

Numerical Exploration of the Parametric Identification and Delay Reconstruction Problem on Epidemiological Models using Evolutionary Algorithms^{*}

Anahí Flores-Pérez^{*} Marcos A. González-Olvera^{**}
Gustavo Chávez-Peña^{***}

^{*} Facultad de Ingeniería, UNAM. División de Ciencias Básicas
(e-mail: afloresperez@comunidad.unam.mx).

^{**} Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Colegio de Ciencia
y Tecnología (e-mail: marcos.angel.gonzalez@uacm.edu.mx)

^{***} Facultad de Ingeniería, UNAM. División de Ingeniería Eléctrica
(e-mail: chavezpenagustavo@gmail.com).

Resumen: The emergence of the COVID-19 pandemic in December 2019, caused by the SARS-CoV-2 virus, has prompted extensive analysis using mathematical models like SIR (Susceptible, Infected, Recovered) and SEIR (Susceptible, Exposed, Infected, Recovered) to comprehend the dynamics of the disease. Recent advancements in model refinement include the incorporation of time delays to account for incubation and recovery periods, as well as adaptations to encompass the transmission by asymptomatic individuals. However, the precise identification of parameters in these models remains a challenging task due to incomplete and non-uniform data.

This study delves into the utilization of numerical algorithms, specifically Particle Swarm Optimization and Genetic Algorithms, to optimize parameters and delay times in SIR models based on recent pandemic data. The performance of both algorithms is explored through the testing of parameter identification under varying levels of uncertainty in measures of infected patients. The results of this research aim to improve the understanding of the COVID-19 pandemic and contribute to the refinement of mathematical models for analyzing infectious disease dynamics.

Keywords: Epidemiological model,

1. INTRODUCCIÓN

A finales de diciembre de 2019, un conjunto de casos de neumonía inexplicable en las inmediaciones de Wuhan, China, detonó el inicio y evolución del brote viral mundial por enfermedad debida al virus SARS-COV-2. En México hasta el año 2022, esta enfermedad ha causado alrededor de 7 millones de pacientes confirmados y más de 300 mil muertes (CONAHCyT, 2023). Para tratar de entender la diseminación y progresión de un brote epidémico como el debido al SARS-COV-2, los enfoques matemáticos basados en modelos de compartimientos diferenciados, como los modelos SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados) y SEIR (Susceptibles-Expuestos-Infectados-Recuperados) (como se reporta en los primeros trabajos por Kermack and McKendrick (1927)), han probado múltiples ventajas

en una extensa variedad de análisis (Vytla et al. (2021)). Por ejemplo, diferentes modelos compartimentales correctamente ajustados a los datos reales han ayudado a proyectar perspectivas a micro y macroescala, a delinear panoramas a corto y largo plazo y a entender aspectos directa e indirectamente relacionados con el contagio (Jordan et al. (2021)).

Para lograr lo anterior ha sido necesaria una identificación precisa de los parámetros del modelo lo cual sigue siendo un problema abierto porque en el contexto incierto de una epidemia típica los datos disponibles son, por lo general, heterogéneos o están incompletos (Arino et al., 2007; Mummert, 2013; Lange, 2016; Magal and Webb, 2018). Como una alternativa eficiente y robusta para la estimación de parámetros, algoritmos numéricos de minimización en problemas complejos han sido desarrollados, generalmente inspirados en procesos biológicos, tales como el algoritmo de *Enjambre de partículas* y *Algoritmos Genéticos* (PSO y GA, por sus siglas en inglés, respectivamente). El primero pertenece al conjunto de los llamados *Algoritmos Evolutivos* y se inspira en el comportamiento social y colectivo de diferentes especies animales que, con

^{*} Los autores desean agradecer su apoyo para la realización de este trabajo a la Facultad de Ingeniería, UNAM, mediante el *Programa Capital semilla de apoyo para proyectos de investigación y desarrollo tecnológico realizados por jóvenes académicas y académicos*, proyecto #7; y a la Universidad Autónoma de la Ciudad de México (Colegio de Ciencia y Tecnología) mediante el proyecto UACM-CCYT-2023- IMP-05.

base en una comunicación, buscan encontrar la mejor solución a un determinado problema (Wang et al., 2018). El segundo es un tipo de algoritmo evolutivo que busca emular los procesos de evolución, recombinación y mutación de genes en poblaciones de especies animales con el fin de determinar un mínimo global en funciones a minimizar (Lambora et al., 2019). Este último ha sido empleado de forma exitosa en la reconstrucción de parámetros en sistemas no lineales que describen fenómenos biológicos (Gallardo-Hernández et al., 2022). Por otro lado, es bien conocido que los modelos SIR y SEIR tradicionales no capturan ciertos aspectos dinámicos característicos de la infección por SARS-COV-2 como el tiempo entre la exposición al virus y la aparición de los primeros síntomas o el retardo en la respuesta inmunológica una vez que se ha producido el contagio. En este sentido, está comprobado que la introducción de factores de retardo temporal pueden aportar mejoras para proporcionar descripciones más precisas y herramientas más robustas en la planificación y respuesta ante pandemias (Ebraheem et al., 2021). Sin embargo, la introducción de retardos hará al problema de identificación paramétrica más complicado porque tales parámetros son no lineales, incrementan la dimensión del espacio donde está inmerso el modelo e intensifican la carga computacional de los esquemas de estimación. En este sentido, algunos algoritmos han sido propuestos, aunque la reconstrucción paramétrica de retardos sigue siendo un área de investigación activa (Chen et al., 2020b; Ebraheem et al., 2021; Waschburger and Galvão, 2013).

En este trabajo se muestra una exploración numérica de la aplicación de los algoritmos de minimización PSO y GA para obtener no solo los parámetros escalares de un sistema SIR, sino también los tiempos de retardo inherentes al modelo. El documento está organizado de la siguiente manera: en la Sección 2 se introduce el contexto y la relevancia de los modelos epidemiológicos, como SIR y SEIR, en el estudio de la dinámica del COVID-19, junto con una descripción del modelo SIR con tiempos de incubación y recuperación, resaltando la importancia de incluir retardos temporales. En la Sección 3 se describen los algoritmos de minimización empleados para la identificación paramétrica y la reconstrucción de retardos. Posteriormente, en la Sección 4 se muestran los resultados numéricos obtenidos con los algoritmos utilizados, y finalmente, en la Sección 5 se discuten las conclusiones y posibles futuras líneas de investigación basadas en los resultados obtenidos.

2. MODELO SIR CON TIEMPOS DE INCUBACIÓN Y RECUPERACIÓN

El modelo SIR se basa en la subdivisión de la población en tres compartimientos: S , I y R (susceptibles-infectados-recuperados). Se considera que un individuo es susceptible cuando no ha sido infectado pero puede serlo con una probabilidad directamente proporcional al número de contactos con individuos enfermos. La constante de proporcionalidad es β la cual define el número de infecciones que un caso confirmado puede provocar por unidad de tiempo. Una vez infectado, un individuo puede recuperarse y adquirir total inmunidad o fallecer debido a causas directamente asociadas con la enfermedad. En el primer

caso, el individuo es incorporado al compartimiento R a una velocidad igual al número de recuperados por unidad de tiempo γ . En el segundo caso, la tasa de muertes se define por la constante α la cual debe reducirse lo más pronto posible durante la evolución de una pandemia dada. En resumen, el modelo SIR anteriormente descrito puede ser representado por el esquema de la Figura 1 (con $\tau_1 = \tau_2 = 0$) y definido por el siguiente conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) - \alpha I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t).\end{aligned}$$

Aunque el modelo SIR ha sido ampliamente usado en el estudio simplificado de la enfermedad causada por el virus SARS-COV-2 con resultados muy relevantes (Wang et al. (2020)), es posible hacer diferentes modificaciones para representar de mejor manera aspectos particulares de esta enfermedad. Por ejemplo, las características clínicas de esta infección indican un periodo medio de incubación de 3 días (en un rango muy variable de 0 a 24 días) dentro del cual se ha tenido exposición al virus pero los signos y síntomas aún no aparecen por primera vez (Guan et al. (2020)). La modelización de esta situación en el sistema SIR puede lograrse incorporando un tiempo de retardo $\tau_1 > 0$ directamente en la dinámica lo cual representaría el tiempo en que un individuo susceptible tarda en ser trasladado del compartimiento de susceptibles al de infectados donde muestra signos y síntomas típicos de un contagio. Una vez que la infección es clínicamente confirmada, el tiempo promedio de recuperación es de 1 a 3 semanas lo cual depende en gran medida de numerosos factores como la severidad de los síntomas, el estado general del sistema inmune del paciente y el posible tratamiento (Chen et al. (2020a)). Para incluir el tiempo de recuperación, el sistema SIR es modificado con un segundo tiempo de retardo $\tau_2 > 0$ que representa el tiempo en el que un individuo con contagio confirmado puede ser removido del compartimiento de infectados e incorporado al de recuperados.

Los tiempos de retardo anteriormente descritos son abordados en el trabajo (Ebraheem et al., 2021). Un esquema de progresión entre los diferentes compartimientos con retardos de incubación y recuperación se muestra en la Figura 1. De esta forma, el modelo compartimental SIR retardado será expresado por

$$\begin{cases} \dot{S}(t) &= -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2) - \alpha I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t). \end{cases} \quad (1)$$

donde se debe cumplir que $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, donde $N(t)$ es número total de individuos en la población bajo estudio en un cierto instante de tiempo t .

El sistema (1) es un conjunto de ecuaciones diferenciales cuya solución depende no solo de los valores actuales de sus variables sino también de valores en un intervalo de tiempo previo cuyo ancho es definido por el retardo de mayor valor absoluto (Michiels and Niculescu (2007)). Esta característica provoca que la solución esté inmersa en un espacio de dimensión infinita cuyo comportamiento

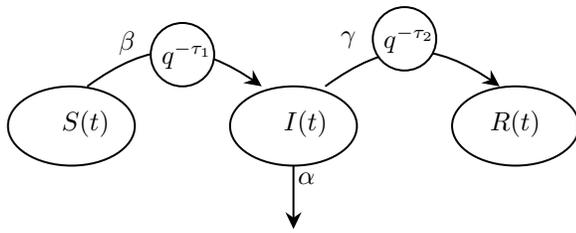


Figura 1. Esquema compartimental del modelo SIR con retardos, considerando el periodo de incubación τ_1 y el tiempo de recuperación τ_2 . El término $q^{-\tau}$ indica el operador retardo $x(t - \tau) \triangleq q^{-\tau}x(t)$. Este esquema recupera el modelo SIR sin retardos al hacer $\tau_1 = \tau_2 = 0$.

inicial es determinado por una función continua mas que por un conjunto de valores fijos o condiciones iniciales. Si $N(0)$ es el número total de individuos en la población bajo estudio, la función de condición inicial para el sistema (1) puede ser escrita como $S(0) = N(0) - I(0)$ y $R(0) = 0$, $\forall t \in [-\tau, 0]$, $\tau = \max(\tau_1, \tau_2)$, donde $I(0)$ es el porcentaje inicial de individuos infectados.

3. ALGORITMOS DE MINIMIZACIÓN

En el campo de la optimización de problemas no lineales, se busca encontrar el conjunto óptimo de parámetros que minimicen una función objetivo o *función de costo*, la cual puede representar diversas métricas como el error cuadrático medio entre datos observados y datos modelados. Estos problemas son intrínsecamente complejos debido a la presencia de múltiples variables interdependientes, restricciones no lineales y la posibilidad de múltiples óptimos locales. Los algoritmos de minimización para problemas no lineales abordan estos desafíos mediante técnicas iterativas que exploran el espacio de búsqueda de manera eficiente, adaptándose dinámicamente a la topología del problema para converger hacia la solución óptima global (Kachitvichyanukul, 2012). Estos métodos son particularmente útiles en contextos donde los modelos matemáticos son complicados y los datos disponibles pueden ser ruidosos o incompletos, requiriendo soluciones robustas y precisas que sean capaces de manejar la incertidumbre y la complejidad inherente del problema.

3.1 Optimización por Enjambre de Partículas

El algoritmo de PSO es un método computacional que emula la búsqueda de soluciones específicas en poblaciones de aves o insectos, donde se busca el mínimo (o máximo) de un problema, basado en una función de costo, explorando de forma iterativa soluciones candidatas y evaluando su desempeño. Las soluciones candidatas son agrupadas en vectores, nombradas *partículas*, y simula su movimiento emulando la inercia, disipación y comunicación entre ellas para influenciarse mutuamente hacia la mejor posición conocida local y globalmente. Cada posición es determinada por el valor de los parámetros del vector, y se actualizan a medida que otras partículas encuentran mejores posiciones. Se espera que esto mueva al enjambre hacia las mejores soluciones (Song and Gu, 2004; Wang et al., 2018).

Si se considera el vector de parámetros de solución $\theta = (\theta_1 \theta_2 \dots \theta_p)$, se proponen entonces $N_p \in \mathbf{Z}$ posibles soluciones en una primera iteración $\Theta_1 = \{\theta^{(1,1)}, \theta^{(1,2)}, \dots, \theta^{(1,N_p)}\}$. Se modela entonces cada i -ésima solución de forma similar a una partícula, cuya posición en el espacio p -dimensional está definida por $\theta^{(i)}$. De esta forma, si cada partícula tiene una masa m , el medio presenta una fricción descrita por la fuerza $F_b = b\dot{\theta}^{(i)}$ y fuerzas externas F_1, F_2 , describen el comportamiento cognitivo y social de cada partícula, con lo que la dinámica está dada por $m\ddot{\theta}^{(i)} + b\dot{\theta}^{(i)} = F_1^{(i)}(t) + F_2^{(i)}(t)$. La velocidad de movimiento de cada partícula está dada por $v^{(i)} = \dot{\theta}^{(i)}$, por lo tanto $m\dot{v}^{(i)} + bv^{(i)} = F_1^{(i)}(t) + F_2^{(i)}(t)$. Al discretizar la solución mediante el método de Euler empleando $\dot{v}^{(i)}(t) \approx \frac{v^{(i)(t+h)} - v^{(i)}(t)}{h}$, donde h es una constante y definiendo $v_k^{(i)} \triangleq v^{(i)}(kh)$, se obtiene

$$\frac{m}{h} (v_{k+1}^{(i)} - v_k^{(i)}) + bv_k = F_{1,k} + F_{2,k}.$$

Las fuerzas externas modelan la comunicación entre las diferentes partículas tanto de aquellas que hayan encontrado un valor mínimo local como de aquellas que hayan encontrado el menor valor de la función hasta el momento, mediante

$$F_1(t) \propto w_1 u_1 (\theta_{min,g} - \theta^{(i)}(t)),$$

$$F_2(t) \propto w_2 u_2 (\theta_{min,l} - \theta^{(i)}(t)),$$

donde w_1 y w_2 son pesos de diseño que se asignan a cada fuerza, $\theta_{min,g}$ es el mínimo global encontrado por esta u otras partículas, $\theta_{min,l}$ el mínimo local en el vecindario de $\theta^{(i)}$, y u_1 y u_2 son valores aleatorios que permiten que cada partícula explore los alrededores. Finalmente, la actualización de la velocidad de movimiento de cada partícula se puede escribir como

$v_{k+1}^{(i)} = Wv_k^{(i)} + w_1 u_1 (\theta_{min,g} - \theta_k^{(i)}) + w_2 u_2 (\theta_{min,l} - \theta_k^{(i)})$, y el valor (posición) de cada partícula se actualiza mediante

$$\theta_{k+1}^{(i)} = \theta_k^{(i)} + v_{k+1}^{(i)}.$$

3.2 Algoritmos Genéticos

Por su parte, los algoritmos genéticos pertenecen a los llamados *algoritmos evolutivos*, que en este caso buscan emular los procesos de evolución biológica y selección natural aplicados a métodos de optimización (Lambora et al., 2019). En este caso, cada solución candidata $\theta^{(i)}$ es llamada *gen*, y el conjunto de soluciones de cada iteración son llamadas *cromosoma*. El procedimiento general comienza con la generación aleatoria de una población inicial de individuos $\theta^{(0)}$, cada uno representando una solución potencial al problema. A continuación, cada individuo se evalúa mediante una función de costo que determina su calidad en relación con la solución buscada. Los individuos con mejor desempeño son seleccionados para reproducirse y crear la siguiente generación mediante procesos de cruzamiento y mutación, generando así nuevos individuos que heredan características de sus padres con algunas variaciones. Los ciclos de selección, cruzamiento, mutación y elitismo se repiten iterativamente hasta que se cumple un criterio de parada, como alcanzar un número

máximo de generaciones o la convergencia de la función de costo. Cada iteración es llamada *generación*, cuyos nuevos genes son obtenidos a partir de recombinaciones de los genes del cromosoma actual. Aquellas soluciones que presenten los mejores valores de la función de costo a minimizar son copiados y preservados para la siguiente generación. Finalmente, los valores son modificados de forma aleatoria, en un proceso llamado *mutación*, de forma que se puedan explorar valores cercanos.

Los resultados obtenidos, ya sea después de alcanzar un umbral objetivo de la función de costo, o bien tras un número predefinido de iteraciones, pueden mejorarse mediante variantes híbridas que combinan el GA con otros métodos de optimización local, como Gauss, Newton-Raphson o técnicas de búsqueda de gradiente (El-Mihoub et al., 2006), de forma que se refinen las soluciones obtenidas. De esta forma se aprovecha la capacidad global de exploración de los algoritmos genéticos junto con la precisión de los métodos de optimización local, especialmente útiles en aplicaciones complejas como la identificación de parámetros en modelos epidemiológicos (Qiu et al., 2022). Finalmente, es posible añadir al proceso pasos de minimización locales de diversa naturaleza (Gauss, Newton-Raphson, etc.), logrando algoritmos *híbridos*.

4. APLICACIÓN AL MODELO SIR CON RETARDOS

Una consideración física razonable en el sistema (1) es que únicamente se conoce el valor de los infectados la cual presenta errores en la medición definidos por $v(t)$. La salida del modelo estará entonces dada por

$$y(t) = I(t) + v(t). \quad (2)$$

Para obtener la estimación de la dinámica (1) se usarán las expresiones

$$\begin{cases} \dot{\hat{S}}(t) = -\hat{\beta}\hat{S}(t - \hat{\tau}_1)\hat{I}(t - \hat{\tau}_1), \\ \dot{\hat{I}}(t) = \hat{\beta}\hat{S}(t - \hat{\tau}_1)\hat{I}(t - \hat{\tau}_1) - \hat{\alpha}\hat{I}(t) - \hat{\gamma}\hat{I}(t - \hat{\tau}_2), \end{cases} \quad (3)$$

donde $(\hat{\cdot})$ denota valor estimado del parámetro involucrado. Considerando que el sistema es muestreado mediante $t = hk$, con h el tiempo de muestreo, y contando con N muestras disponibles, se define la función a minimizar

$$J(\hat{\theta}) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N (y_k - \hat{y}_k)^2} \quad (4)$$

donde $\hat{\theta} = (\hat{\alpha}, \hat{\beta}, \hat{\gamma}, \hat{\tau}_1, \hat{\tau}_2)$, $y_k = I(hk)$, $\hat{y}_k = \hat{I}(hk)$.

Dadas las características particulares del modelo SIR, es claro que tanto las variables $S(t)$ e $I(t)$, los parámetros α , β , γ , así como los retardos desconocidos τ_1 y τ_2 no pueden ser negativos y generalmente se pueden estimar dentro de un conjunto dado por

$$\Omega_{\theta} = \{(\alpha, \beta, \gamma, \tau_1, \tau_2) | \alpha \in (\bar{\alpha}, \underline{\alpha}), \beta \in (\bar{\beta}, \underline{\beta}), \gamma \in (\bar{\gamma}, \underline{\gamma}), \tau_1 \in (\bar{\tau}_1, \underline{\tau}_1), \tau_2 \in (\bar{\tau}_2, \underline{\tau}_2)\}. \quad (5)$$

Por lo tanto, la aplicación de los algoritmos discutidos en la Sección 3 considera la minimización de (4) con las restricciones dadas por (5).

5. RESULTADOS

Con el fin de comprobar la eficiencia y convergencia de los métodos mostrados en las secciones 3.1 y 3.2, se generaron

	β	γ	τ_1	τ_2
Real:	0.18	0.03	3	8
PSO:	0.1797	0.029434	3.0306	7.7596
GA:	0.18396	0.029461	3.3192	7.8668

Tabla 1. Resultados de estimación obtenidos con datos contaminados con ruido $\sigma_I = 0.1$.

	β	γ	τ_1	τ_2
Real:	0.18	0.03	3	8
PSO:	0.16723	0.029904	2.1434	7.6137
GA:	0.16314	0.030007	1.8628	7.5654

Tabla 2. Resultados de estimación obtenidos con datos contaminados con ruido $\sigma_I = 0.3$.

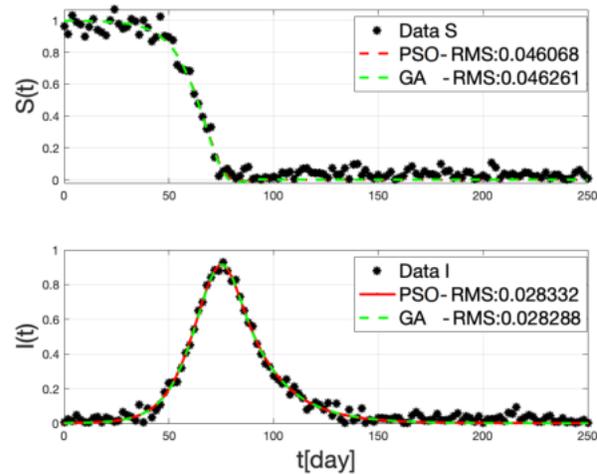


Figura 2. Resultados de identificación para el caso $\alpha = 0.01$, $\beta = 0.18$, $\gamma = 0.03$, $\tau_1 = 3$, $\tau_2 = 8$ y ruido $\sigma_{S,I} = 0.1$. Data S y Data I expresan los datos obtenidos del modelo (1) contaminados con ruido, es decir, $S(t) + v_{\sigma_S}(t)$ y $I(t) + v_{\sigma_I}(t)$. *RMS* denota el error cuadrático medio de cada algoritmo.

datos obtenidos de (3) con los parámetros $\alpha = 0.01$, $\beta = 0.18$, $\gamma = 0.03$, $\tau_1 = 3$, $\tau_2 = 8$ que describen la progresión de la infección de COVID-19 en Italia en la primera ola (De Natale et al. (2020)). Con el fin de determinar la efectividad de los métodos, los datos obtenidos a partir del modelo son contaminados con ruido σ_S y σ_I . Una vez contaminados con ruido, ambos algoritmos fueron aplicados para obtener la reconstrucción de los parámetros $\hat{\theta} = (\hat{\alpha}, \hat{\beta}, \hat{\gamma}, \hat{\tau}_1, \hat{\tau}_2)$, $y_k = I(hk)$, $\hat{y}_k = \hat{I}(hk)$. Los resultados del método son mostrados y comparados con los valores reales en las Tablas 1 y 2 con ruido igual a $\sigma_S = \sigma_I = 0.1$ y $\sigma_S = \sigma_I = 0.3$, respectivamente. Puede apreciarse cómo ambos métodos funcionan eficientemente para reconstruir los valores.

6. CONCLUSIONES

En este estudio, se investigó la eficiencia y convergencia de los algoritmos de Enjambre de Partículas (PSO) y Algoritmos Genéticos (GA) en la identificación de parámetros y tiempos de retardo en un modelo SIR con retardos, basado en datos de la primera ola de COVID-19 en Italia. Los resultados demostraron que ambos algoritmos, PSO

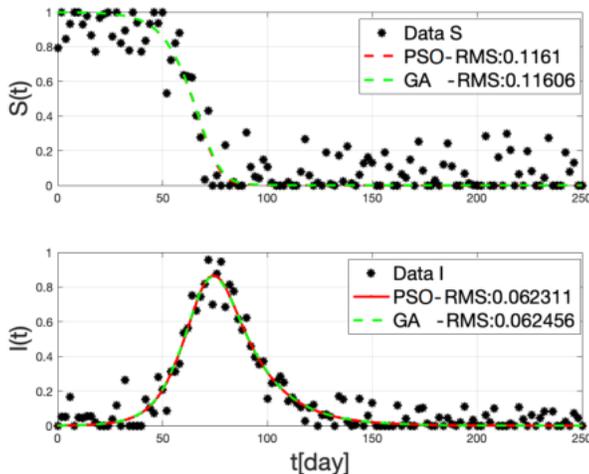


Figura 3. Resultados de identificación para el caso $\alpha = 0.01$, $\beta = 0.18$, $\gamma = 0.03$, $\tau_1 = 3$, $\tau_2 = 8$ y ruido $\sigma_{S,I} = 0.3$. Data S y Data I expresan los datos obtenidos del modelo (1) contaminados con ruido, es decir, $S(t) + v_{\sigma_S}(t)$ y $I(t) + v_{\sigma_I}(t)$. RMS denota el error cuadrático medio de cada algoritmo.

y GA, fueron efectivos en la identificación precisa de los parámetros del modelo SIR, incluso cuando los datos estaban contaminados con ruido. Los parámetros reconstruidos se aproximaron significativamente a los valores empujados por un modelo ya conocido.

REFERENCIAS

Arino, J., Brauer, F., van den Driessche, P., Watmough, J., and Wu, J. (2007). A final size relation for epidemic models. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 4(2), 159–175.

Chen, P.L., Lee, N.Y., Cia, C.T., Ko, W.C., and Hsueh, P.R. (2020a). A review of treatment of coronavirus disease 2019 (covid-19): Therapeutic repurposing and unmet clinical needs. *Frontiers in pharmacology*, 11, 584956.

Chen, Y., Cheng, J., Jiang, Y., and Liu, K. (2020b). A time delay dynamical model for outbreak of 2019-ncov and the parameter identification. *Journal of Inverse and Ill-posed Problems*, 28(2), 243–250.

CONAHCyT (2023). Covid-19 tablero méxico-conacyt-centrogeo-geoint-datalab. Available online; <https://datos.COVID-19.conacyt.mx/DownZCSV>.

De Natale, G., Ricciardi, V., De Luca, G., De Natale, D., Di Meglio, G., Ferragamo, A., Marchitelli, V., Piccolo, A., Scala, A., Somma, R., et al. (2020). The covid-19 infection in italy: a statistical study of an abnormally severe disease. *Journal of clinical medicine*, 9(5), 1564.

Ebraheem, H.K., Alkhateeb, N., Badran, H., and Sultan, E. (2021). Delayed dynamics of sir model for covid-19. *Open Journal of Modelling and Simulation*, 9(2), 146–158.

El-Mihoub, T.A., Hopgood, A.A., Nolle, L., and Battersby, A. (2006). Hybrid genetic algorithms: A review. *Eng. Lett.*, 13(2), 124–137.

Gallardo-Hernández, A.G., González-Olvera, M.A., Castellanos-Fuentes, M., Escobar, J., Revilla-

Monsalve, C., Hernandez-Perez, A.L., and Leder, R. (2022). Minimally-invasive and efficient method to accurately fit the bergman minimal model to diabetes type 2. *Cellular and Molecular Bioengineering*, 15(3), 267–279.

Guan, W.j., Ni, Z.y., Hu, Y., Liang, W.h., Ou, C.q., He, J.x., Liu, L., Shan, H., Lei, C.l., Hui, D.S., et al. (2020). Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in china. *MedRxiv*.

Jordan, E., Shin, D.E., Leekha, S., and Azarm, S. (2021). Optimization in the context of covid-19 prediction and control: A literature review. *Ieee Access*, 9, 130072–130093.

Kachitvichyanukul, V. (2012). Comparison of three evolutionary algorithms: Ga, pso, and de. *Industrial Engineering and Management Systems*, 11(3), 215–223.

Kermack, W.O. and McKendrick, A.G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772), 700–721.

Lambora, A., Gupta, K., and Chopra, K. (2019). Genetic algorithm-a literature review. In *2019 international conference on machine learning, big data, cloud and parallel computing (COMITCon)*, 380–384. IEEE.

Lange, A. (2016). Reconstruction of disease transmission rates: applications to measles, dengue, and influenza. *Journal of theoretical biology*, 400, 138–153.

Magal, P. and Webb, G. (2018). The parameter identification problem for sir epidemic models: identifying unreported cases. *Journal of mathematical biology*, 77(6), 1629–1648.

Michiels, W. and Niculescu, S.I. (2007). *Stability and stabilization of time-delay systems: an eigenvalue-based approach*. SIAM.

Mummert, A. (2013). Studying the recovery procedure for the time-dependent transmission rate (s) in epidemic models. *Journal of mathematical biology*, 67, 483–507.

Qiu, Z., Sun, Y., He, X., Wei, J., Zhou, R., Bai, J., and Du, S. (2022). Application of genetic algorithm combined with improved seir model in predicting the epidemic trend of covid-19, china. *Scientific Reports*, 12(1), 8910.

Song, M.P. and Gu, G.C. (2004). Research on particle swarm optimization: a review. In *Proceedings of 2004 international conference on machine learning and cybernetics (IEEE Cat. No. 04EX826)*, volume 4, 2236–2241. IEEE.

Vytla, V., Ramakuri, S.K., Peddi, A., Srinivas, K.K., and Ragav, N.N. (2021). Mathematical models for predicting covid-19 pandemic: a review. In *Journal of Physics: Conference Series*, volume 1797, 012009. IOP Publishing.

Wang, D., Tan, D., and Liu, L. (2018). Particle swarm optimization algorithm: an overview. *Soft computing*, 22, 387–408.

Wang, N., Fu, Y., Zhang, H., and Shi, H. (2020). An evaluation of mathematical models for the outbreak of covid-19. *Precision Clinical Medicine*, 3(2), 85–93.

Waschburger, R. and Galvão, R.K.H. (2013). Time delay estimation in discrete-time state-space models. *Signal Processing*, 93(4), 904–912.

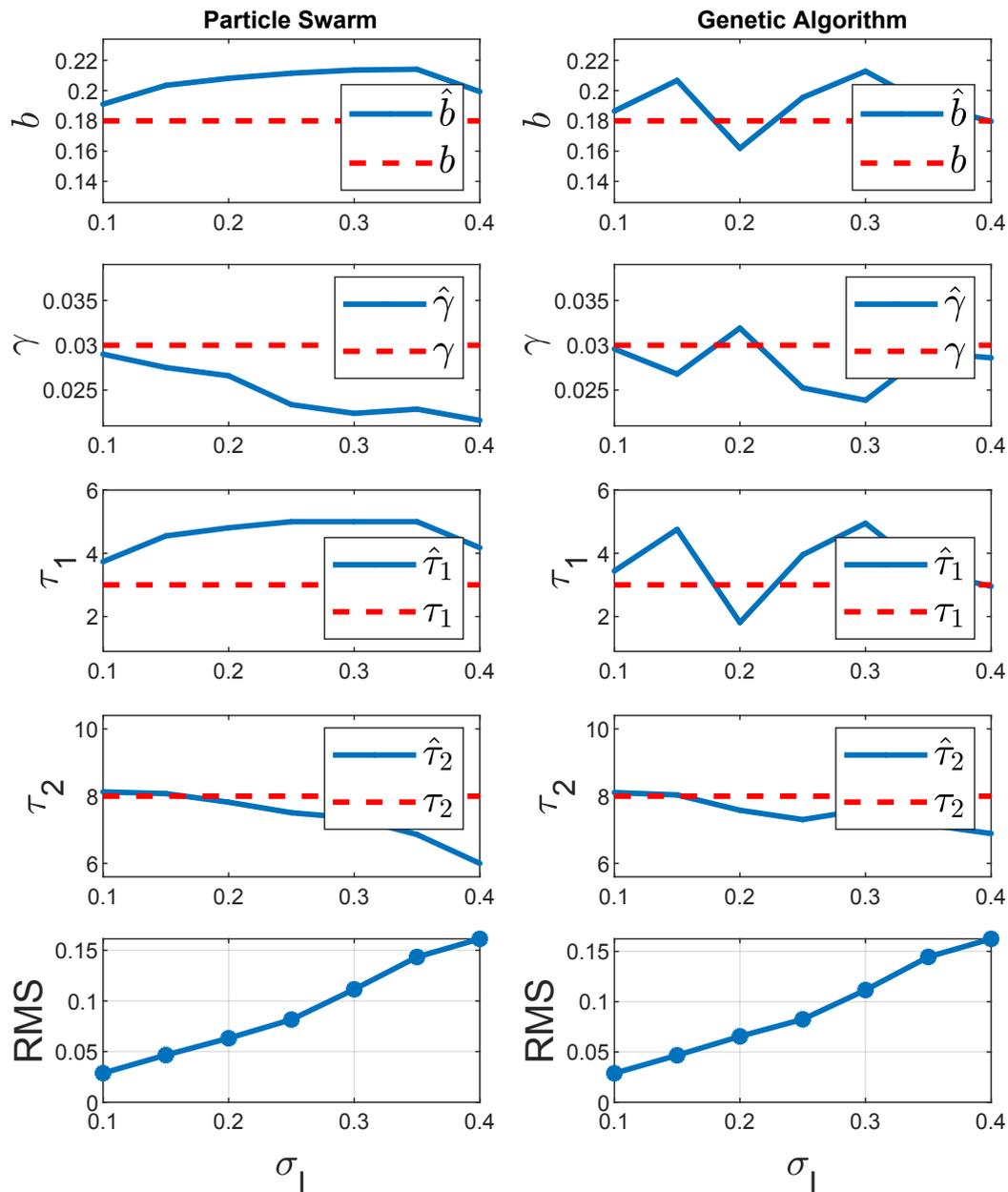


Figura 4. Resultados de identificación para el caso $\alpha = 0.01$, $\beta = 0.18$, $\gamma = 0.03$, $\tau_1 = 3$, $\tau_2 = 8$ en función σ_I . La columna izquierda (derecha) muestra la identificación para el algoritmo PSO (GA).

ACKNOWLEDGEMENTS

Los autores desean agradecer su apoyo para la realización de este trabajo a la Facultad de Ingeniería, UNAM, mediante el *Capital Semilla de Apoyo para Proyectos de Investigación y Desarrollo Tecnológico (CAPSEM I+DT)* proyecto #7; y a la Universidad Autónoma de la Ciudad de México (Colegio de Ciencia y Tecnología) mediante el proyecto UACM-CCYT-2023-IMP-05.