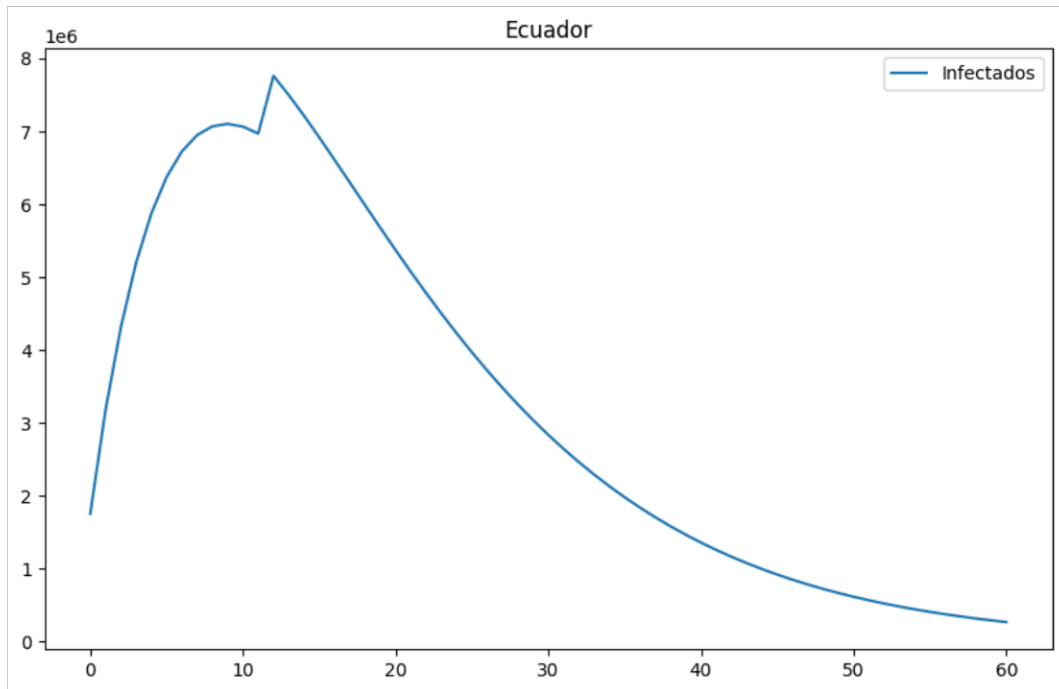
- Sin controlador y sin perturbación



- Con controlador y sin perturbación



- Sin controlador y con perturbación



- Con controlador y con perturbación

