

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas

Licenciatura en Matemáticas Aplicadas Título de la Tesis

Diseño de un controlador difuso para un modelo epidemiológico del dengue

PARA OBTENER EL TÍTULO DE

LICENCIADO EN MATEMÁTICAS APLICADAS

PRESENTA

Pedro Omar González Rodríguez

Director de la Tesis:

Dr. Andrés Anzo Hernández

Puebla, Pue., Noviembre 2022



Agradecimientos

Por medio de este escrito quiero expresar mi agradecimiento a todas las personas importantes que me impulsaron y que gracias a ellos pude realizar este trabajo, gracias por su apoyo.

Primero quiero agradecer a mi madre María Paz Rodríguez Vázquez por el apoyo y comprensión brindada durante toda la carrera, sin ella esto no sería posible. Ella fue la única razón por la cual no me rendí en este trabajo, dando mi mayor esfuerzo para que quedara un trabajo bien hecho.

A mi asesor de tesis él Dr. Andrés Anzo Hernández, le agradezco permitirme trabajar bajo su dirección. Por su paciencia, confianza y apoyo brindado durante la elaboración de esta tesis, también le agradezco por los conocimientos que adquirí en este trabajo, fue un gusto trabajar con usted.

A mis sinodales: Dr. Carlos Arturo Hernández Gracidas, Dr. José Jacobo Oliveros Oliveros y Dr. Jorge Velázquez Castro, les agradezco el tiempo que dedicaron en leer este trabajo y también agradezco sus observaciones y comentarios que fueron tomados en cuenta para mejorar este trabajo.

A María Teresita Díaz Parada te agradezco mucho que formaras parte de mi vida, aprendí mucho de ti y me hizo ser mejor persona en todos los sentidos.

Por último quiero agradecer y hacer mención de amigos como Mario, Othon, Marisol, Victor, Marijosse, Diana, Yazmín, Ana, Arturo y Carmen, son increíbles y les agradezco por brindarme su amistad a lo largo de la licenciatura.

Índice general

\mathbf{R}	esum	nen	XI
Ín	dice	de figuras	XII
Ín	dice	de cuadros	XVII
1.	Intr	oducción.	1
	1.1.	Dengue	2
		1.1.1. Síntomas de la infección por dengue.	3
	1.2.	Vacuna.	4
	1.3.	Vectores del dengue	4
		1.3.1. Aedes aegypti	5
		1.3.2. Aedes albopictus	6
		1.3.3. Distribución de los vectores	6
	1.4.	Vigilancia entomológica	8
		1.4.1. Índices entomológicos	8
	1.5.	Aspectos para aplicar control de manera eficiente	11
	1.6.	Planteamiento del problema e hipótesis	12
	1.7.	Objetivos	13
	1.8.	Aportaciones	13
	1.9.	Descripción del documento	14
2.	Mai	rco teórico.	15
	2.1.	Introducción	15
	2.2.	Modelos epidemiológicos	15
		2.2.1. Breve revisión histórica de la epidemiología matemática	18
	2.3.	Modelo SIR	20
	2.4.	Modelo SIR-SI en un parche	22
		2.4.1. Modelo SIR-SI del dengue	23

	2.5.	Matriz de la próxima generación y el R_0	26
	2.6.	Ejemplos numéricos del modelo SIR-SI	31
	2.7.	Modelo SIR-SI con control	32
		2.7.1. Estrategias de control	33
		2.7.2. Parámetros de control	36
		2.7.3. Modelo SIR-SI con control	36
		2.7.4. Evaluación del control	37
	2.8.	Análisis del modelo con control	38
	2.9.	Análisis de sensibilidad	38
3.	Fun	idamentos básicos de la lógica difusa.	41
	3.1.	Introducción.	41
	3.2.	Lógica difusa.	42
	3.3.	Conjuntos difusos y función de membresía	43
	0.0.	3.3.1. Clasificación de las funciones de membresía	46
		3.3.2. Operaciones elementales entre conjuntos difusos	49
		3.3.3. Propiedades de los conjuntos difusos	52
		3.3.4. Algunas características de las funciones de membresía	53
	3.4.	Relaciones difusas	56
	0.1.	3.4.1. Operaciones de relaciones difusas	59
		3.4.2. Producto cartesiano difuso	61
		3.4.3. Composición de relaciones difusas	62
	3.5.	Variables lingüísticas	63
	3.6.	Razonamiento difuso	65
	0.0.	3.6.1. Reglas difusas	66
		3.6.2. Modus Ponens y Modus Tollens Generalizados	68
1	Cor	ntrol difuso.	71
4.	4.1.	Introducción	71
	4.2.	Sistema de control con retroalimentación	72
	4.4.	4.2.1. Ejemplo de un sistema de control con retroalimentación (bio-	12
		rreactor)	75
	4.3.	Control difuso.	77
		4.3.1. Elementos de un controlador difuso	77
	4.4.	Fuzzificación.	78
	4.5.	Las reglas difusas	82
	4.6.	Motor de inferencia difusa	83
		4 6 1 Método de inferencia difuso de Mamdani	84

	4.7.	Defuzzificación	92
5.	Mod	delo epidemiológico SIR-SI con control difuso.	95
	5.1.	Introducción	95
	5.2.	Modelo epidemiológico SIR-SI con control difuso	96
		5.2.1. Modelo SIR-SI con parámetros de control	96
		5.2.2. Variables de entrada y salida del controlador difuso	97
		5.2.3. Fuzzificación	105
		5.2.4. Reglas difusas propuestas	
		5.2.5. Defuzzificación	109
	5.3.	Función de costos	110
	5.4.	Optimización	111
		5.4.1. Análisis paramétrico del modelo SIR-SI con control difuso	111
6.	Con	clusiones.	12 3
Α.	Ane	exo	127
Bi	bliog	grafía	136

Resumen

En el presente trabajo estudiamos un modelo epidemiológico SIR-SI para la propagación del dengue en una población. En una primera etapa, realizamos un análisis de dicho modelo sin ningún tipo de control que afecte su dinámica en una epidemia. Después, proponemos implementar un control sobre el modelo epidemiológico del dengue; dicho control estará construido en base a la implementación de tres estrategias de control para poder combatir una epidemia de dengue, las cuales son: descacharrización, mejorar los servicios de salud y fumigación. Adicionalmente, se hará un análisis para determinar cuál de dichas estrategias de control es más efectiva. Por último, proponemos la implementación de todas las estrategias de control, pero se implementarán mediante el enfoque del control difuso. En particular, buscamos el periodo más eficiente para implementar el control difuso, este criterio de eficiencia tendrá en cuenta dos importantes aspectos: el costo que genere aplicar las estrategias de control y el número de personas infectadas al final de la epidemia.

Índice de figuras

2.1.	Diagrama del modelo SIR	21
2.2.	Diagrama de flujo que describe al modelo SIRSI	25
2.3.	Modelo epidemiológico SIR-SI con $R_0 > 1$, con condiciones iniciales $S(t) = 10,000$. $I(t) = 1$, $R(t) = 0$, $M(t) = 8,000$ y $V(t) = 0$ y los valores de los parámetros son los que definimos en el cuadro(2.1)	32
2.4.	Modelo epidemiológico SIR-SI con $R_0 = 0.49 < 1$, con condiciones iniciales $S(t) = 9,000$. $I(t) = 1,001$, $R(t) = 0$, $M(t) = 7,900$ y $V(t) = 100$, $\beta = 0.1$ $\gamma = 0.143$ $\Lambda = 550$, mientras que μ_v y μ_h son los valores que definimos en el cuadro (2.1)	33
2.5.	Análisis de sensibilidad de los parámetros u_1 y u_3 del modelo epidemiológico del dengue con control, descrito por la ecuación (2.12)	40
3.1.	Ejemplo de funciones de membresía para los conjuntos difusos <i>lento</i> , <i>medio</i> y <i>rápido</i> para las velocidades de un automóvil	44
3.2.	Ejemplo de una función de membresía triangular con $a=5,b=30$ y $c=55,\ldots,\ldots$	47
3.3.	Ejemplo de una función de membresía trapezoidal con $a=10,b=20,c=40$ y $d=50.$	47
3.4.	Ejemplo de una función de membresía trapezoidal abierta por la derecha con $a=30$ y $b=45$	48
3.5.	Ejemplo de una función de membresía Gaussiana con $a=5$ y $b=1.5$.	49
3.6.	Ejemplo de la unión de conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son la función triangular (azul) y la trapezoidal (roja). a) Las funciones de membresía antes de hacer la unión; b) la función de membresía unión	50
	bresía $\mu_{A \cup B}$	00

3.7.	Ejemplo de la intersección de conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son la función triangular (azul) y la trapezoidal (roja). a) Las funciones de membresía antes de hacer la intersección; b) la función de membresía un securio de membresía antes de hacer la intersección; b) la	E 1
3.8.	función de membresía $\mu_{A \cap B}$	51 52
3.9. 3.10.	Funciones de membresía μ_{F1} y μ_{F_2} definidas en (3.7)-(3.8) Ejemplo de una función de membresía para un conjunto singletón	54 56
4.1. 4.2.	Diagrama de bloques de un sistema de control con retroalimentación. Diagrama de lazo cerrado de un control con retroalimentación sobre	73
	un biorreactor	76
4.3.	Diagrama de bloque para un controlador difuso	78
4.4.	Funciones de membresía para los términos lingüísticos $T_1(Error)$	79
4.5.	Funciones de membresía para las salidas (K_p, K_i)	81
4.6.	Funciones de membresía para la conclusión de cada una de las reglas en (4.17) para el ejemplo de un controlador difuso aplicado a un	0.1
4.7	biorreactor	91
4.7.	Función de membresía para el conjunto conclusión C' , la cual se forma a partir de la unión de las funciones mostradas en la figura (4.6) y a partir de la cual se obtienen las ganancias K_p y K_d del controlador	
	difuso para el biorreactor	92
5.1.	Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_1(I(t))$	99
5.2.	Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los	99
	términos lingüísticos $T_2(R(t))$	101
5.3.	Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_{u_{1,3}}(u_{1,3}(t))$	103
5.4.	Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los	
	-2 (- (/ /	104
5.5.	Funciones de membresía para las inferencias de cada una de las reglas	
	en (5.9), aplicadas en el modelo SIR-SI (Eqs. (5.1)-(5.2))	108
5.6.	Función de membresía para el conjunto conclusión C_j' , la cual se forma	
	a partir de la unión de conjuntos difusos representados por las fun-	
	ciones mostradas en la figura (5.5) y a partir de la cual se obtienen	
	conjuntos difusos para los parámetros de u_1, u_2 y u_3 del controlador difuso para el modelo SIR-SI (Eqs. (5.1) - (5.2))	109
	unuso para el mouelo bintesi (Eus, (J.17-(J.47),	エロヨ

5.7.	Funciones de costos, la línea naranja es la función del modelo sin control expresada en (5.10) y la línea azul representa a la función de costos expresada en la ecuación (5.11)	112
5.8.	Discrepancias entre el máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI menos el máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI con control difuso	113
5.9.	Valores promedio, sobre el ensamble de las 100 simulaciones del modelo SIR-SI con control (5.1) - (5.2) , de las funciones de costo (5.10) y (5.11) y aplicando el control cada x días indicado en el eje x	114
5.10.	Valores promedios de las diferencias entre el valor máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI sin control menos el promedio de los máximos de las curvas de infectados de un modelo SIR-SI con control difuso (5.1)-(5.2)	115
5.11.	control difuso (5.1) - (5.2)	
5.12.	Valores promedio de los parámetros de control u_1, u_2 y u_3 que obtuvimos en la ejecución del ensamble de 100 simulaciones, se aplica control	117
5.13.	Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1) - (5.2)) aplicado cada 2 días. con condiciones iniciales $S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0$, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con $i = 1, 2, 3, \ldots$	118
5.14.	Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1) - (5.2)) aplicado cada 19 días. con condiciones iniciales $S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0$, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con $i = 1, 2, 3, \ldots$	
5.15.	Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1) - (5.2)) aplicado cada 12 días. con condiciones iniciales $S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0$, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con $i = 1, 2, 3, \ldots$	
A.1.	Funciones de membresía para la entrada M.C., descrito por la ecuación (A.1).	128

A.2.	Funciones de membresía para la entrada "Estatura", descrito por las	
	ecuaciones (A.2) y (A.3)	129
A.3.	Funciones de membresía de salida "Talla", descrito por la ecuación	
	$(A.4). \dots $	131
A.4.	Fuzzificación de las funciones de membresía asociado a la variable	
	lingüística "M.C." definida en el ejemplo del sastre	131
A.5.	Proceso de inferencia para la regla 1 definida en (A.1)	132
A.6.	Inferencia obtenida a partir de la regla 1 definida en (A.1)	133
A.7.	Inferencia obtenida a partir de la regla 2 definida en (A.1)	133
A.8.	Conjunto conclusión obtenido a partir de la base de reglas difusas	
	definidas en el cuadro (A.1)	134
A.9.	Conjunto conclusión obtenido por el motor de inferencia difusa de	
	Mamdani	135

Índice de cuadros

2.1.	Parámetros del modelo SIR-SI, descripción y valores	26
4.1.	Conjunto de reglas difusas para el ejemplo de un bioreactor descrito en las Eqs. (4.1)	83
5.1.	Los valores numéricos presentados en esta tabla fueron obtenidos a partir de la simulación que mostramos en la figura (2.3), con las mismas condiciones iniciales y los valores de los parámetros son los defi-	
5.2.	nidos en el cuadro (2.1)	98
	(Eqs. (5.1)-(5.2))	106
A.1.	Conjunto de reglas difusas para el ejemplo de un del sastre	132

Capítulo 1

Introducción.

Las enfermedades infecciosas han sido una de las principales amenazas para la salud pública. Actualmente, la alta movilidad de las personas a través de la migración y un intercambio cada vez mayor de bienes están impulsando la rápida propagación de infecciones en todo el mundo. Como consecuencia, es fundamental conocer la dinámica de las enfermedades infecciosas, es decir, saber cómo se propaga para poder contrarrestar el contagio de estas enfermedades.

El primer aspecto de la lucha contra las enfermedades infecciosas es el entender su dinámica con el fin de poder plantear un modelo matemático epidemiológico que describa la infección en cuestión. Al tener un modelo el siguiente aspecto de la lucha contra estas enfermedades es con base en este modelo, realizar lo que comúnmente se denomina "control de epidemias". Esto significa obtener información rápida sobre nuevos casos, sobre incidencias y mortalidades, sobre cepas y vías de transmisión del patógeno infeccioso [1]. Por lo cual, con esta información se deben tomar decisiones rápidas sobre estrategias de intervención y tratamiento (estos aspectos dependerán de la enfermedad infecciosa a la cual se le esté haciendo frente), por ejemplo, aislamiento y profilaxis o tratamiento con antivirales. En este sentido, los modelos pueden ser una herramienta poderosa para este enfoque, permitiéndonos optimizar el uso de recursos limitados o simplemente enfocar las medidas de control de manera más eficiente [2].

En relación a la problemática expuesta, el dengue es una enfermedad infecciosa que es transmitida por medio de mosquitos infectados por este virus. La Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que cada año ocurren entre 50 y 100 millones de infecciones por dengue y que casi la mitad de la población mundial vive en países donde el dengue es endémico (se presenta en una población dentro de un área geográfica) [3]. Para reducir la morbilidad del dengue, es posible implementar una mejor predicción y detección de brotes a través de una vigilancia epidemiológi-

ca y entomológica coordinada; con el fin de aplicar medidas de control de vectores adaptadas localmente [3].

Así mismo, el dengue termina generando cargas económicas que son considerables. Por lo cual, al aplicar medidas de control, se espera que el costo sea menor que el no aplicarlo. Por ello es importante asignar de manera eficiente los recursos; esta eficiencia se mide en función de los costos que generan las estrategias de control que se apliquen [3].

En la siguiente sección haré una exposición sobre el dengue, como se caracteriza, la distribución de los vectores que los transmiten y el estudio entomológico que se aplica para poder tener en control está infección y así tratar de evitar una epidemia.

1.1. Dengue.

El dengue es una enfermedad viral infecciosa que es transmitida por la picadura de un mosquito infectado de la especie Aedes aegypti o Aedes albopictus [3, 4]. Así mismo, existen cuatros serotipos del dengue (microorganismo infeccioso clasificado según los antígenos presentes en su superficie celular) serológicamente distintos: DENV-1, DENV-2, DENV-3, DENV-4 de la familia Flaviviridae [1, 3]. Cada uno conduce a una inmunidad de por vida a este serotipo homólogo (semejante por tener características en común referidas a su naturaleza), pero sólo a un breve período de inmunidad heterotípica (protección contra los serotipos que son diferentes) de reacción cruzada. Se cree que esta protección cruzada dura de 2 a 12 meses. [1, 4, 5]. En los últimos años, el dengue ha sido reconocido como una de las principales enfermedades infecciosas emergentes del mundo. De hecho, la infección ahora se ve correctamente como una pandemia global con prevalencia registrada en más de 101 países [3].

Cabe resaltar que los vectores responsables de transmitir el virus del dengue son principalmente los mosquitos Aedes aegypti, los cuales son mosquitos altamente domesticados y se reproducen en recipientes hechos por el hombre, como ollas, latas y llantas [1]. Además, estos mosquitos son muy susceptibles a los virus del dengue y se alimentan preferencial y frecuentemente de sangre humana. Para que ocurra la transmisión, la hembra debe picar a un ser humano infectado durante la fase virémica (fase en la que los síntomas se hacen presentes) de la enfermedad, que generalmente dura de 4 a 5 días, pero puede durar hasta 12 días. Mientras que el período de incubación (tiempo comprendido entre la exposición a un agente biológico, y la aparición de los síntomas por primera vez) en humanos varía de 3 a 12 días, más común entre 5 y 7 días [1].

Debemos señalar que se ha demostrado que el virus del dengue en los mosquitos causa una infección del sistema nervioso, lo que conduce consecutivamente a períodos

prolongados de alimentación con una mayor probabilidad de ser interrumpido por el huésped, lo que aumenta la posibilidad de que este mosquito infectado se alimente de huéspedes adicionales [1]. A continuación hablaremos de los síntomas que genera el dengue en las personas.

1.1.1. Síntomas de la infección por dengue.

El dengue puede presentarse de dos formas; puede ser asintomático o puede ser una infección sintomática. Por el lado del dengue sintomático puede manifestarse de las siguientes maneras: Fiebre del dengue (DF) o fiebre del dengue hemorrágico (DHF) con o sin shock, dependiendo en gran medida de la edad y las condiciones inmunológicas [1, 5]. A continuación describiremos los síntomas del dengue.

En el DF (dengue normal), la gravedad de las características clínicas aumenta con la edad del paciente. Por lo tanto, el dengue clásico es principalmente una enfermedad de niños mayores y adultos, caracterizada por un inicio repentino de fiebre, dolor de cabeza, dolor articular o muscular, erupción cutánea, leucopenia (disminución del número de leucocitos en la sangre, la cual interfiere con la habilidad de combatir una infección) y trombocitopenia (cantidad baja de plaquetas en la sangre) [1]. Pueden haber manifestaciones hemorrágicas leves, como epistaxis (sangrado de la nariz), petequias (puntos pequeños de color púrpura que se originan por el sangrado debajo de la piel), sangrado gingival (sangrado de las encías) y menorragia (sangrado vaginal intenso), las cuales se aceptan como una parte rara del cuadro clínico de la DF. Generalmente, con el DF no ocurren muertes [1].

En contraste, la DHF es principalmente una enfermedad en niños menores de 15 años en áreas hiper endémicas donde dos o más serotipos virales circulan simultáneamente, pero también puede ocurrir en adultos. Las características clínicas tempranas de la DHF son indistinguibles de las de la DF. Aunque, la gravedad de la hemorragia en la DHF tiende a ser mayor que en la DF y en ocasiones puede ocurrir una hemorragia gastrointestinal grave, el nombre de fiebre hemorrágica del dengue es un tanto inadecuado porque su lesión clínica y patogenética central no es la hemorragia [1]. El principal cambio fisiopatológico (procesos de la infección) que determina la gravedad de la enfermedad en la DHF y la diferencia de la DF es la fuga de plasma que da lugar a una hemoconcentración (enlentecimiento del flujo circulatorio); que se manifiesta como un aumento del hematocrito (porcentaje que ocupa la fracción sólida de una muestra de sangre anticoagulada, al separarse de su fase líquida), derrames pleurales (acumulación de líquido entre los tejidos que recubren los pulmones y el tórax) o de otro tipo, o hipoalbuminemia (disminución en los niveles séricos de albúmina; la cual es la principal proteína de la circulación) o hipoproteinemia

(nivel de proteínas séricas que está por debajo del nivel normal). Esta característica generalmente ocurre simultáneamente con una caída en el recuento de plaquetas en el momento de la disminución de la fiebre, de 2 a 9 días después del inicio de los síntomas, y puede progresar a shock hipovolémico (afección en la que el porcentaje líquido de la sangre es demasiado bajo) y muerte [1].

1.2. Vacuna.

El 1 de mayo de 2019, la Administración de Alimentos y Medicamentos aprobó la primera vacuna "Dengvaxia" de Sanofi Pasteur contra la enfermedad viral del dengue, que fue aprobada por la Comisión Europea [3]. Esta vacuna tiene licencia para su uso en 19 países, además de las partes elegibles de la Unión Europea. La vacuna puede aumentar el riesgo de enfermedad viral grave del dengue en algunas personas. Este fenómeno ha tenido como consecuencia la suspensión de la vacuna y la revocación de la licencia en Filipinas, uno de los países con mayor exposición a la vacuna, debido a que se abrió una investigación por muertes que podrían estar relacionadas con el uso de la vacuna [3]. Mientras tanto, la OMS recomendó que solo se vacunen las personas con evidencia de una infección por dengue en el pasado (basándose en una prueba de anticuerpos o en una infección por dengue confirmada en un laboratorio documentado en el pasado) [3].

1.3. Vectores del dengue.

En epidemiología, se conoce como vector a un portador vivo que transmite un agente infeccioso de un huésped a otro [6]. Sin embargo, los vectores no se contagian entre ellos la enfermedad, una vez infectados, permanecen infectados durante el resto de sus vidas. Por uso común, los vectores se consideran animales invertebrados, generalmente artrópodos (categoría de invertebrados con simetría bilateral). Sin embargo, técnicamente, los vertebrados también pueden actuar como vectores, incluidos zorros, mapaches y zorrillos, que pueden transmitir el virus de la rabia a los humanos a través de una mordedura. En el caso del dengue, los mosquitos asumen el papel de los vectores, debido a que son los portadores del virus. En este sentido, cuando el artrópodo se alimenta de sangre, el parásito entra en el torrente sanguíneo del huésped [6]. Existen dos tipos de vectores principales responsables de la transmisión del dengue, los cuales son Aedes aegypti y Aedes albopictus. A continuación daremos una breve historia de estos vectores y su hábitat.

1.3.1. Aedes aegypti.

El vector principal responsable de la transmisión del dengue en el mundo es el mosquito Aedes aegypti, esta especie apareció inicialmente en África, aumentando su distribución en tiempos históricos. Se cree que esta especie colonizó el continente americano al ser introducida por el hombre en los viajes de la conquista [7, 3]. Así mismo, el interés en este mosquito inició con el trabajo de Carlos Finlay en el que expresa su hipótesis sobre el papel de la misma en la transmisión del agente causal de la fiebre amarilla; tiempo después esto se comprobó mediante los experimentos de Walter Reed, Jmaes Carroll, Jesse W. Lazear y Aristides Agramonte [8].

Debido a lo comentado en el párrafo anterior, México comenzó a aplicar medidas para controlar al Aedes aegypti, las cuales fueron propuestas por iniciativa de Eduardo Liceaga entre los años de 1901 y 1903. Esto consistía en la creación de la campaña contra la fiebre amarilla, bajo los lineamientos de la Comisión Americana de Fiebre Amarilla [8]. Esta campaña se efectuó mediante el desarrollo de ingeniería sanitaria y la aplicación de petróleo como larvicida a los cuerpos que funcionaban como criaderos. Como consecuencia de la aplicación de dichas estrategias, condujeron a la eliminación de los casos de fiebre amarilla. Sin embargo, el movimiento armado de la Revolución Mexicana interrumpió el trabajo de la campaña y como resultado volvieron a presentarse casos de la enfermedad. Fue hasta el año 1920 que se reanudó la campaña con la colaboración del doctor Hideyo Noguchi Rockefeller, registrándose el último caso de fiebre amarilla en el año 1923.

Para el año 1925, el doctor Carlos C. Hoffmann capacitó al personal del programa Anti-Aedes de Veracruz, el programa consistió en obras de ingeniería sanitaria y petrolización de criaderos, labores que se llevaron a cabo hasta la década de los años cuarenta [8]. Después, con la introducción del diclorodifeniltricloroetano (DDT) en México en el año de 1945, y tras la comprobación de su poder insecticida, el gobierno comenzó su aplicación intradomiciliar con la asesoría de la fundación Rockefeller, con el objeto de eliminar los problemas de paludismo y fiebre amarilla urbana, gracias a esto ciudades como Colima y Manzanillo fueron liberadas del Aedes aegypti desde 1952 [8].

Posteriormente, en 1956 se creó el Servicio Nacional Antimosquito (SNA) el cual fue reestructurado un año más tarde teniendo dos jefaturas de campo, la de "erradicación del Aedes aegypti" a cargo del doctor Isaac González Paredes y la de "Vacunación y Estudios sobre fiebre amarilla selvática", a cargo del doctor Miguel Chávez Núñez. En el mismo año, se detectaron poblaciones de Aedes aegypti resistentes al DDT en Trinidad, Puerto Rico, República Dominicana y Jamaica. En México se confirmó la inexistencia de esta especie y para el año 1963 el país se declaró libre del Aedes aegypti [8]. Sin embargo, el logro de su eliminación falló al reinfestarse el

territorio mexicano. El lapso en el que el mosquito no tuvo interacción con el hombre y el desarrollo de la vacuna antiamarílica, fueron determinantes para que la enfermedad dejara de ser un problema urbano; pero en su lugar, el dengue emergió como un problema de salud en el territorio mexicano, aún vigente en nuestros días.

En la actualidad, hay estudios que demuestran que el Aedes aegypti puede encontrarse criándose en huecos de roca, oquedades de plantas, diversos recipientes desechados en los propios patios de las casas o en terrenos baldíos (incluyendo botes, botellas, utensilios viejos y neumáticos usados) y pozos de agua [3].

1.3.2. Aedes albopictus.

El Aedes albopictus es una especie originaria de Asia y las islas del océano pacífico. Sin embargo, en fechas recientes esta especie se ha propagado a Norteamérica, Brasil, algunos países europeos y africanos. Mientras que en América, la colonización de esta especie ha ocurrido en al menos 2 ocasiones; una fue en Norteamérica y otra en Sudamérica. Fue en 1985 cuando se descubrió que esta especie se había establecido en el condado de Harris, en Houston, Texas y para el año 1986 se informó que también había llegado a Río de Janeiro, Brasil [8]. A partir de esto, la población de Aedes albopictus fue en aumento, a tal grado que para el año 1988 se había detectado su presencia en 17 estados de la Unión Americana y en Matamoros, Tamaulipas, México. A pesar de esto, la especie no se volvió a ver (en México) hasta el año 1992, confirmando la presencia de este mosquito en poblaciones fronterizas de Coahuila [8]. Actualmente, esta especie se encuentra en poblaciones fronterizas de Tamaulipas, Nuevo León y Coahuila.

Esta especie ha sido referida en repetidas ocasiones como transmisora en brotes epidémicos de dengue clásico y hemorrágico en Asia, siendo incluso considerado como vector eficiente de los cuatros serotipos del dengue. Esta especie se cría en contenedores artificiales y en huecos de árboles; utiliza primariamente contenedores artificiales con preferencia a ocupar llantas usadas y floreros de cementerios, por tal razón, el monitoreo sobre el comportamiento distributivo de la especie puede ser enfocado a los cementerios y depósitos de neumáticos, facilitando con ello las labores de estudio [8].

1.3.3. Distribución de los vectores.

Los factores responsables más importantes de la distribución de esta especie pueden dividirse de la siguiente manera: factores intrínsecos (inherentes a la especie) y los factores extrínsecos (relativos al ambientes que inciden sobre la especie). Dentro de los factores intrínsecos es posible mencionar la capacidad de diapausa (interrupción temporal del desarrollo) en estado de huevo; la plasticidad genética favorecida por su ciclo de vida rápido y consecuentemente la alta tasa generacional; así como la preferencia de la hembra por ovipositar en cuerpos de agua relativamente pequeños, mantenidos por recipientes manufacturados por el hombre, un tipo de microambiente de aparición muy reciente en escala geológica que representa un microhábitat para ellos [8].

Por su parte, aunque estrechamente relacionados con los anteriores, los factores extrínsecos más significativos involucrados con el incremento poblacional de la especie lo constituyen el desequilibrio del ecosistema asociado al aumento de población humana y como consecuencia el hacinamiento o la colonización de nuevas áreas; la dificultad que representa elevar la calidad de vida de un gran número de personas en términos de vivienda, cobertura de servicios tales como drenaje, agua potable con disponibilidad continua en cada domicilio, disposición adecuada de desechos y educación higiénica; así como los movimientos poblacionales humanos y el desplazamiento de productos infestados con huevos de mosquito como las llantas [8, 3]. Estos factores son tomados en cuenta, debido a que el Aedes aegypti muestra preferencia en relación con los asentamientos humanos, ya sean urbanos, suburbanos o rurales.

En este sentido, para que las poblaciones de Aedes aegypti se establezcan en un lugar es necesario que el lugar cuente con las siguientes condiciones [8]:

- Presencia de cuerpos de agua relativamente pequeños y no contaminados con permanencia tal que permita completar los ciclos de vida;
- una fuente alimentaria sanguínea para las hembras grávidas;
- poblaciones de otros organismos en densidades que no impacten negativamente a la población de este mosquito;
- en general, una temperatura media anual mayor a los 16.9° C;
- ubicación geográfica a alturas menores a los 1500 metros sobre el nivel del mar.

No obstante, hay otros factores que favorecen la sobrepoblación de mosquitos. El agua de lluvia se acumula en una gran variedad de recipientes expuestos entre los que destacan los de desecho que no han sido adecuadamente eliminados; huecos en el pavimento o suelo, floreros de panteones e incluso huecos de árbol, cáscaras de frutas, etc. Así generando un hábitat favorable para las poblaciones de mosquitos. Sin embargo, algunas de las condiciones extrínsecas mencionadas, como la falta de agua entubada con disponibilidad regular en cada domicilio (por lo que las personas

tienen que acumular agua para uso doméstico, que frecuentemente dejan expuesta), determinan que en áreas con precipitación pluvial escasa también existan a lo largo del año ambientes de crianza para la especie. Por otra parte, la temperatura constituye el único factor limitativo importante de la distribución de mosquitos, dado que áreas con climas fríos definitivamente no permiten su desarrollo [7].

1.4. Vigilancia entomológica.

En la mayoría de los países con problemas de dengue se realiza un monitoreo de poblaciones Aedes aegypti y de Aedes albopictus para estimar la densidad poblacional de los vectores con dengue. Dicho monitoreo se basa en el estudio de los estados juveniles (huevo, larva, pupa), que por su condición de vida acuática pueden ser ubicados fácilmente en los cuerpos de agua de los alrededores e interior de las viviendas [4]. En este sentido, la vigilancia entomológica es útil para determinar los cambios de la distribución geográfica y temporal de los vectores. Es usada para obtener una estimación de la densidad poblacional en el tiempo para aportar decisiones apropiadas y aplicar las medidas de control en el momento más adecuado. La vigilancia entomológica es la herramienta que permite identificar las áreas con mayor densidad poblacional o las épocas del año en que ésta se eleva, así como para comprobar la ausencia de los mosquitos vectores en poblados, además de establecer la susceptibilidad de la población de una región concreta a los insecticidas empleados [8].

Los métodos generales de estudio entomológico empleados son: vigilancia larvaria directa, larvitrampas, ovitrampas, captura de adultos mediante cebo humano, captura de adultos en sitios de reposo, bioensayos con insecticidas en larvas y adultos, y pruebas de susceptibilidad de larvas y adultos [8]. La vigilancia larvaria directa es útil para conocer el estado de infestación, para monitorear los programas de control, para la vigilancia de áreas en riesgo de reinfestación, para verificar la posible erradicación, así como evaluar los métodos de control. Para tener el conocimiento si los vectores se están erradicando, se emplean los índices entomológicos.

1.4.1. Índices entomológicos.

Existen distintos índices entomológicos de uso generalizado aplicable al estudio del *Aedes* con relación al dengue, los más usados para las casas son los siguientes [8]:

• Índice de casa: Es el porcentaje de casas infestadas con larvas, pupas o ambos

estados de desarrollo del Aedes aegypti o Aedes albopictus, expresado como:

$$I.C. = \frac{Casas\ infestadas\ imes\ 100}{Casas\ inspeccionadas}$$

En este caso, se revisan los contenedores de la vivienda y sus alrededores; se registra como positiva cuando al menos un contenedor presenta larvas o pupas de Aedes aegypti o de Aedes albopictus.

■ Índice de recipiente. Es el porcentaje de contenedores con agua examinados que contienen larvas o pupas de Aedes aegypti o Aedes albopictus:

$$I.R. = \frac{N\acute{u}m.\ de\ contenedores\ imes\ 100}{N\acute{u}m.\ de\ contenedores\ inspeccionados}$$

En este índice se revisan todos los contenedores con agua de los alrededores y del interior de la vivienda, registrando aquellos donde se observen larvas o pupas de *Aedes aegypti* o *Aedes albopictus*. Una modificación a este índice es considerar a los positivos de todos los criaderos potenciales, tengan o no agua, dado que pueden servir para estimar la variación entre la época de sequía y de lluvias.

• Índice de Breteau. Es el número total de recipientes con larvas, pupas o ambos de Aedes aegypti o de Aedes albopictus por 100 casas:

$$I.B. = \frac{N\acute{u}m.\ de\ contenedores\ positivos\ \times 100}{Casas\ inspeccionada}$$

En este caso se revisan y registran todos los contenedores positivos, analizando el total en relación con las casas estudiadas. En este índice y en el de recipiente es posible desarrollar encuestas específicas tomando en consideración por separado los diferentes tipos de contenedores, (llantas, floreros, piletas, etc.), lo que ayudaría a distinguir los criaderos más importantes y enfocar las medidas de control hacia los más significativos.

Aunque el índice de casa es el más usado, no contempla la proporción de contenedores positivos, tampoco el grado de productividad de cada uno de ellos. Mientras que el índice de contenedor sólo provee información respecto a la proporción de contenedores con agua que son positivos y el índice de Breteau establece una relación entre los contenedores positivos y las casas, considerando este como el más informativo de los tres. Sin embargo, debido a la caracterización de estos tres se puede considerar que los tres son complementarios y se pueden obtener mediante el mismo esfuerzo operativo. Sin embargo, el uso de estos índices entomológicos puede ser impreciso, debido a que los poblados que pueda tener una casa; presente una cantidad mucho mayor de contenedores positivos (dado, por ejemplo, por los hábitos higiénicos de la familia) respecto a la mayoría de las demás, lo que provoca que los valores obtenidos no reflejen la situación real de la población total [8].

También hay índices entomológicos para la valoración epidemiológica del dengue, uno de ellos pretende considerar la productividad de los criaderos en términos de número de adultos producidos, debido a que los anteriores son indicadores muy pobres con respecto a este. Este índice se basa en la cuenta de todas las pupas encontradas en cada contenedor y se expresa de la siguiente forma:

$$I.P. = \frac{N\acute{u}m.\ de\ pupas\ \times\ 100}{Casas\ inspeccionadas}$$

Este índice puede contemplar por separado cada tipo de criadero (llantas, piletas, tambos, etc.), lo que permitiría saber cuáles son los más productivos en un poblado en un tiempo específico.

El valor de los índices como indicador del riesgo epidemiológico queda, en la práctica, disminuido por una serie de factores ajenos a su propia limitación. Los problemas metodológicos involucran, deficiencias en la toma y registro de datos y en la interpretación de resultados. A manera de ejemplo, es común que suceda lo siguiente [8]:

- 1. El tamaño de muestra no es calculado adecuadamente, el cálculo para establecer el tamaño de muestra debe ser de un tamaño confiable para tener una representación estadística confiable.
- 2. Los procedimientos de muestreo no están bien establecidos. Puede escogerse entre los siguientes: muestreo sistemático, al azar simple, azaroso estratificado, o sectorizado. Estos se deben escoger con base en el tamaño del universo bajo estudio, tiempo disponible, cantidad personal, capacidad presupuestal, etcétera.
- 3. Las larvas y pupas de mosquitos deben ser identificadas taxonómicamente por especie. Es frecuente que los recipientes se tomen como positivos ante la presencia de larvas y/o pupas de mosquitos, sin importar a qué especie pertenezcan. Merece recordarse que en situaciones urbanas y suburbanas de la República Mexicana se pueden encontrar por lo menos, a una de 76 especies diferentes compartiendo el hábitat del Aedes aegypti o del Aedes albopictus, muchas de

- las cuales pertenecen al género Aedes y por lo tanto no pueden ser reconocidas a simple vista, lo que falsea el resultado del índice.
- 4. Los índices más utilizados (los tres primeros) no contemplan la cantidad de individuos de Aedes aegypti o de aedes albopicus de cada contenedor. Se ha visto que, dependiendo del criterio del técnico de campo, una casa puede ser considerada positiva al hallar sólo una botella con una o pocas larvas; también lo es una vivienda con uno o varios contenedores muy productivos (cientos o miles de individuos). Tal comparación nos muestra que la densidad poblacional del mosquito no puede ser calculada mediante este índice.

1.5. Aspectos para aplicar control de manera eficiente.

En base al trabajo entomológico del dengue (en relación con la vigilancia epidemiológica); hay aspectos a optimizar para poder aplicar un control más efectivo, esto se divide en dos grandes quehaceres: el operativo y el de la investigación. Existen algunos procedimientos que deben depurarse urgentemente (en el campo operativo), los cuales son los siguientes [8]:

- Deben establecerse áreas de riesgo, con el fin de estratificar las áreas según el tipo de transmisión esperada (endémica, epidémica y esporádica). Estas áreas quedaran determinadas en base a la distribución geográfica, la organización de la población y sus condiciones de vida.
- Es necesario optimizar los métodos existentes (en el sentido operativo) para la vigilancia entomológica del dengue, con el fin de aprovechar al máximo los elementos de juicio disponibles.
- En medida que aumente la calidad y precisión de los indicadores entomológicos en los programas de vigilancia que aplique una población, los métodos de control podrán optimizarse, aplicándolos en las áreas de mayor riesgo en el momento más adecuado para evitar los brotes. A manera de ejemplo, si la toma de datos para la obtención de los índices es adecuada y se catalogan; y reconocen los tipos de contenedores más productivos en una población dada a lo largo del año, se pueden detectar las tendencias de incremento de la población de mosquitos y por tanto, el momento justo de aplicación de las medidas de control, enfocando los esfuerzos en contenedores más productivos (en cuanto a número de mosquitos adultos).

Respecto al trabajo de investigación (entomológico) con fines de aplicación, hay muchos aspectos a considerar, sin embargo los más importantes a revisar y explotar son los siguientes puntos [8]:

- Determinar la distribución geográfica de los vectores. Con el objeto de conocer las áreas de riesgo de transmisión de los virus dengue y enfocar las medidas de control a las áreas que más lo necesiten.
- Conocer la dinámica de la colonización de los vectores, de tal forma que se controle su dispersión en caso de que se demuestre su capacidad de transmisión de los virus del dengue, lo que implicaría la aplicación de recursos para su combate.
- Identificar las preferencias por los sitios de crianza de las dos especies y de la productividad diferencial de cada uno de ellos, con lo cual podría dirigirse el esfuerzo de control a los sitios más productivos aumentando su eficiencia.
- Diseñar índices entomológicos más apropiados para la estimación del riesgo epidemiológico de transmisión. Estas investigaciones deben explorar la posibilidad del cálculo poblacional de los vectores.

1.6. Planteamiento del problema e hipótesis.

El objeto de estudio de este trabajo de tesis es la implementación de un control difuso en el modelo epidemiológico del dengue. Esto es un controlador condicional basado en la teoría de la lógica difusa, es decir, la implementación de este control dependerá del estado (en cuanto a cantidad de infectados) en el que se encuentre la población en esa fracción de tiempo. La decisión que tome el controlador, dependerá de las reglas que estén implementadas en el control difuso. Además, otra parte del problema de investigación es reducir el costo de aplicar el control difuso.

La pregunta central de este trabajo es ¿Aplicar control difuso sobre el modelo del dengue es eficiente? Para responder esta pregunta, proponemos hacer una comparativa de los costos que generan los modelos, esto es, comparar el costo que se genera en un modelo del dengue en el cual no se aplica control, es decir, dejamos que continúe su dinámica sin hacer una intervención, se compara con el costo que es generado por el mismo modelo aplicándole control difuso. Como consecuencia de la pregunta anterior, otra pregunta que nos hicimos fue ¿Cada qué momento es adecuado para aplicar el control difuso? Para responder esto, es necesario hacer un ensamble de simulaciones, para encontrar el momento adecuado para aplicarlo.

Considerando lo anterior, la hipótesis de este trabajo es que un modelo del dengue con control difuso es más eficiente que un modelo que no tiene control, donde este termino de eficiencia es dado por los costos que generan estos modelos.

1.7. Objetivos.

En el presente trabajo de tesis estudiamos las dinámicas de un modelo epidemiológico del dengue y un modelo epidemiológico del dengue con control difuso. Nuestro objetivo es aplicar el control difuso, pero generando el mínimo gasto posible. En este sentido, el objetivo general de este trabajo es el siguiente:

Objetivo general.

Diseñar e implementar un control difuso para un modelo SIR-SI para la propagación del dengue en una población. Analizar la eficiencia del controlador mediante una función de costos y determinar el período de días óptimo para aplicar el control de tal forma que se reduzca el número de infectados al menor costo.

Objetivos particulares.

- Diseñar las reglas del control difuso usando las posibles etapas de una epidemia y aplicar las medidas de control propuestas.
- Proponer una función de costos que incluya el costo de implementar una campaña de descacharrización, incrementar o mejorar los servicios de salud y aplicar una campaña de fumigación.
- Encontrar un intervalo en el cual al aplicar el control difuso, el costo generado sea menor que el costo generado por el modelo sin control.
- Minimizar la función de costos del modelo con control difuso.

1.8. Aportaciones

Las aportaciones de esta tesis son:

 Estrategias de control bien fundamentadas para aplicarlas en el proceso de una epidemia de dengue. Así nuestras estrategias contemplan la tasa de contacto entre personas y vectores, la tasa de recuperación de las personas, la cual es importante, dado que entre más pronto se recuperen las personas con dengue, entonces será menos posible que los mosquitos piquen a una persona infectada y la tercer propuesta es atacar la tasa de reclutamiento de los mosquitos.

- La implementación de un modelo con control, usando las estrategias de control antes mencionadas, el control será fijo.
- Un modelo con control difuso basado en el formalismo de la teoría de lógica difusa y conjuntos difusos, este modelo implementará las estrategias de control. La intensidad con la que se apliquen las estrategias dependerá de en qué momento de la epidemia (etapa inicial, brote, clímax, persistencia o cierre) se encuentra el estado de la epidemia al momento en el que se aplique el control difuso.
- Proponemos funciones de costos para nuestros modelos de estudio, la función del modelo sin control estará dada en términos del costo que generan las personas infectadas (los pacientes). Mientras que para el modelo con control difuso, su función de costos contempla a los infectados y el costo que genera el implementar las estrategias de control.

1.9. Descripción del documento.

En el capítulo 2 presentamos algunos conceptos básicos de los modelos epidemiológicos, su historia, el modelo epidemiológico del dengue con y sin control, además de las estrategias que se pueden implementar. En el capítulo 3 presentamos la estructura de lógica difusa y conjuntos difusos. Mientras que en el capítulo 4 presentamos la construcción de un control difuso, sus componentes acompañadas de un ejemplo aplicado en un biorreactor. En el capítulo 5 mostramos el modelo epidemiológico del dengue con control difuso, explicando de qué manera construimos el control difuso y sus resultados; acompañado del costo generado por ambos modelos de estudio. Por último, en el capítulo 6 presentamos las conclusiones de este trabajo y algunos comentarios finales.

Capítulo 2

Marco teórico.

2.1. Introducción

Tras la aparición de una enfermedad infecciosa se buscan estrategias para poder comprender la dinámica de su transmisión, con el fin de tener algún tipo de predicción de esta. De manera que en este proceso surgen preguntas como las siguientes: ¿Cuantas personas se infectarán? ¿Cuánto tiempo durará la epidemia? Este tipo de cuestiones pueden ser respondidas mediante el uso de los modelos epidemiológicos. En este sentido, la importancia de estos modelos radica en que permiten pronosticar y diseñar estrategias para mitigar o controlar los contagios.

En este capítulo daremos una descripción de los modelos matemáticos en la epidemiología, sus clasificaciones, su importancia a lo largo de la historia y la metodología de la matriz de la siguiente generación, la cual es una herramienta matemática para poder obtener una expresión del número reproductivo básico R_0 . Además, una vez que hemos descrito los modelos nos enfocaremos específicamente en el modelo epidemiológico SIR-SI, el cual es un modelo que describe la dinámica de la infección de enfermedades transmitidas por vector, en particular, nos enfocaremos a las trasmitidas por mosquitos tales como el dengue. Por último, expondremos sobre las medidas de control en el modelo SIR-SI y su efecto en el R_0 con y sin control.

2.2. Modelos epidemiológicos.

La epidemiología se define como el estudio de la distribución y de los determinados estados relacionados con la salud en una población, en un punto específico de tiempo, y la aplicación de estrategias para su control [9, 10]. Hablamos de estados

relacionados con la salud debido a que la epidemiología intenta evaluar todas las posibles situaciones que modifiquen el estado de salud de los individuos involucrados, ya sean beneficiosas o perjudiciales. Por ejemplo, es importante conocer el porcentaje de la población de niños vacunados contra el sarampión [10]. Al conocer estos datos podemos, por ejemplo, implementar una nueva campaña de vacunación contra el sarampión; o bien conocer si la proporción niños vacunados es adecuada para controlar esta enfermedad, etc.

En este sentido, los objetivos que tiene la epidemiología son los siguientes: identificar la o las causas de una enfermedad o de estados relacionados con la salud y sus factores de riesgo; determinar la extensión de la enfermedad en la población; estudiar la historia natural de la enfermedad y su pronóstico; proporcionar fundamentos para el desarrollo de políticas de salud y evaluar medidas preventivas y terapéuticas [10].

Por otro lado, la epidemiología matemática [10] es una rama de las matemáticas que modela y analiza la propagación de enfermedades infecciosas en una población. Se puede usar para modelar y formular estrategias para manejar enfermedades establecidas, así como para prevenir nuevos casos, predecir el impacto de la información sobre infecciones y vacunas en el comportamiento humano, sus consecuencias epidemiológicas y su retroalimentación final en el comportamiento [10, 11, 12]. Actualmente hay modelos de enfermedades infecciosas como lo es el dengue, la malaria, el Covid-19, etc.

Un modelo matemático está compuesto de parámetros, variables y un operador, estas conexiones son las reglas de cambio o relaciones entre las variables que determinan su evolución [1]. Donde las variables son abstracciones de las propiedades del sistema que pueden cuantificarse o medirse. En este sentido, el modelado matemático se emplea para calcular y estimar parámetros que son importantes para comprender la dinámica de transmisión. Además, se puede utilizar para simular brotes y evaluar la eficacia de diferentes estrategias de prevención e intervención [1].

Existen tres enfoques generales para el modelado matemático de enfermedades infecciosas, los cuales definiremos a continuación mencionando sus ventajas e inconvenientes [13]:

- 1. Modelos estadísticos. Estos modelos están muy orientados a los datos y están construidos para manejar un conjunto específico de datos [13].
 - Ventajas: Los modelos estadísticos se utilizan ampliamente en la investigación en epidemiología y salud pública.
 - Inconvenientes: los modelos estadísticos requieren grandes muestras de datos.

- 2. Modelos deterministas: En estos modelos el comportamiento de una población está completamente determinado por su historia y por las reglas que describen el modelo [14]. Por lo general, estos son modelos que utilizan ecuaciones diferenciales y/o en diferencias. La suposición clave es que los tamaños de los compartimientos de sus diferentes estados son funciones continuas del tiempo, siempre dependerán de su estado previo. Los modelos describen las interrelaciones dinámicas entre las tasas de cambio y el tamaño de la población [13].
 - Ventajas: La derivación de modelos matemáticos depende menos de los datos en comparación con los modelos estadísticos; los modelos matemáticos deterministas son adecuados para hacer predicciones [13].
 - Inconvenientes: No se espera que estos modelos sean válidos si los tamaños de población son muy pequeños, en cuyo caso las perturbaciones estocásticas se vuelven no despreciables [13].
- 3. Modelos estocásticos. En este tipo de modelos, la infección se trata como un proceso estocástico. Los modelos estocásticos se formulan en términos con probabilidades que describen las transiciones entre estados [1]. Esto significa que los resultados se dan en términos de distribuciones de probabilidad como la distribución de tamaño final [1].
 - Ventajas: los modelos estocásticos son adecuados para tratar con pequeños grupos de población, como una comunidad pequeña o un solo hospital, o donde unas pocas personas infectadas son muy activas y tienen una gran cantidad de contactos infecciosos [13].
 - Inconvenientes: el análisis matemático de modelos estocásticos es difícil debido a que las herramientas teóricas matemática son complicadas; el análisis de modelos se basa en gran medida en las observaciones de una gran cantidad de simulaciones numéricas [13].

Debido a las características que tienen los modelos matemáticos, estos han sido reconocidos cada vez más en la comunidad de salud pública como una importante herramienta de investigación para el control de enfermedades infecciosas.

2.2.1. Breve revisión histórica de la epidemiología matemática.

La primera epidemia importante descrita por los historiadores fue la peste de Atenas, que azotó la ciudad de Atenas entre 430 y 426 a. c. La descripción precisa de esa plaga la proporcionó el historiador científico Tucídides (460–400 a. C.) en su historia de la guerra del Peloponeso; su descripción se basa en la experiencia personal e incluye síntomas, progresión de la enfermedad y número de muertes. Sin embargo, el agente causal de la peste de Atenas sigue siendo objeto de debate. Hipócrates (459–337 a. C.), en su tratado Epidemias, delinea los factores que afectaron la propagación de la enfermedad en ese momento. En 165–180 d.c., el imperio Romano y Egipto se vieron afectados por la viruela, dejando a millones de personas muertas; la viruela es una enfermedad infecciosa y contagiosa causada por un virus (variola), se caracteriza por provocar fiebre y por la aparición de ampollas de pus en la piel que al secarse quedan en forma de costras y al caer dejan cicatrices permanentes en la piel. Fue declarada erradicada en todo el mundo en 1980 por la Organización Mundial de la Salud(OMS) [15].

Una de las epidemias mejor documentadas que asolaron Europa fue la *Peste Negra*, ahora identificada como probablemente la peste bubónica que había invadido Europa ya en el siglo VI. Se extendió desde Asia por toda Europa en varias oleadas durante el siglo XIV, comenzando en 1346, y se estima que causó la muerte de hasta un tercio de la población de Europa [14]. Se calcula que la peste negra se extendió por todo el Mediterráneo y Europa y mató entre 50 y 100 millones de personas entre los años 1348-1350. Evidencia reciente de ADN de víctimas en Europa sugiere que el patógeno responsable fue la *yersinia pestis bacterium*, que causa varias formas de plaga, entre otras epidemias que dejaron millones de muertes [6].

Aunque la epidemiología en sí tiene una larga historia, el estudio matemático de las enfermedades y su propagación tiene solo unos 350 años [6]. El primer estudio estadístico de las enfermedades infecciosas se atribuye a John Graunt (1620-1674), cuyo libro de 1663 es llamado Observaciones naturales y políticas hechas sobre las facturas de mortalidad se propone métodos estadísticos aplicados a la salud pública. Un siglo después, Daniel Bernoulli utilizó métodos matemáticos para analizar la mortalidad por viruela. En 1766, publicó un artículo en el que describía los efectos de la variolización (un precursor de la vacunación) de la viruela ocasionalmente sobre la esperanza de vida mediante el análisis matemático de tablas de vida, lo que ahora se considera el primer modelo epidemiológico [6]. Bernoulli argumentó que la inoculación (es la introducción voluntaria o accidental) del virus vivo obtenido de un caso leve de viruela reduciría la tasa de mortalidad [1, 6].

A mediados del siglo XIX, Louis Pasteur hizo notables avances en las causas y la prevención de las enfermedades infecciosas. Redujo la mortalidad por fiebre puerperal (infección provocada por bacterias que produce inflamación) y creó las primeras vacunas contra la rabia y el ántrax. Sus descubrimientos médicos proporcionaron un apoyo directo a la teoría de los gérmenes de la enfermedad [6]. Casi al mismo tiempo, el fundador de la bacteriología moderna, Robert Koch, identificó los agentes causales específicos de la tuberculosis, el cólera y el ántrax, dando así apoyo experimental al concepto de enfermedad infecciosa. También fue famoso por el desarrollo de los postulados de Koch. A fines del siglo XIX se conoció el concepto de transmitir una enfermedad bacteriana a través del contacto entre un individuo infectado y uno sano. Esto allanó el camino para la modelización matemática de las enfermedades infecciosas.

El modelado matemático de enfermedades infecciosas hizo avances significativos con el trabajo de William Hamer, a principios del siglo XX. Estaba buscando una explicación de la recurrencia del sarampión. Hamer fue el primero en utilizar la ley de acción de masas para modelar enfermedades infecciosas. Pero fue Sir Ronald Ross a quien se considera el padre de la epidemiología matemática moderna. Hizo un trabajo pionero sobre la malaria. Ross recibió el Premio Nobel en 1902 [6, 16]. A pesar de sus contribuciones, no pudo convencer a sus contemporáneos de que la malaria podía erradicarse simplemente reduciendo el número de mosquitos. En la segunda edición de su libro "La prevención de la malaria", publicado en 1911, desarrolló modelos matemáticos de la transmisión de la malaria y derivó una cantidad umbral, hoy conocida como número básico de reproducción (R_0) . En la época de Ross, el modelado matemático de las enfermedades infecciosas no era bien aceptado. No obstante, Ross era partidario del uso de herramientas matemáticas en epidemiología [6, 16].

Una vez más la epidemiología matemática tuvo un gran aporte con el modelo de propagación de enfermedades infecciosas, publicado por William Ogilvy Kermack (1898-1970) y Anderson Gray McKendrick (1876-1943) en 1927. En su artículo en conjunto "Una contribución a la teoría matemática de las epidemias", Kermack y McKendrick publicaron por primera vez un modelo epidémico determinista que incluía individuos susceptibles, infectados y removidos, también llamado modelo SIR [6, 14]. Su modelo no incluye las tasas naturales de natalidad y mortalidad y en consecuencia, solo modela los brotes de enfermedades. Para capturar modelos epidemiológicos que pueden establecerse en una población y persistir, Kermack y McKendrick publicaron la Parte II y III de su trabajo titulado "una contribución a la teoría matemática de las epidemias" en 1932 y 1933 respectivamente [6, 14].

En la década de 1980 el modelado matemático de enfermedades infecciosas ganó importancia con la llegada de la epidemia del VIH. Desde entonces, se ha creado,

analizado y empleado una gran cantidad de modelos para estudiar la propagación de enfermedades infecciosas [6]. Hoy en día, las amenazas de epidemias y pandemias existen continuamente ya que los virus mutan muy rápidamente. En este sentido, la epidemiología matemática tiene una presencia constante en la investigación científica y la modelación matemática, y está haciendo contribuciones significativas a las matemáticas y la salud pública para poder hacer frente a las enfermedades infecciosas.

2.3. Modelo SIR.

Para formular un modelo dinámico para la transmisión de una enfermedad epidémica, la población en una región dada es dividida en varios grupos o compartimentos diferentes. Este tipo de modelos que describen las relaciones dinámicas entre estos compartimentos se denomina modelo de compartimento o modelo compartimental [17]. En este sentido, el modelo de Kermack-McKendrick es un modelo compartimental basado en suposiciones relativamente simples sobre las tasas de flujo entre diferentes clases de miembros de la población [14]. El modelo fue creado por parte de William Ogilvy Kermack (1898-1970) y Anderson Gray McKendrick (1876-1943) en 1927, modelo conocido como modelo epidémico SIR, el cual es un modelo determinista. Cuyas predicciones son muy similares a comportamientos observados en innumerables epidemias [6, 16].

En el modelo compartimental estudiado por Kermack y Mckendrick en 1927, la población se divide en tres compartimentos: Compartimento susceptible, etiquetado como S, es el compartimiento de individuos que están sanos pero pueden contraer la enfermedad; compartimento infectado, etiquetado como I, en el que todos los individuos están infectados por la enfermedad y son infecciosos; y el compartimento de recuperados, etiquetado como R, en el que todos los individuos se retiran o se recuperan de la infección y no pueden volver a contraer la enfermedad [17]. Es un modelo compartimental porque cada letra se refiere a un "compartimento" en el que puede residir un individuo, cada individuo puede residir exactamente en un compartimento y puede moverse de un compartimento a otro [6]. Se usa la terminología SIR para describir una enfermedad que confiere inmunidad contra la reinfección, para indicar que el paso de individuos es de la clase susceptible S a la clase infectiva I a la clase recuperada R [14]. De manera que el número de individuos en cada una de estas clases o compartimientos cambia con el tiempo, es decir, S(t), I(t) y R(t) son funciones dependientes del tiempo t [6].

Para obtener las ecuaciones diferenciales que definen el modelo SIR se usa un diagrama de flujo, los cuales se usan para describir los modelos compartimentales. Cada compartimento en un diagrama de flujo está representado por un cuadro in-

dexado por el nombre de la clase. Las flechas indican la dirección del movimiento de los individuos entre las clases. Las flechas de movimiento suelen estar marcadas por las tasas de transición [6, 16]. El flujo de entrada de un compartimento puede depender del flujo de salida de otro compartimento. [16] En la figura (2.1) mostramos el diagrama de flujo del modelo SIR.

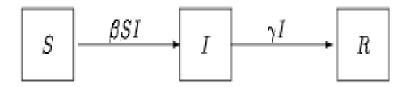


Figura 2.1: Diagrama del modelo SIR.

Teniendo la Figura (2.1) que describe la relación entre los compartimientos, las ecuaciones diferenciales que describen el modelo SIR son las que mostramos en la ecuación (2.1).

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI,$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I,$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I.$$
(2.1)

No obstante, el modelo cuenta con las siguientes tres suposiciones:

- 1. La enfermedad se propaga en un ambiente cerrado; es decir, no hay emigración ni inmigración, ni nacimientos ni muertes en la población, por lo que la población total permanece constante N para todos, es decir, S(t) + I(t) + R(t) = N [6, 17].
- 2. El número de susceptibles que son infectados por un individuo infectado por unidad de tiempo, en el momento t, es proporcional al número total de susceptibles con el coeficiente proporcional (coeficiente de transmisión) β , de modo que el número total de nuevos infectados, en el momento t, es $\beta S(t)I(t)$ [6, 17].
- 3. El número de individuos removidos (recuperados) del compartimento infectado por unidad de tiempo es $\gamma I(t)$ en el tiempo t, donde γ es el coeficiente de tasa

de recuperación, y los individuos recuperados obtienen inmunidad permanente [6, 17].

En la siguiente sección describiremos el modelo SIR-SI.

2.4. Modelo SIR-SI en un parche.

Una enfermedad es infecciosa si el agente causal, ya sea un virus, una bacteria, un protozoo o una toxina, puede transmitirse de un huésped a otro, a través de modos de transmisión como el contacto físico directo, gotitas en el aire, agua o alimentos, vectores de enfermedades o de madre a recién nacido [13]. Una enfermedad transmitida por vectores es aquella en la que el microorganismo patógeno se transmite de un individuo infectado a otro individuo por un artrópodo u otro agente, a veces con animales vertebrados que actúan como huéspedes intermediarios. La transmisión de enfermedades transmitidas por vectores a los seres humanos depende de tres factores: El agente patógeno, el vector artrópodo y el huésped humano [6]. En este sentido, para un pequeño número de enfermedades transmitidas por vectores, como la malaria y el dengue, los humanos son el huésped principal. El vector recibe el patógeno de un huésped infectado y lo transmite a un huésped animal intermediario o directamente al huésped humano [6].

No obstante, los componentes clave que determinan la aparición de enfermedades transmitidas por vectores incluyen [6]:

- La abundancia de vectores y huéspedes intermedios y reservorios;
- la prevalencia de patógenos causantes de enfermedades adecuadamente adaptados a los vectores y al huésped humano o animal;
- las condiciones ambientales locales, especialmente la temperatura y la humedad;
- el comportamiento de resiliencia y el estado inmunitario del ser humano población.

Las enfermedades transmitidas por vectores prevalecen en los trópicos y subtrópicos y son relativamente raras en las zonas templadas. Muchas enfermedades virales vectoriales, como la fiebre amarilla, el dengue y la encefalitis japonesa, comúnmente causan grandes epidemias. Las razones del surgimiento o resurgimiento de enfermedades transmitidas por vectores incluyen [6]:

- El desarrollo de resistencia a los insecticidas y medicamentos;
- disminución de los recursos para la vigilancia, prevención y control de enfermedades transmitidas por vectores;
- crecimiento de la población;
- urbanización;
- cambios en las prácticas agrícolas;
- deforestación;
- aumento de los viajes.

A continuación haremos una descripción del modelo SIR-SI para la infección de dengue.

2.4.1. Modelo SIR-SI del dengue.

Los virus del dengue generalmente se transmiten por la picadura de un vector infectado, esto se debe a que los vectores se alimentan preferencial y frecuentemente de sangre humana, único reservorio importante además de los propios mosquitos. Se ha demostrado que los virus del dengue en los mosquitos causan una infección del sistema nervioso, lo que conduce consecutivamente a períodos de alimentación prolongados con una mayor probabilidad de ser interrumpidos por el huésped, lo que aumenta la posibilidad de que este mosquito infectado pruebe o se alimente de huéspedes adicionales [1]. Sin embargo, el modelo matemático del dengue toma en cuenta la dinámica de los vectores y de los seres humanos [6]. Es decir, los mosquitos tomaran el papel de los vectores, mientras el patógeno cae en la categoría de ser un virus (virus del dengue) y los humanos son el huésped principal, sin reservorios animales significativos. Además es un modelo compartimental.

Hipótesis del modelo.

Partimos de suponer que una población de individuos se encuentra aislada, es decir, no hay personas que lleguen de otros lados, por lo que la población se mantiene fija, una población de tamaño N_h . La población se encuentra en uno de los 3 estados posibles:

 Compartimento o estado susceptible, etiquetado como S, es el compartimiento de individuos que están sanos pero pueden contraer la enfermedad.

- Compartimento de infectados, etiquetado como I, en el que todos los individuos están infectados por la enfermedad.
- Compartimiento de recuperados, etiquetado como R, en el que todos los individuos se retiran o se recuperan de la infección y no pueden volver a contraer la enfermedad.

Cada letra se refiere a un "compartimento" en el que puede residir un individuo, cada individuo puede residir exactamente en un compartimento y puede moverse de un compartimento a otro. La dinámica del tamaño total de la población de humanos es $N_h = S + I + R$.

Así mismo para los vectores partimos de suponer que es una población aislada, pero de un tamaño N_v . En este caso la población de vectores se divide en 2 estados posibles:

- Compartimiento de mosquitos susceptibles, etiquetado como M, es el compartimiento en el que los mosquitos están sanos, pero pueden contraer la enfermedad.
- Compartimiento para mosquitos **infectados**, etiquetado como V, es el compartimiento en el que los mosquitos ya adquirieron el virus, un vector susceptible se infecta al picar a un ser humano infectado.

Es decir, hay dos compartimientos para vectores; uno de susceptibles y otro para infectados, ya que la mayoría de los vectores una vez infectados no se recuperan [6]. La dinámica del tamaño total de la población de vectores es $N_v = M + V$.

El número de individuos en cada uno de los compartimientos cambia con el tiempo, es decir, S(t), I(t), R(t), M(t) y V(t) son funciones dependientes del tiempo t. Estas funciones dependientes del tiempo tienen el siguiente significado:

- S(t) es el número de individuos susceptibles en la fracción de tiempo t.
- I(t) es el número de individuos infectados en la fracción de tiempo t.
- R(t) es el número de individuos recuperados en la fracción de tiempo t.
- M(t) es el número de mosquitos susceptibles en la fracción de tiempo t.
- V(t) es el número de mosquitos infectados en la fracción de tiempo t.

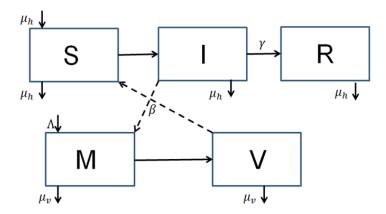


Figura 2.2: Diagrama de flujo que describe al modelo SIRSI.

De modo que el diagrama de flujo que mostramos en la figura (2.2) nos describe la relación entre los compartimientos.

Partiendo del diagrama de flujo de la figura (2.2), el modelo SIR-SI en un solo parche aislado ocupado por una población de humanos de tamaño N_h y una población de mosquitos N_v es definido por el sistema de ecuaciones diferenciales mostrada en la ecuación (2.2):

$$\frac{dS}{dt} = \mu_h (N_h - S) - \beta V \frac{S}{N_h},$$

$$\frac{dI}{dt} = -(\gamma + \mu_h) I + \beta V \frac{S}{N_h},$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_h R,$$

$$\frac{dM}{dt} = \Lambda - \mu_v M - \beta M \frac{I}{N_h},$$

$$\frac{dV}{dt} = -\mu_v V + \beta M \frac{I}{N_h},$$
(2.2)

donde β es el parámetro que representa la tasa de picadura de vectores a humanos por unidad de tiempo, por lo que $\beta V \frac{S}{N_h}$ representa el número total de susceptibles que se enferman por la picadura de vectores infectados. Mientras que $\beta M \frac{I}{N_h}$ representa el número total de vectores susceptibles que contraen la enfermedad tras

picar a un humano infectado. Por otra parte, μ_h y μ_v son las tasas de natalidad y mortalidad natural per cápita de humanos y vectores, respectivamente. Además, γ es la tasa de recuperación per cápita de humanos y Λ es la tasa de reclutamiento de los vectores [18]. Cabe mencionar que los compartimentos se irán actualizando en cada unidad de tiempo.

Para este trabajo de tesis, usaremos los valores que mostramos en el cuadro (2.1) [18].

Parámetros	Descripción	Valor numérico
N_v	Población total de mosquitos.	8,000 mosquitos
N_h	Población total de personas.	10,000 humanos.
β	Tasa de picaduras de vectores a personas (pi-	0.67 picaduras por
	caduras por día por mosquito).	día.
γ	Tasa de recuperación de humanos (por día,	0.142 humanos por
	per cápita).	día.
μ_v	Tasa de natalidad/mortalidad per cápita de	0.125 mosquitos
	mosquitos hembras adultas.	por día.
μ_h	Tasa de natalidad/mortalidad de humanos	4.57×10^{-5} huma-
	(por día).	nos por día.
Λ	La constante de reclutamiento de vectores.	1000 mosquitos por
		día.
r_0	Efectividad del medicamento aplicado (para	0.04 humanos por
	tener una recuperación más rápida).	día.

Cuadro 2.1: Parámetros del modelo SIR-SI, descripción y valores.

2.5. Matriz de la próxima generación y el R_0 .

Un concepto clave en epidemiología es el número reproductivo básico, también conocido como R_0 . Se define como el número de infecciones secundarias que un individuo infeccioso produce durante su enfermedad en una población de individuos susceptibles [1, 6, 18, 19, 20]. En este sentido, este concepto nos indica si una enfermedad tendrá un gran impacto de propagación en la población. Además, normalmente se espera que el R_0 satisfaga alguna de las siguientes. condiciones[6, 18].

• Si $R_0 < 1$, no hay epidemia; es decir, el sistema es asintóticamente estable,

• si $R_0 > 1$ la infección puede propagarse en la población, porque en promedio cada individuo infectado se reemplaza por más de un nuevo infectado. Sin embargo, este proceso solo puede continuar mientras haya suficientes individuos susceptibles disponibles [1]. Además, si ocurre esto decimos que el sistema es inestable.

Por otra parte, la metodología de la matriz de la próxima generación fue propuesta por Diekmann y Heesterbeek en 1990. Se usa para encontrar una expresión analítica del R_0 , es usado en modelos compartimentales de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO's), las cuales modelan enfermedades infecciosas[21]. Hay varias técnicas para derivar la matriz de próxima generación a partir de modelos compartimentales. Sin embargo, nosotros nos enfocaremos únicamente en el método de Van den Driessche and Watmough. Para la implementación de este método es necesario hacer dos clasificaciones: Infectados y los que se encuentran libres de enfermedad (no infectados). Para que la metodología sea clara y precisa la explicaremos acompañándola con un ejemplo, el ejemplo que usaremos será en el modelo SIR-SI que escribimos en la ecuación (2.2).

Partimos suponiendo que existen n compartimientos infectados y m de no infectados, entonces el modelo representado por EDO's consta de n+m variables dependientes [21]. Sea $x \in \mathbb{R}^n$, el vector de las variables dependientes en los compartimientos infectados y $y \in \mathbb{R}^m$, el vector de las variables dependientes en los compartimientos no infectados. Para obtener la matriz de la próxima generación se realizan los siguientes pasos.

■ Paso 1: Primero ordenamos las ecuaciones de modo que las primeros n componentes del sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias correspondan a los compartimientos infectados [6, 21, 22]. De modo que el sistema de EDO's queda ordenado como lo vemos en la ecuación (2.3).

$$x'_{i} = f_{i}(x, y), con i = 1, ..., n,$$

 $y'_{j} = g_{j}(x, y), con j = 1, ..., m,$

$$(2.3)$$

• Paso 1 (ejemplo): De las ecuaciones que tenemos en (2.2), ordenamos primero las variables relacionadas con la infección, las cuales son las ecuaciones que mostramos en (2.4), mientras que las ecuaciones que mostramos en (2.5) son los compartimientos libres de enfermedad.

Infectados
$$\begin{cases} \frac{dI}{dt} = -(\gamma + \mu_h) I + \beta V \frac{S}{N_h}, \\ \frac{dV}{dt} = -\mu_v V + \beta M \frac{I}{N_h}, \end{cases}$$
(2.4)

No infectados
$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu_h (N_h - S) - \beta V \frac{S}{N_h}, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_h R, \\ \frac{dM}{dt} = \Lambda - \mu_v M - \beta M \frac{I}{N_h}, \end{cases}$$
(2.5)

■ Paso 2: Los compartimientos infectados de la ecuación (2.3) los dividiremos tal y como lo mostramos en la ecuación (2.6):

$$x'_{i} = \mathcal{F}(x, y) - \mathcal{V}_{i}(x, y), \ con \ i = 1, ..., n,$$

 $y'_{j} = g_{j}(x, y), \ con \ j = 1, ..., m,$

$$(2.6)$$

donde

- $\mathcal{F}_{i}(x,y)$ es la tasa de aparición de nuevas infecciones en el compartimiento i,
- $V_i(x, y)$ incorpora los términos transitorios restantes, es decir, nacimientos, defunciones, progresión de la enfermedad y recuperación.

Cabe mencionar que la descomposición en compartimentos infectados y no infectados, así como la descomposición en \mathcal{F} y \mathcal{V} , puede no ser única. Diferentes descomposiciones pueden corresponder a diferentes interpretaciones del proceso de la enfermedad y pueden conducir a expresiones algo diferentes del número de reproducción [6, 22]. Sin embargo, la descomposición (2.6) debe satisfacer las siguientes propiedades [6, 21]:

• $\mathcal{F}_i(0,y) = 0$ y $\mathcal{V}_i(0,y) = 0$, para $y \geq 0$ y i = 1,...,n. La primera condición dice que todas las infecciones nuevas son infecciones secundarias que surgen de huéspedes infectados. La segunda condición dice que no hay inmigración de individuos susceptibles a los compartimientos de la enfermedad.

- $\mathcal{F}_i(x,y) \geq 0$ para todo $x,y \geq 0$ e i=1,...,n.
- $V_i(x,y) \leq 0$ cuando $x_i = 0$, para i = 1,...,n. Cada componente de V_i representa la salida neta de un compartimiento y debe dar entrada (ser negativo) solo si el compartimiento está vacío.
- $\sum_{i=1}^{n} \mathcal{V}_i(x,y) \geq 0, \forall x,y \geq 0$. Es decir, la salida total de todos los compartimientos infectados es positiva.
- Paso 2(ejemplo): los compartimientos infectados están compuestos por la ecuación (2.4), de modo que debemos dividirlas en términos de \mathcal{F} y \mathcal{V} , así que proponemos la siguiente descomposición:

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta V \frac{S}{N_h} \\ \beta M \frac{I}{N_h} \end{pmatrix} \quad y \quad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\gamma + \mu_h)I \\ \mu_v V \end{pmatrix}. \tag{2.7}$$

- Paso 3: Asumimos que el sistema es libre de la enfermedad. Es decir, tiene un único punto de equilibrio llamado el punto de equilibrio de enfermedad $E = (0, y_0)$.
 - Paso 3(ejemplo): El punto libre de enfermedad es dado por:

$$p_0 = (S^*, I^*, R^*, M^*, V^*) = \left(N_h, 0, 0, \frac{\Lambda}{\mu_v}, 0\right).$$

El punto p_0 queda en términos de la población N_h , esto es claro ya que si no hay una infección, entonces toda la población está en el compartimiento de personas sanas. Por otra parte, N_v es la población de vectores y se puede ver como el cociente de la tasa de natalidad entre la de mortalidad.

■ Paso 4: Calculamos las matrices F y V con dimensiones de $n \times n$, cuyas entradas es la linealización del sistema (2.3) y las evaluamos en el punto de equilibrio [6, 21]. Es decir, las matrices son de la forma que mostramos en la ecuación (2.8).

$$F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i(0, y_0)}{\partial x_j}\right] \text{ y } V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i(0, y_0)}{\partial x_j}\right], \tag{2.8}$$

Una vez que hemos obtenido las matrices de la ecuación (2.8), también calculamos V^{-1} . La entrada (i, j) de la matriz V^{-1} , puede interpretarse como el tiempo esperado que un individuo introducido inicialmente en el compartimento de enfermedad j pasa en el compartimento de enfermedad i. Por otra parte, para la matriz F, la entrada (i, j) se interpreta como tasa que producen infecciones secundarias en el compartimento i por un caso del compartimento j [22].

• Paso 4(ejemplo): Primero calcularemos la matriz F, para ello definimos \mathcal{F}_1 y \mathcal{F}_2 para poder calcular sus derivadas parciales, evaluar las entradas en el punto libre de enfermedad y posteriormente obtener la matriz F, este proceso lo mostramos a continuación :

$$\mathcal{F}_1 = \beta V \frac{S}{N_h}$$
 y $\mathcal{F}_2 = \beta M \frac{I}{N_h}$,

$$F(p_0) = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1(p_0)}{\partial I} & \frac{\partial \mathcal{F}_1(p_0)}{\partial V} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2(p_0)}{\partial I} & \frac{\partial \mathcal{F}_2(p_0)}{\partial V} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & \beta \\ \frac{\beta \Lambda}{N_h \mu_v} & 0 \end{pmatrix}.$$

Ahora calcularemos la matriz V, para ello definimos \mathcal{V}_1 y \mathcal{V}_2 para poder calcular sus derivadas parciales y evaluarlas en el punto libre de enfermedad, este proceso los presentamos a continuación:

$$\mathcal{V}_1 = (\gamma + \mu_h)I$$
 y $\mathcal{V}_2 = \mu_v V$,

$$V(p_0) = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1(p_0)}{\partial I} & \frac{\partial \mathcal{V}_1(p_0)}{\partial V} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2(p_0)}{\partial I} & \frac{\partial \mathcal{V}_2(p_0)}{\partial V} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \gamma + \mu_h & 0 \\ 0 & \mu_v \end{pmatrix}.$$

Como ya hemos calculado las matrices de la ecuación (2.8), ahora falta calcular V^{-1} , el resultado es el que mostramos en la ecuación (2.9):

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma + \mu_h} & 0\\ 0 & \frac{1}{\mu_v} \end{pmatrix}, \tag{2.9}$$

■ Paso 5: La matriz de la próxima generación es definida por la ecuación (2.10).

$$K = FV^{-1},$$
 (2.10)

a partir de la matriz de la próxima generación obtendremos el R_0 , el cual se define como: $R_0 = \rho(K)$, donde $\rho(K)$ es el radio espectral de la matriz K. Además, el radio espectral de una matriz se define como el máximo de los valores absolutos de los valores propios de una matriz (en este caso la matriz K) [21].

• Paso 5(ejemplo): Para nuestro ejemplo, la matriz de la próxima generación es la que mostramos en la ecuación (2.11), la obtuvimos a partir de las expresiones encontradas en el paso 4.

$$K = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta}{\mu_v} \\ \frac{\beta \Lambda}{N_h \mu_v (\gamma + \mu_h)} & 0 \end{pmatrix}, \tag{2.11}$$

y su R_0 es el que mostramos a continuación.

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu_v} \sqrt{\frac{\Lambda}{N_h (\gamma + \mu_h)}} \ .$$

A continuación mostraremos unas simulaciones del modelo epidemiológico planteado por las ecuaciones que mostramos en (2.2).

2.6. Ejemplos numéricos del modelo SIR-SI.

En esta sección daremos unas simulaciones del modelo SIR-SI con un $R_0 < 1$ y otra simulación con un $R_0 > 1$ para ver la dinámica del sistema con estos valores, es decir, ver si hay epidemia o no. En la figura (2.3) mostramos la simulación del modelo (2.2) con $R_0 > 1$, para este caso sí hay epidemia, es decir, hay un gran número de personas infectadas.

Por otro lado, en la figura (2.4) mostramos una simulación del modelo SIR-SI (2.2) con un $R_0 < 1$, vemos que en esta simulación no hay epidemia, dado que el número reproductivo básico es muy pequeño. Es decir, no importa que las condiciones iniciales sean grandes en cuestión de infectados, no hay una epidemia, por lo que es muy importante mantener un $R_0 < 1$ para evitar epidemias (como se menciona en la teoría de la sección 2.5).

En la siguiente sección introduciremos control al modelo definido en la ecuación (2.2).

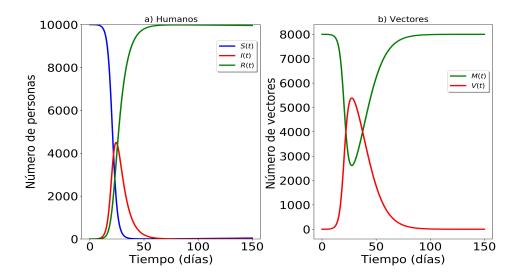


Figura 2.3: Modelo epidemiológico SIR-SI con $R_0 > 1$, con condiciones iniciales S(t) = 10,000. I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000 y V(t) = 0 y los valores de los parámetros son los que definimos en el cuadro(2.1)

2.7. Modelo SIR-SI con control.

En el control de epidemias, se emplea la vigilancia y el conocimiento detallado de las vías de transmisión en una población [1]. En este sentido, se emplean estudios de casos controlados, son aquellos en los que se seleccionan para el estudio personas con una condición específica (los casos) y personas sin la condición (los controles), con el fin de compararlos. Los controles se seleccionan más comúnmente de la población general de donde provienen los casos. Estos estudios se han utilizado cada vez con mayor frecuencia para evaluar la eficacia de las intervenciones preventivas [23].

En este sentido, una de las principales razones para estudiar enfermedades infecciosas es mejorar el control y, en última instancia, erradicar la infección de la población. Los modelos pueden ser una herramienta poderosa en este enfoque, permitiéndonos optimizar el uso de recursos limitados o simplemente enfocar las medidas de control de manera más eficiente [2]. Existen varias formas de medidas de control; todos operan reduciendo la cantidad promedio de transmisión entre individuos infecciosos y susceptibles. La estrategia de control (o combinación de estrategias) que se use dependerá de la enfermedad [2]. Estas estrategias de control se ven reflejadas en el R_0 , esperando que con dichas estrategias se reduzca dicho número.

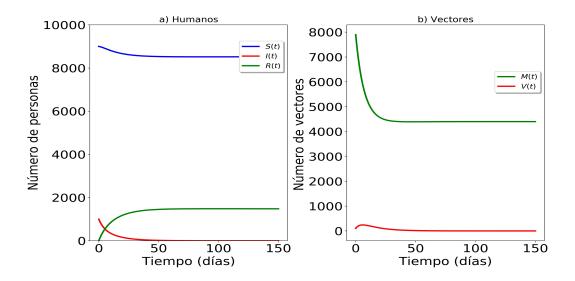


Figura 2.4: Modelo epidemiológico SIR-SI con $R_0 = 0.49 < 1$, con condiciones iniciales S(t) = 9,000. I(t) = 1,001, R(t) = 0, M(t) = 7,900 y V(t) = 100, $\beta = 0.1$ $\gamma = 0.143$ $\Lambda = 550$, mientras que μ_v y μ_h son los valores que definimos en el cuadro (2.1).

A continuación, presentaremos estrategias de control para el modelo SIR-SI expresado en la ecuación (2.2), con la intención de reducir interacción entre vectores y humanos, reducir el riesgo de hospitalización y aplicar control sobre la dinámica de los vectores.

2.7.1. Estrategias de control.

A partir del estudio de un modelo e interpretando los datos epidemiológicos que este genere, podemos hacer tomas de decisiones para intervenir con control efectivo sobre la enfermedad [14]. Para proponer estrategias para el control de la enfermedad, primero que debemos tener presente la dinámica entre vectores y personas, con la finalidad de poder controlar una epidemia. En este sentido, la distribución de los vectores juega un papel importante, es decir, en donde se encuentran, en donde se reproducen y cuáles son los lugares característicos que estos prefieren para habitar.

En el capítulo 1 mencionamos que los vectores causantes del dengue (Aedes aegypti y Aedes albopictus) muestran preferencia por depósitos con agua para la oviposición. Generalmente, la especie es más frecuente en los recipientes artificiales que en

otro tipo de contenedores naturales[4, 8]. Los expertos en el tema comúnmente clasifican los recipientes de la siguiente manera: Recipientes artificiales para el almacenamiento de agua de uso (pozos, cisternas, albercas, tinacos, tanques, tambos, barriles, cubetas, tinajas, lavaderos, depósitos de agua de los inodoros, lavadoras, cántaros, bebederos para animales, etc.); recipientes artificiales desechados (llantas usadas de vehículos, utensilios domésticos, envases como latas, frascos y botellas); receptáculos artificiales ornamentales (floreros, fuentes, etc.), estructuras arquitectónicas (tejas, discontinuidades del piso, canales de drenado para el agua de lluvia mal diseñados, etc.); contenedores naturales cercanos a las viviendas como huecos de árboles, cañas de bambú y huecos de roca [8]. Sin embargo, aunque es común encontrar a los vectores en estos lugares, cada contenedor tiene distinta capacidad de carga poblacional [4]. Hay contenedores que pueden servir para la crianza de un número pequeño de individuos en lapsos muy cortos y otros que soportan densidades poblacionales muy altas por lapsos cortos [4, 8].

Regularmente los brotes de dengue ocurren en las épocas de lluvia, dado que el clima favorece a rellenar los depósitos ya mencionados. En este sentido, ante un brote de una epidemia nosotros proponemos aplicar las siguientes 3 estrategias de control:

- Descacharrización;
- Hospitalización;
- Fumigación.

Descacharrización.

La descacharrización está centrada en la eliminación de todos los objetos inservibles que pueden acumular agua, los cuales se encuentran en el domicilio, en el peridomicilio (alrededor de las viviendas) y en la comunidad que puedan servir como criaderos del mosquito Aedes aegypti. Particularmente haciendo un mayor énfasis en la eliminación de recipientes artificiales, dado que estos son de mayor preferencia para los vectores. Sin embargo, es difícil eliminar la totalidad de posibles criaderos alrededor y dentro de una vivienda y más aún de un poblado o una ciudad completa. Así que para hacer más productiva esta estrategia, y utilizando de manera eficiente el tiempo y esfuerzo del personal disponible que frecuentemente es insuficiente, es mejor tomar en cuenta la capacidad productiva (de mosquitos) de los diferentes tipos de contenedor, los esfuerzos para el control poblacional podrían enfocarse a los microambientes más productivos [4, 8].

Por esta razón, hay estudios que demuestran que el Aedes aegypti tiene distintas cargas poblacionales en los distintos tipos de contenedor, siendo las llantas usadas

el objeto con mayor carga poblacional de mosquitos [8]. Así que resulta factible eliminar los neumáticos, haciendo que la población del mosquito pueda ser abatida a niveles de bajo riesgo. También, es importante drenar las piscinas temporales de agua o llenarlas con tierra y mantener el agua de la piscina tratada, son enfoques fundamentales para manejar los posibles criaderos de mosquitos en un hogar moderno [3]. Por último, queremos hacer énfasis en la importancia a los enfoques educativos para enseñar a las comunidades sobre los riesgos de los mosquitos [5].

Hospitalización (cuarentena).

Para la estrategia de hospitalización, se debe implementar tratamiento rápido y adecuado, basado en la investigación y la evidencia [24]. En este sentido, debe implementarse la gestión de casos rápidos y eficaces, es decir, identificar y tratar de manera rápida los casos de dengue. Aunque pueda parecer obvio, no siempre es posible en muchos lugares debido a la mala infraestructura de salud y la falta de recursos. Por otro lado, el tratamiento rápido es doblemente efectivo porque reduce directamente el sufrimiento y ataca la productividad del dengue, reduciendo la transmisión de la infección a los mosquitos susceptibles [24]. En este sentido, lo más importante para el manejo de un paciente infectado por dengue es la atención y detección, acompañada de una ingesta adecuada de líquidos por vía oral [3]. No existe un tratamiento antiviral dirigido a la enfermedad viral del dengue. Además, los pacientes deben ser monitoreados de cerca por cualquier signo de advertencia ya que pueden declinar rápidamente en la fase crítica. Se realizan evaluaciones del estado del paciente, en base a la reducción de glóbulos blancos y recuentos de plaquetas junto con un aumento en los niveles de hematocrito. [3].

No obstante, el dengue puede producir fiebre, fuga de plasma y shock's. En el caso de la fiebre solo se controla con el uso de paracetamol [3]. En los casos de dengue hemorrágico, los pacientes deben ser admitidos inmediatamente en un centro médico capaz de realizar transfusiones de sangre, para implementar la reposición de líquidos [3]. La fuga de plasma debe reemplazarse de inmediato con un volumen suficiente de solución cristaloide para mantener una circulación eficaz [3]. En el caso pacientes con una hemorragia grave, se recomienda un tratamiento inmediato con transfusión de sangre [3, 5].

Fumigación.

La estrategia de fumigación reduce la longevidad de los mosquitos. Para ello, se emplean insecticidas e insecticidas biológicos y verdes para matar larvas de mosquitos y mosquitos adultos. Sin embargo, es necesario tener precaución ya que la mayoría de los pesticidas que se emplean actualmente son tóxicos para los humanos y otras especies [24]. Además, se implementan mosquiteros tratados con insecticida, aunque su efecto es generalmente bajo [5, 24]. Por otra parte, la aplicación de larvicidas generalmente implica la aplicación de pesticidas al agua donde se desarrollan las larvas de mosquito. A medida que las larvas se alimentan de Bacillus (bacterias que forma esporas), se libera una toxina bacteriana que perfora el intestino del mosquito [3]. El metopreno es otro método, que actúa como un regulador de crecimiento de las larvas y actúa interrumpiendo la metamorfosis de las larvas. La toxicidad de ambos métodos es muy baja y se ha considerado seguro para su uso en aguas que contienen peces [3]. Se pueden usar de manera efectiva cuando no es deseable o práctico vaciar el agua en contenedores, como el agua en piscinas decorativas o tanques de agua para caballos.

2.7.2. Parámetros de control.

Meteremos las 3 estrategias de control dentro del modelo SIR-SI, para ello las asociaremos a 3 parámetros de control, los cuales serán los siguientes:

- u_1 : Parámetro que nos representa la tasa de contacto, es decir, este parámetro estará asociado al control que aplicamos en la descacharrización.
- u_2 : Parámetro que nos representa el control que estamos implementando en la hospitalización.
- u_3 : Parámetro que nos representa el control aplicado en la fumigación de los mosquitos.

2.7.3. Modelo SIR-SI con control.

En esta subsección meteremos los parámetros de control en el modelo presentado por la ecuación (2.2), el resultado es el que mostramos en la ecuación (2.12), el cual llamaremos modelo SIR-SI con control.

$$\frac{dS}{dt} = \mu_h (N_h - S) - (1 - u_1)\beta V \frac{S}{N_h},$$

$$\frac{dI}{dt} = -((1 + u_2 r_0)\gamma + \mu_h) I + (1 - u_1)\beta V \frac{S}{N_h},$$

$$\frac{dR}{dt} = (1 + u_2 r_0)\gamma I - \mu_h R,$$

$$\frac{dM}{dt} = (1 - u_3)\Lambda - \mu_v M - (1 - u_1)\beta M \frac{I}{N_h},$$

$$\frac{dV}{dt} = -\mu_v V + (1 - u_1)\beta M \frac{I}{N_h}.$$
(2.12)

Donde N_h y N_v es la población de humanos y mosquitos, respectivamente. Mientras que el término $(1-u_1)\beta$ es la tasa de picadura de vectores a humanos controlada (por la descacharrización) por unidad de tiempo, el termino $(1+u_2r_0)\gamma$ es la tasa de recuperación controlada (por la estrategia de hospitalización) per cápita de humanos, r_0 es la efectividad del medicamento que es aplicado a los pacientes (para tener una recuperación más rápida) y $(1-u_3)\Lambda$ es la tasa de reclutamiento controlada (por la fumigación) de los vectores. Por otro lado, los demás parámetros se definen tal y como los definimos para el modelo expresado en la ecuación (2.2).

Una simulación para este modelo, es la que mostramos en la figura (2.4), para obtener esta simulación; las condiciones iniciales son S(t)=9,000. I(t)=1,001, R(t)=0, M(t)=7,900 y V(t)=100, mientras que los parámetros β , γ , Λ , μ_h , μ_v y r_0 tienen los valores que definimos en el cuadro (2.1), a los parámetros de control les dimos los valores de $u_1=0.85$, $u_2=0.1$ y $u_3=0.45$.

2.7.4. Evaluación del control.

Para saber si las estrategias sugeridas son efectivas, se implementa el uso de larvitrampas y ovitrampas. Se utilizan para la vigilancia de áreas en riesgo de reinfestación, para verificar la posible erradicación y para evaluar los métodos de control, se basa en la observación de huevos y larvas encontradas. Por otro lado, su efectividad varía dependiendo del número y calidad de los cuerpo de agua existentes en el lugar que compiten con las trampas [8]. Otro método es usar el cebo humano (método que consiste en exponer al personal a la picadura de mosquitos), llega a emplearse para verificar la posible erradicación y evaluar los métodos de control. Así, la importancia del monitoreo larvario directo como procedimiento [8].

2.8. Análisis del modelo con control

Una vez que tenemos el modelo SIR-SI con control, calcularemos el R_0 del modelo con control para ver si es que hay una epidemia y ver la dinámica del modelo. Empleando la metodología de la matriz de la próxima generación, tenemos que la matriz de la próxima generación es la que mostramos en la ecuación (2.13)

$$K = \begin{pmatrix} 0 & \frac{(1-u_1)\beta}{\mu_v} \\ \frac{((1-u_1)\beta)((1-u_3)\Lambda)}{N_h\mu_v((1+u_2r_0)\gamma + \mu_h)} & 0 \end{pmatrix}.$$
 (2.13)

Para obtener el R_0 se busca el valor propio más grande de la matriz expresada en (2.13).

$$R_0 = \frac{(1 - u_1)\beta}{\mu_v} \sqrt{\frac{(1 - u_3)\Lambda}{N_h((1 + u_2 r_0)\gamma + \mu_h)}}.$$
 (2.14)

2.9. Análisis de sensibilidad.

El análisis de sensibilidad es usado para medir la importancia de los diferentes parámetros que componen al R_0 , aquel con mayor índice de sensibilidad puede ser el que aumenta o disminuye a R_0 [16]. En este caso, los parámetros con índice de sensibilidad para el modelo SIR-SI con control, serán los parámetros de control u_i , con i = 1, 2, 3. Debido a que con este análisis veremos el impacto de implementar las estrategias de control, con el fin de observar su impacto en una epidemia. Es decir, el objetivo de implementar estrategias de control es lograr que el R_0 sea menor que uno. Entonces, partiremos de la hipótesis que R_0 es menor a 1 y así encontrar el rango de valores de los parámetros u_i (con i = 1, 2, 3) que hacen verdadera nuestra hipótesis.

$$0 < R_0 < 1, (2.15)$$

ahora recordemos que el R_0 lo podemos ver como un par de productos, tal y como lo mostramos en la ecuación (2.14), por lo tanto, cada producto tiene que ser menor a uno (aunque hay más casos, nos enfocaremos en este) para que la ecuación (2.15) se cumpla, tal y como lo mostramos a continuación:

$$0 < \frac{(1 - u_1)\beta}{\mu_v} < 1 \text{ y } 0 < \sqrt{\frac{(1 - u_3)\Lambda}{N_h((1 + u_2 r_0)\gamma + \mu_h)}} < 1.$$
 (2.16)

A partir de la ecuación (2.16), obtendremos el rango de valores los cuales se cumplirá la ecuación (2.15). Para ello dejaremos al parámetro u_2 como una variable independiente. El resultado es el siguiente:

$$0 < (1 - u_1)\beta < \mu_v \qquad y \qquad 0 < (1 - u_3) \Lambda < N_h ((1 + u_2 r_0) \gamma + \mu_h),$$

$$-\frac{\mu_v}{\beta} < u_1 - 1 < 0 \qquad y \qquad 0 < (1 - u_3) < \frac{N_h ((1 + u_2 r_0) \gamma + \mu_h)}{\Lambda},$$

$$1 - \frac{\mu_v}{\beta} < u_1 < 1 \qquad y \qquad -\frac{N_h ((1 + u_2 r_0) \gamma + \mu_h)}{\Lambda} < (u_3 - 1) < 0,$$

$$1 - \frac{\mu_v}{\beta} < u_1 < 1 \qquad y \qquad 1 - \frac{N_h ((1 + u_2 r_0) \gamma + \mu_h)}{\Lambda} < u_3 < 1.$$

Ahora para que la ecuación (2.15) se cumpla, una opción para ello es que los parámetros de control u_1 y u_3 tengan un valor en el intervalo definido por la ecuación (2.17).

$$1 - \frac{\mu_v}{\beta} < u_1 < 1$$
 y $1 - \frac{N_h ((1 + u_2 r_0) \gamma + \mu_h)}{\Lambda} < u_3 < 1.$ (2.17)

En base a la expresión encontrada en la ecuación (2.17), podemos observar que el parámetro u_2 no genera un gran impacto, esto se debe a que está acompañado del termino r_0 (que representa la efectividad del medicamento) y de acuerdo a como lo definimos en la tabla (2.1), tiene un valor pequeño. Por tanto, u_2 no será un parámetro muy sensible para estos valores que hemos definido (en la tabla (2.1)). Sin embargo, ahora mostraremos la sensibilidad de los parámetros u_1 y u_3 con la siguiente gráfica, donde $u_1, u_3 \in [0, 1]$ y fijaremos $u_2 = 0.5$. El resultado de este análisis de sensibilidad los mostramos en la figura (2.5).

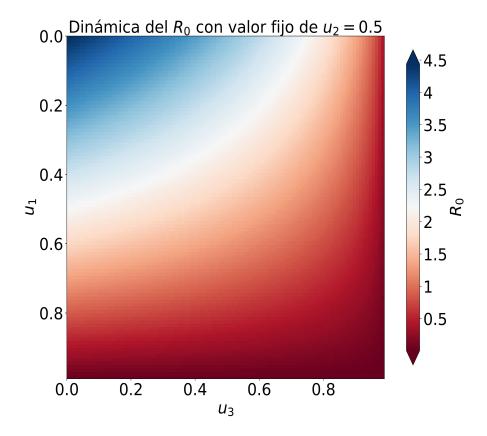


Figura 2.5: Análisis de sensibilidad de los parámetros u_1 y u_3 del modelo epidemiológico del dengue con control, descrito por la ecuación (2.12).

En la figura (2.5) podemos observar que la variación de los parámetros u_1 y u_3 es efectiva, debido a que con estas variaciones podemos hacer que el valor del R_0 se reduzca, hasta el punto de ser menor a 1 y en consecuencia la epidemia desaparecerá. En relación a la sensibilidad de los parámetros, podemos observar que el parámetro u_1 sufre una mayor sensibilidad. Para ejemplificar este argumento, supongamos que el parámetro u_3 tiene un valor de cero $(u_3 = 0)$, como consecuencia se necesita que u_1 tenga un valor de 0.8 o más grande para que R_0 sea menor a 1. Mientras que si el parámetro $u_1 = 0$, el valor del parámetro u_3 debe ser muy cercano a 1 para poder combatir la epidemia. Sin embargo, consideramos que la implementación de los tres parámetros es más efectiva a que aplicar un solo parámetro de control.

Capítulo 3

Fundamentos básicos de la lógica difusa.

3.1. Introducción.

El matemático Lotfi Ali Asker Zadeh (1921-2017) fue el fundador de lo que hoy conocemos como la lógica difusa y los conjuntos difusos. Zadeh solía describir a la lógica difusa como el acto de calcular con palabras [25], es decir, representar o modelar los mecanismos subyacentes del razonamiento con el uso del lenguaje cotidiano. En este sentido, la lógica difusa es un marco matemático usado para conectar el mundo cualitativo de las palabras con el mundo cuantitativo de las medidas [25].

Uno de los conceptos más importantes de la lógica difusa es el de conjunto difuso, el cual nos permite representar mediante una función llamada de membresía, el grado de membresía de un objeto al conjunto. Por ejemplo, en el conjunto de "personas altas" podemos encontrar tanto a personas con estatura mayor a 1.9m como a personas con estatura menor a 1.5m. Sin embargo, la función de membresía le dará un grado de pertenencia a este conjunto a la primera persona más grande que a la segunda [25].

Vale la pena destacar que la lógica difusa tiene potenciales aplicaciones en la inteligencia artificial y en el desarrollo de controladores en ingeniería y otras áreas de la ciencia [26]. En este capítulo expondremos los componentes fundamentales de este formalismo, lo cual nos permitirá en un siguiente capítulo exponer su uso en el diseño de controladores.

3.2. Lógica difusa.

De acuerdo con Carlos Ivorra Castillo [27], la lógica matemática es el estudio del razonamiento, donde razonar consiste en obtener conclusiones a partir de un conjunto de premisas, de tal forma que con los criterios adecuados podamos garantizar que, si las premisas son verdaderas, entonces las conclusiones son también verdaderas. En este contexto, la lógica es una teoría axiomática intuitiva, que tiene como uno de sus propósitos fundamentales el de clasificar los razonamientos dentro de dos clases: verdaderos y falsos [28].

Definición 3.1 ([29]): Llamaremos **proposición** a todo enunciado respecto del cual se disponga de un criterio que nos permita afirmar que su contenido es verdadero o falso.

Decimos que los conceptos de falso y verdadero son primitivos debido a que no es posible dar una explicación en términos más elementales [28]. Con los conceptos de falso y verdadero afirmamos que, una proposición puede tener valores de veracidad y falsedad de 1 y 0 respectivamente.

A manera de ejemplo considere el enunciado: "Pedro es una persona de estatura baja". El enunciado puede ser verdadero o falso, pero no ambos. En contraste, la lógica difusa es una extensión de la lógica clásica ya que permitiría a Pedro, en el ejemplo anterior, ser una persona alta o baja con un cierto grado de veracidad como un número entre cero y uno. En este sentido definimos una proposición difusa de la siguiente forma:

Definición 3.2: Una **proposición difusa** es un enunciado cuya veracidad puede tomar valores entre 0 y 1.

Es decir, una proposición difusa puede ser "parcialmente verdadera.º bien ser "parcialmente falsa", lo cual se cuantifica como un número entre cero y uno [30].

Al igual que en la lógica clásica, una proposición difusa puede estar compuesta de una premisa y de una conclusión. En la proposición "Si Juan estudia mucho, entonces es un excelente estudiante", observemos que tanto la premisa ("Juan estudia mucho") como la conclusión ("es un excelente estudiante") tiene también un grado de verdad representado como un número entre el cero y uno, donde los extremos podríamos calificarlos como los absolutos en la lógica clásica.

Debido a las características que componen a la lógica difusa es posible buscar aplicaciones para aumentar la interpretabilidad de los modelos computacionales y/o para proporcionar aproximaciones rentables, incluso en ausencia de información cuanti-

tativa precisa [25]. Además, la flexibilidad de los conjuntos difusos permite modelar una amplia variedad de fenómenos, incluidas entidades y conceptos heterogéneos que no se pueden medir con precisión.

3.3. Conjuntos difusos y función de membresía.

Los conjuntos clásicos, también llamados conjuntos nítidos o certeros, son aquellos que están formados por una colección o reunión de objetos a los que llamaremos elementos ([28, 31, 32]). En este contexto, al definir un conjunto debemos ser capaces de afirmar si un elemento forma parte de un conjunto. Dicho de otra forma, si B es un conjunto, entonces el enunciado "b es un elemento de B" es una proposición lógica [31], del cual podemos dar una respuesta clara y segura: sí o no, es decir, ocurre una y sólo una de las siguientes afirmaciones: $b \in B$ o $b \notin B$ ([26, 31, 32]).

Por el contrario, en un conjunto difuso los elementos pueden estar o no parcialmente en un conjunto dado; es decir, pueden estar en más de un conjunto a la vez $[25,\ 30]$. Para definir este grado de parcialidad, definimos primero el universo de discurso; denotado como U y definido cómo el conjunto formado por todos los elementos que son del mismo tipo de estudio, es decir, pertenecen todos a un mismo conglomerado de cosas en un contexto dado. De esta forma, el grado de membresía de un elemento a un conjunto queda caracterizado por la función de membresía:

Definición 3.3 (Función de membresía): Sea U el universo de discurso. La función de membresía μ_F de un conjunto F es una función de la forma:

$$\mu_F: U \to [0,1] , \quad \forall x \in U.$$

De acuerdo a la función de membresía, cada elemento $x \in U$ tiene un grado de membresía (también conocido como grado de pertenencia) a un conjunto dado F, en otras palabras $\mu_F(x) \in [0,1]$ es el grado de membresía de x en el conjunto F y el mayor grado de membresía que puede tomar es de 1 y el mínimo es de 0 [25, 26, 30].

Vale la pena destacar que para el caso de los conjuntos nítidos o certeros C, la función de membresía definida cómo

$$\mu_C(x) = \begin{cases} 0, & si \ x \notin C, \\ 1, & si \ x \in C, \end{cases}$$

representa la lógica clásica de cero y uno ampliamente estudiada.

La función de membresía nos permitirá entonces definir un conjunto difuso de la siguiente forma:

Definición 3.4 (Conjunto difuso, [20, 26]): El conjunto difuso F en el universo de discurso U es el conjunto de pares ordenados dado por:

$$F \equiv \{(x, \mu_F(x)) \mid x \in U\} ;$$

dónde $\mu_F(x)$ es la función de membresía para el conjunto de todos los objetos $x \in U$.

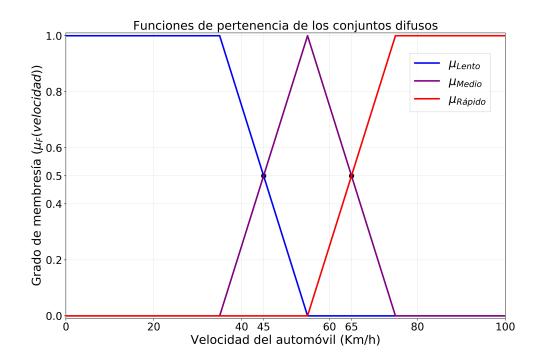


Figura 3.1: Ejemplo de funciones de membresía para los conjuntos difusos *lento*, medio y rápido para las velocidades de un automóvil.

A manera de ejemplo, consideremos que deseamos diseñar algún tipo de mecanismo para controlar la velocidad de un automóvil. Supongamos que dicho controlador usa la velocidad del vehículo como una entrada para determinar que acción deberá de ejecutar. Si dicho controlador se basa en la lógica difusa, entonces conviene definir tres conjuntos difusos que caracterizan la velocidad del vehículo: lento, medio y rápido. El universo de discurso son todas las posibles velocidades del automóvil, es decir $U = [0, V_{max}]$, con V_{max} la máxima velocidad. Las funciones de membresía de

cada uno de estos conjuntos pueden ser las que se muestran en la figura (3.1). Observemos que, si la velocidad del vehículo es de x=45 km/h, entonces el automóvil pertenecerá al conjunto lento con un grado de membresía de $\mu_{lento}(45)=0.5$; estará en el conjunto medio con grado de membresía $\mu_{medio}(45)=0.5$ y, al conjunto difuso rápido con un grado de membresía de $\mu_{rápido}(45)=0$.

Un conjunto difuso tiene dos formas de expresarse, de forma continua y de forma discreta; las cuales describiremos a continuación:

■ Caso discreto: Sea $U = \{u_1, u_2, ..., u_n\}$ el universo de discurso discreto. Un conjunto difuso F en U se representa como [26]:

$$F = \left\{ \frac{\mu_F(u_1)}{u_1} + \frac{\mu_F(u_2)}{u_2} + \dots + \frac{\mu_F(u_n)}{u_n} \right\} = \sum_{i=1}^n \frac{\mu_F(u_i)}{u_i}.$$

A manera de ejemplo consideremos el conjunto $U = \{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10\}$, y los valores de membresía a un conjunto difuso F son: $\mu_F(1) = 0$, $\mu_F(2) = 0.1$, $\mu_F(3) = 0.4$, $\mu_F(4) = 0.8$, $\mu_F(5) = 1$, $\mu_F(6) = 1$, $\mu_F(7) = 0.8$, $\mu_F(8) = 0.4$, $\mu_F(9) = 0.1$ y $\mu_F(10) = 0$. Entonces, el conjunto difuso F se representa como:

$$A = \left\{ \frac{0}{1} + \frac{0.1}{2} + \frac{0.4}{3} + \frac{0.8}{4} + \frac{1}{5} + \frac{1}{6} + \frac{0.8}{7} + \frac{0.4}{8} + \frac{0.1}{9} + \frac{0}{10} \right\}.$$

• Caso continuo: Sea U el universo de discurso el cual es un conjunto continuo. Un conjunto difuso F en U se representa como [26]:

$$F = \left\{ \int_{u} \frac{\mu_F(u)}{u} \right\} .$$

Por ejemplo, supongamos que el universo de discurso es el conjunto de números reales entre cero y diez, *i.e.* U = [0, 10] y la función de membresía del conjunto difuso F es la función de Poisson $\mu_F(x) = \exp\{0.5(x-5)^2/3^2\}$, entonces la representación de dicho conjunto difuso será:

$$F = \left\{ \int_0^{10} \frac{exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{x-5}{3}\right)^2\right)}{x} \right\} .$$

Es decir, $\frac{\mu_F(u_i)}{u_i}$ es la notación usada para expresar que al elemento u_i le corresponde la función de pertenencia $\mu_F(u_i)$. Los símbolos " \int " y " \sum " denotan que el conjunto está conformado por todos los elementos $\frac{\mu_F(u_i)}{u_i}$, $\forall u_i \in U$.

3.3.1. Clasificación de las funciones de membresía.

La función de membresía puede tener distintas formas de representación, las más conocidas son la trapezoidal, triangular y la Gaussiana [26, 33]. De igual forma, la funciones de membresía pueden ser abiertas por la derecha o izquierda, o bien, ser funciones cerradas.

Las funciones de membresía abiertas representan a los conjuntos que están en el extremo del universo de discurso, mientras que las funciones de membresía cerradas representarán los conjuntos que están en el centro del universo de discurso.

A continuación presentamos una descripción de las funciones de membresía mayormente usadas en el diseño de controladores difusos:

Función de membresía triangular: Es una función dada por:

$$\mu_{F}(x, a, b, c) = \begin{cases} 0, & si \ x \leq a, \\ \frac{x - a}{b - a}, & si \ a < x \leq b, \\ \frac{c - x}{c - b}, & si \ b < x \leq c; \\ 0, & si \ c < x; \end{cases}$$
(3.1)

donde a, b y c son los parámetros de la función, los cuales representan sus vértices. En la figura (3.2) podemos observar un ejemplo de una función de membresía triangular para a=5, b=30 y c=55.

Función de membresía trapezoidal: La función de membresía trapezoidal se expresa de la siguiente forma:

$$\mu_{F}(x, a, b, c, d) = \begin{cases} 0, & si \ x \leq a, \\ \frac{x - a}{b - a}, & si \ a < x \leq b, \\ 1, & si \ b < x \leq c, \\ \frac{d - x}{d - c}, & si \ c < x \leq d, \\ 0, & si \ d < x. \end{cases}$$
(3.2)

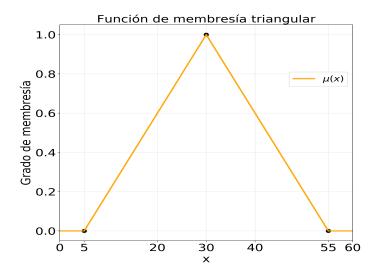


Figura 3.2: Ejemplo de una función de membresía triangular con $a=5,\ b=30$ y c=55.

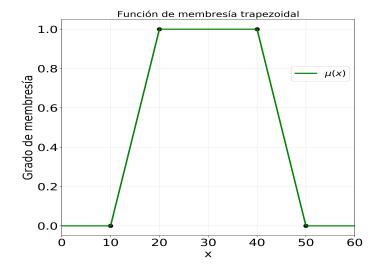


Figura 3.3: Ejemplo de una función de membresía trapezoidal con $a=10,\,b=20,\,c=40$ y d=50.

Donde a, b, c y d son parámetros que representan los vértices de la función. En la figura (3.3) podemos observar un ejemplo de una función de membresía trapezoidal con a = 10, b = 20, c = 40 y d = 50.

Función de membresía abierta: Esta puede ser de dos tipos, abiertas por la derecha o por la izquierda. Un ejemplo es la función trapezoidal abierta por la derecha, definida como:

$$\mu_{F}(x, a, b) = \begin{cases} 0, & si \ x \leq a, \\ \frac{x - a}{b - a}, & si \ a \leq x \leq b, \\ 1, & si \ b \leq x, . \end{cases}$$
 (3.3)

En la figura (3.4) podemos observar un ejemplo de una función abierta descrita por la Eq. (3.3) con parámetros a = 30 y b = 45.

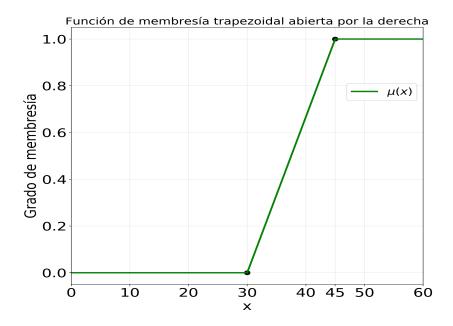


Figura 3.4: Ejemplo de una función de membresía trapezoidal abierta por la derecha con a=30 y b=45.

Función de membresía Gaussiana: Esta función se expresa de la siguiente forma:

$$\mu_F(x,a,b) = e^{\frac{1}{2} \left(\frac{x-a}{b}\right)^2},\tag{3.4}$$

donde el parámetro a representa el centro de la campana Gaussiana y b representa la dispersión de los datos, es decir, el ancho de la campana (ver figura (3.5)).

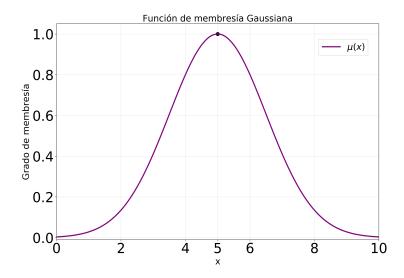


Figura 3.5: Ejemplo de una función de membresía Gaussiana con a = 5 y b = 1.5.

En la siguiente sección expondremos sobre las operaciones en los conjuntos difusos.

3.3.2. Operaciones elementales entre conjuntos difusos.

Los conjuntos nítidos tienen operaciones elementales tales como la unión y la intersección. Estas operaciones tienen su equivalente en los conjuntos difusos, para lo cual se hace uso de las funciones de membresía para definirlas, tal y como veremos a continuación [30].

Definición 3.5 (Unión de conjuntos difusos, [26]): Sean A y B conjuntos difusos en el universo de discurso U. La unión entre dos conjuntos difusos $A \cup B$ es otro conjunto difuso cuya función de membresía esta dada por:

$$\mu_{A\cup B}(x) = \mu_A(x) \vee \mu_B(x), \ \forall x \in U;$$

donde

$$\mu_{A}(x) \vee \mu_{B}(x) = \begin{cases} \mu_{A}(x), & si \ \mu_{A}(x) \geq \mu_{B}(x), \\ \mu_{B}(x), & si \ \mu_{A}(x) < \mu_{B}(x), \end{cases} = max \{ \mu_{A}(x), \mu_{B}(x) \}. \quad (3.5)$$

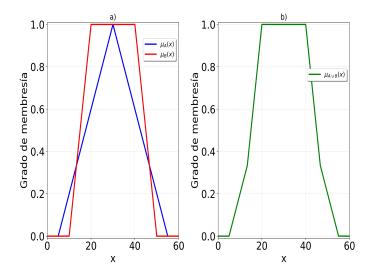


Figura 3.6: Ejemplo de la unión de conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son la función triangular (azul) y la trapezoidal (roja). a) Las funciones de membresía antes de hacer la unión; b) la función de membresía $\mu_{A \cup B}$.

En la figura (3.6) podemos apreciar un ejemplo de la unión de dos conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son una función trapezoidal y una triangular. En la figura (3.6) b se muestra la función de membresía resultante $\mu_{A \cup B}$.

Por otro lado, la intersección entre conjuntos difusos se define de la siguiente forma:

Definición 3.6 (Intersección de conjuntos difusos, [26]): Sean A y B conjuntos difusos en el universo de discurso U. La intersección $A \cap B$ de dos conjuntos difusos es un conjunto difuso con la siguiente función de membresía:

$$\mu_{A\cap B}(x) = \mu_A(x) \wedge \mu_B(x) ;$$

donde

$$\mu_{A}(x) \wedge \mu_{B}(x) = \begin{cases} \mu_{A}(x), & si \ \mu_{A}(x) \leq \mu_{B}(x), \\ \mu_{B}(x), & si \ \mu_{A}(x) > \mu_{B}(x), \end{cases} = min \{\mu_{A}(x), \mu_{B}(x)\}. \quad (3.6)$$

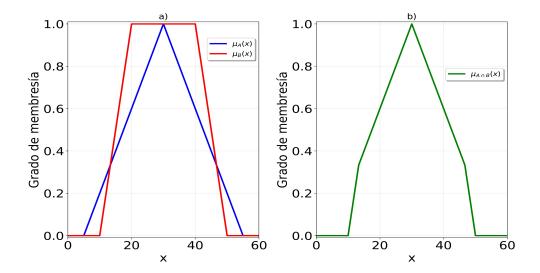


Figura 3.7: Ejemplo de la intersección de conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son la función triangular (azul) y la trapezoidal (roja). a) Las funciones de membresía antes de hacer la intersección; b) la función de membresía $\mu_{A \cap B}$.

En la figura (3.7) se muestra un ejemplo de la intersección de dos conjuntos difusos cuyas funciones de membresía son triangular y trapezoidal. En la figura (3.7) b se muestra la función de membresía resultante $\mu_{A \cap B}$.

Y finalmente, el complemento entre conjuntos difusos se define como:

Definición 3.7 (Complemento de un conjunto difuso, [26]): Sea A un conjunto difuso en el universo de discurso U. El complemento de un conjunto difuso A, \overline{A} , es un conjunto difuso cuya función de membresía esta dada por:

$$\mu_{\overline{A}}(x) = 1 - \mu_A(x), \ \forall x \in U.$$

En la figura (3.8) se muestra un ejemplo del complemento de un conjunto difuso cuya función de membresía es trapezoidal (gráfica con etiqueta a). En la figura (3.8) en la gráfica con etiqueta b, se muestra la función de membresía resultante $\mu_{\overline{A}}$.

En la siguiente sección veremos algunas de las propiedades más importantes de los conjuntos difusos.

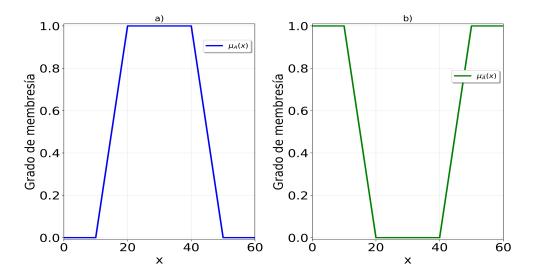


Figura 3.8: Ejemplo del complemento de un conjunto difuso, cuya función de membresía es trapezoidal. a) La función de membresía asociada al conjunto difuso A; b) la función de membresía de $\mu_{\overline{A}}$.

3.3.3. Propiedades de los conjuntos difusos.

Sean A, B y C conjuntos difusos definidos sobre el universo de discurso U; las siguientes propiedades son válidas para conjuntos difusos y conjuntos nítidos [26, 34]:

1. Ley de idempotencia: Un conjunto difuso operado con el mismo, resulta el mismo conjunto, es decir:

$$A \cup A = A$$
, $A \cap A = A$.

2. Ley de conmutatividad: No importa el orden en que se operen los conjuntos difusos, el conjunto será el mismo:

$$A \cup B = B \cup A$$
, $A \cap B = B \cap A$.

3. Ley asociativa:

$$A \cup (B \cup C) = (A \cup B) \cup C$$
, $A \cap (B \cap C) = (A \cap B) \cap C$.

4. Ley distributiva: La unión de conjuntos difusos se distribuye sobre la intersección de conjuntos difusos y viceversa:

$$A \cup (B \cap C) = (A \cup B) \cap (A \cup C), \quad A \cap (B \cup C) = (A \cap B) \cup (A \cap C).$$

5. Ley de doble negación: Al aplicar el complemento dos veces al conjunto difuso A, el resultado es el mismo conjunto A:

$$A = \overline{\overline{A}}$$
.

Donde \overline{A} es el complemento del conjunto difuso A.

6. Leyes de Morgan: El complemento de la intersección de dos conjuntos difusos es igual a la unión de los complementos de dichos conjuntos difusos. Además, el complemento de la unión de dos conjuntos difusos es igual a la intersección de los complementos de dichos conjuntos difusos; es decir:

$$\overline{A \cup B} = \overline{A} \cap \overline{B} \quad \overline{A \cap B} = \overline{A} \cup \overline{B}$$
.

3.3.4. Algunas características de las funciones de membresía.

Introducimos algunas de las características más importantes de las funciones de membresía. Enunciaremos los términos formales y los acompañaremos de ejemplos con el objetivo de aclarar el concepto. Para ello consideremos dos conjuntos difusos F_1 y F_2 , cuyas funciones de membresía se ilustran en la figura (3.9) , y se definen como:

$$\mu_{F_1}(x) = f(x, 5, 10, 15, 20) = \begin{cases} 0, & si & x \le 5, \\ \frac{x - 5}{10 - 5}, & si & 5 < x \le 10, \\ 1, & si & 10 < x \le 15, \\ \frac{20 - x}{20 - 15}, & si & 15 < x \le 20, \\ 0, & si & 20 < x. \end{cases}$$
(3.7)

у

$$\mu_{F_2}(x) = f(x, 5, 10, 15, 20) = \begin{cases} 0, & si & x \le 5, \\ \frac{0.5(x-5)}{10-5}, & si & 5 < x \le 10, \\ 0.5, & si & 10 < x \le 15, \\ \frac{0.5(20-x)}{20-15}, & si & 15 < x \le 20, \\ 0, & si & 20 < x. \end{cases}$$

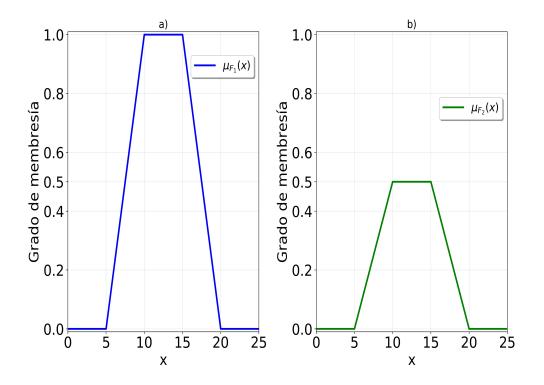


Figura 3.9: Funciones de membresía μ_{F1} y μ_{F_2} definidas en (3.7)-(3.8).

Estas funciones de membresía definidas en (3.7)-(3.8) las utilizaremos para los ejemplos que daremos a continuación. Sea F un conjunto difuso definido en el universo de discurso U:

- 1. F es llamado **normal** si existe $x \in U$ tal que $\mu_F(x) = 1$. Un conjunto difuso que no es normal se llama **subnormal**. Usando las funciones de membresía (3.7)-(3.8) para los conjuntos difusos F_1 y F_2 , podemos concluir que el conjunto difuso F_1 es un conjunto normal, dado que, $\mu_{F_1}(x) = 1, \forall x \in [10, 15]$. Mientras que, el conjunto F_2 es subnormal porque $\mu_{F_1}(x) \neq 1$; de hecho, el valor máximo que llega a alcanzar la función de membresía del conjunto F_2 es de 0.5.
- 2. El **soporte** de un conjunto difuso F, es denotado por Supp(F), y se define como el conjunto de todos los puntos $x \in U$ tal que $\mu_F(x) > 0$. En otras palabras, el soporte de A es el conjunto de puntos en U en los cuales $\mu_F(x)$ es positivo. Por ejemplo, para las funciones de membresía (3.7)-(3.8), el soporte del conjunto difuso F_1 es:

$$Supp(F) = \{x \mid \mu_F(x) > 0\} = \{x \mid x \in (5, 20)\}.$$

3. El **centro** de un conjunto difuso F es el punto(s) $x \in U$ en el que $\mu_F(x)$ alcanza su máximo valor. Por ejemplo, para la función de membresía (3.7), el centro del conjunto difuso F_1 es:

$$centro(F_1) = \{x \mid 10 \le x \le 15\}$$

4. Un **singletón** es un conjunto difuso F cuyo soporte es un solo punto en U, en el que $\mu_F(y) = 1$. Se denota como $F = \mu/y$. En otras palabras, el singletón se define con la siguiente función de membresía:

$$\mu_F(x) = \begin{cases} 1, & si \ x = y, \\ 0, & si \ x \neq y. \end{cases}$$
 (3.9)

Por ejemplo, el conjunto difuso $F = \left\{\frac{1}{5}\right\}$ cuya función de membresía está dada por:

$$\mu_F(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } x = 5, \\ 0, & \text{si } x \neq y; \end{cases}$$

5. Asumiendo que A y B son dos conjuntos difusos de U. Se dice que A es un **subconjunto** de B, denotado por $A \subset B$, si $\mu_B(x) \ge \mu_A(x)$ para cada $x \in U$. Tomando como ejemplo las funciones de membresía definidas en (3.7)-(3.8), podemos concluir que F_2 es un subconjunto de F_1 .

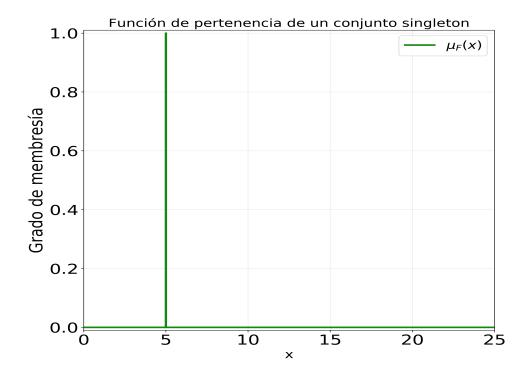


Figura 3.10: Ejemplo de una función de membresía para un conjunto singletón.

6. Sean $A ext{ y } B$ son dos conjuntos difusos definidos en el universo de discurso U. Se dice $A ext{ y } B$ son **iguales** (y lo denotamos como A = B), si $A \subset B ext{ y } B \subset A$, o bien, si $\mu_A(x) = \mu_B(x)$ para cada $x \in U$.

3.4. Relaciones difusas.

En esta sección definiremos una relación difusa y una relación certera con el fin de comparar ambos conceptos y destacar sus diferencias.

Cuando hablamos de una relación certera en el contexto de la lógica clásica, estamos pensando en dos conjuntos y en una forma para asociar los elementos de dichos conjuntos. Formalmente, definimos una relación certera de la siguiente manera:

Definición 3.8 (Relación certera, [32]): Sean X e Y dos conjuntos certeros. Una relación \mathcal{R} de un conjunto X a un conjunto Y, es cualquier subconjunto de $X \times Y$, esto es $\mathcal{R} \subset X \times Y$.

Dónde $X \times Y = \{(x,y) | x \in X, y \in Y\}$ es el producto cartesiano. En este sentido decimos que una relación certera es un conjunto de parejas ordenadas. Si $(x,y) \in \mathcal{R}$, entonces decimos que x está relacionado con y y se denota por $x\mathcal{R}y$, en caso contrario, decimos que x no se relaciona con y lo denotamos como $x\mathcal{R}y$ [32].

A manera de ejemplo, supongamos que tenemos los siguientes dos conjuntos certeros:

$$X = \{1, 2, 3, 4, 5\}$$
; $Y = \{4, 5, 6\}$.

Una relación entre estos dos conjuntos podría ser:

$$\mathcal{R} = \{(1,5), (2,6), (3,4), (4,6), (5,5)\}$$
.

Vale la pena destacar que una relación entre dos conjuntos puede también representarse como una tabla:

O bien, también puede representarse de forma matricial como:

$$\begin{pmatrix} 1\mathcal{R}4 & 1\mathcal{R}5 & 1\mathcal{R}6 \\ 2\mathcal{R}4 & 2\mathcal{R}5 & 3\mathcal{R}6 \\ 3\mathcal{R}4 & 3\mathcal{R}5 & 3\mathcal{R}6 \\ 4\mathcal{R}4 & 4\mathcal{R}5 & 4\mathcal{R}6 \\ 5\mathcal{R}4 & 5\mathcal{R}5 & 5\mathcal{R}6 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}.$$

Esta representación matricial se construye de la siguiente manera: si el elemento $x \in X$ está relacionado con el elemento $y \in Y$, entonces, la entrada $x\mathcal{R}y$ tendrá un valor de 1 y si no están relacionados entonces tendrá un valor de 0. En este sentido, las filas representan los elementos del conjunto X y las columnas a los elementos del conjunto Y.

Esta última representación matricial de una relación entre dos conjuntos nos permitirá a continuación extender este concepto al caso de los conjuntos difusos, con

la cual nos será posible realizar razonamientos difusos claves para la agrupación, el reconocimiento de patrones, la inferencia, y el control.

Empezaremos enunciando la definición de una relación difusa:

Definición 3.9 (Relación difusa, [26, 33]): Sean U y V dos universos de discurso. Una relación difusa \mathcal{R} es un conjunto difuso en el espacio del producto $U \times V$ definido como:

$$\mathcal{R} = \left\{ \frac{\mu_{\mathcal{R}}(u, v)}{(u, v)} | (u, v) \in U \times V \right\};$$

dónde:

$$\mu_R: U \times V \rightarrow [0,1]$$
,

es la función de membresía de la relación difusa.

Una forma de representar una relación difusa entre los conjuntos $X = \{x_1, x_2, ..., x_m\}$, $Y = \{y_1, y_2, ..., y_n\}$, es mediante una matriz difusa R de tamaño $m \times n$, la cual se define de la siguiente manera [33]:

$$R = \begin{bmatrix} \mu_{\mathcal{R}}(x_1, y_1) & \mu_{\mathcal{R}}(x_1, y_2) & \dots & \mu_{\mathcal{R}}(x_1, y_n) \\ \mu_{\mathcal{R}}(x_2, y_1) & \mu_{\mathcal{R}}(x_2, y_2) & \dots & \mu_{\mathcal{R}}(x_2, y_n) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \mu_{\mathcal{R}}(x_m, y_1) & \mu_{\mathcal{R}}(x_m, y_2) & \dots & \mu_{\mathcal{R}}(x_m, y_n) \end{bmatrix}.$$

Es importante destacar que las entradas de la matriz difusa R tienen valores entre 0 y 1 indicando la relación entre los elementos x e y [33]. A continuación daremos un ejemplo.

Supongamos que tenemos dos conjuntos nítidos A y B, los cuales son definidos de la siguiente forma

$$A = \{2, 3, 4\}$$
, y $B = \{4, 5, 6\}$;

Adicionalmente, supongamos que tenemos la siguiente relación difusa entre los conjuntos A y B:

$$R = \left\{ \frac{0.1}{(2,4)} + \frac{0.7}{(2,5)} + \frac{1}{(2,6)} + \frac{0.9}{(3,4)} + \frac{0.8}{(3,5)} + \frac{0.3}{(3,6)} + \frac{0.7}{(4,4)} + \frac{0.2}{(4,5)} + \frac{0.8}{(4,6)} \right\}.$$

La relación difusa se puede representar como la siguiente matriz:

$$R = \begin{pmatrix} \mu_{\mathcal{R}}(2,4) & \mu_{\mathcal{R}}(2,5) & \mu_{\mathcal{R}}(2,6) \\ \mu_{\mathcal{R}}(3,4) & \mu_{\mathcal{R}}(3,5) & \mu_{\mathcal{R}}(3,6) \\ \mu_{\mathcal{R}}(4,4) & \mu_{\mathcal{R}}(4,5) & \mu_{\mathcal{R}}(4,6) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0.1 & 0.7 & 1 \\ 0.9 & 0.8 & 0.3 \\ 0.7 & 0.2 & 0.8 \end{pmatrix}.$$

Vale la pena hacer notar que una relación difusa no se le puede nombrar función debido a que un número x se puede relacionar con más de un número a la vez.

En la siguiente sección veremos las operaciones que tienen las relaciones difusas, las cuales definiremos y explicaremos detalladamente.

3.4.1. Operaciones de relaciones difusas.

Las operaciones para las relaciones difusas son: la unión, la intersección, complemento y subconjunto. Las propiedades mencionadas se definen de la siguiente manera [26]:

Definición 3.10 (Unión de relaciones difusas: $R \cup S$, [26]): Sean R y S relaciones difusas sobre $U \times V$. La unión entre las relaciones difusas es un conjunto difuso con la siguiente función de membresía:

$$\mu_{R \cup S}(x, y) = \mu_R(x, y) \vee \mu_S(x, y) .$$

Es decir, al tener la pareja (x, y) estará asociada a dos valores membresía, uno de ellos definido en la relación R $(\mu_R(x, y))$ y otro definido en la relación S $(\mu_S(x, y))$. En otras palabras, la unión se quedará con el valor más grande entre $\mu_R(x, y)$ y $\mu_S(x, y)$.

A manera de ejemplo considere dos relaciones difusas definidas de la siguiente manera:

$$R = \begin{bmatrix} \mu_R (x_1, y_1) & \mu_R (x_1, y_2) \\ \mu_R (x_2, y_1) & \mu_R (x_2, y_2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.9 \\ 0.1 & 0.7 \end{bmatrix},$$

$$S = \begin{bmatrix} \mu_S(x_1, y_1) & \mu_S(x_1, y_2) \\ \mu_S(x_2, y_1) & \mu_S(x_2, y_2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.2 & 0.8 \\ 0.5 & 0.3 \end{bmatrix};$$

y la unión de relaciones difusas nos da como resultado la siguiente matriz difusa:

$$R \cup S = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.9 \\ 0.5 & 0.7 \end{bmatrix}.$$

Definición 3.11 (Intersección de relaciones difusas: $R \cap S$, [26]): Sean R y S relaciones difusas sobre $U \times V$. La intersección entre las relaciones difusas es un conjunto difuso con la siguiente función de membresía:

$$\mu_{R\cap S}(x,y) = \mu_R(x,y) \wedge \mu_S(x,y).$$

En otras palabras, al tener la pareja (x, y), estará asociada a dos valores membresía, uno de ellos definido en la relación R $(\mu_R(x, y))$ y otro definido en la relación S $(\mu_S(x, y))$. Al hacer la intersección de las relaciones difusas, esta se quedará con el valor más pequeño entre $\mu_R(x, y)$ y $\mu_S(x, y)$.

Por ejemplo: sean R y S dos relaciones difusas definidas de la siguiente manera:

$$R = \begin{bmatrix} \mu_R(x_1, y_1) & \mu_R(x_1, y_2) \\ \mu_R(x_2, y_1) & \mu_R(x_2, y_2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.9 \\ 0.1 & 0.7 \end{bmatrix},$$

$$S = \begin{bmatrix} \mu_S(x_1, y_1) & \mu_S(x_1, y_2) \\ \mu_S(x_2, y_1) & \mu_S(x_2, y_2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.2 & 0.8 \\ 0.5 & 0.3 \end{bmatrix}.$$

Y la unión de relaciones difusas nos da como resultado la siguiente matriz difusa:

$$R \cup S = \begin{bmatrix} 0.2 & 0.8 \\ 0.1 & 0.3 \end{bmatrix}.$$

Definición 3.12 (Complemento de una relación difusa, [26]): El complemento de una relación difusa es otra relación difusa con función de membresía:

$$\mu_{\overline{R}} = 1 - \mu_R$$
.

El complemento de una relación difusa está dado por el complemento de cada una de las entradas de la matriz difusa.

A manera de ejemplo, suponga una relación difusa R definida de la siguiente manera:

$$R = \begin{bmatrix} \mu_R(x_1, y_1) & \mu_R(x_1, y_2) \\ \mu_R(x_2, y_1) & \mu_R(x_2, y_2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.9 \\ 0.1 & 0.7 \end{bmatrix}.$$

Entonces el complemento de la relación difusa de R está dado por:

$$\overline{R} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.1 \\ 0.9 & 0.3 \end{bmatrix} .$$

3.4.2. Producto cartesiano difuso.

El producto cartesiano es una operación entre conjuntos para poder formar relaciones, dado que, cuando se efectúa el producto cartesiano de dos conjuntos lo que hará es darnos como resultado todas las combinaciones posibles de pares formados por los elementos de los conjuntos en cuestión.

Para el caso de los conjuntos certeros, el producto cartesiano se define como:

Definición 3.13 (Producto cartesiano certero de dos conjuntos, [32]): Sean X e Y dos conjuntos clásicos no vacíos. Definimos el producto cartesiano de X e Y, denotado por $X \times Y$, de la siguiente forma:

$$X \times Y = \{(x, y) \ t.q. \ x \in X, \ y \in Y\}$$

Es decir, el producto cartesiano certero nos dará como resultado todos los pares posibles entre los elementos del conjunto X y los elementos del conjunto Y.

Por ejemplo, considere los siguientes conjuntos:

$$A = \{1, 2, 3\}$$
 y $B = \{4, 5, 6\}$.

Entonces el producto cartesiano de A con B queda de la siguiente manera:

$$A \times B = \{(1,4), (1,5), (1,6), (2,4), (2,5), (2,6), (3,4), (3,5), (3,6)\}$$
.

Por otra parte, el producto cartesiano difuso también es una operación que al efectuarse forma relaciones. El producto cartesiano difuso es una operación entre dos conjuntos difusos y es definida de la siguiente forma:

Definición 3.14 (producto cartesiano difuso): Sean A y B dos conjuntos difusos definidos en los universos de discurso U y V, respectivamente. El producto cartesiano difuso es un conjunto difuso con la siguiente función de membresía:

$$\mu_{A\times B}(x,y) = min(\mu_A(x), \mu_B(y));$$

es decir, cuando se realiza el producto cartesiano difuso lo que hará será crear todas las parejas posibles de la forma (x,y), con $x \in A$ y $y \in B$; estas parejas a su vez tendrán un valor de pertenencia $\mu_{A\times B}(x,y)$ con valores en el intervalo [0,1].

Para ejemplificar, considere los conjuntos difusos A y B definidos como:

$$A = \left\{ \frac{0}{0} + \frac{0.1}{40} + \frac{0.5}{80} + \frac{0.8}{100} + \frac{1}{120} \right\},$$

$$B = \left\{ \frac{0.8}{1} + \frac{0.9}{2} + \frac{1}{3} \right\}.$$

De manera que podemos expresar al producto cartesiano difuso como una matriz difusa de la siguiente manera:

$$A \times B = \begin{pmatrix} \min \left(\mu_{A} \left(0 \right), \mu_{B} \left(1 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(0 \right), \mu_{B} \left(2 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(0 \right), \mu_{B} \left(3 \right) \right) \\ \min \left(\mu_{A} \left(40 \right), \mu_{B} \left(1 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(40 \right), \mu_{B} \left(2 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(40 \right), \mu_{B} \left(3 \right) \right) \\ \min \left(\mu_{A} \left(80 \right), \mu_{B} \left(1 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(80 \right), \mu_{B} \left(2 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(80 \right), \mu_{B} \left(3 \right) \right) \\ \min \left(\mu_{A} \left(100 \right), \mu_{B} \left(1 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(100 \right), \mu_{B} \left(2 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(100 \right), \mu_{B} \left(3 \right) \right) \\ \min \left(\mu_{A} \left(120 \right), \mu_{B} \left(1 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(120 \right), \mu_{B} \left(2 \right) \right) & \min \left(\mu_{A} \left(120 \right), \mu_{B} \left(3 \right) \right) \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0.1 & 0.1 & 0.1 \\ 0.5 & 0.5 & 0.5 \\ 0.8 & 0.8 & 0.8 \\ 0.8 & 0.9 & 1 \end{pmatrix}.$$

3.4.3. Composición de relaciones difusas.

Recordemos que la composición de funciones, se define como $g \circ f: X \to Z$, donde $f: X \to Y$ y $g: Y \to Z$ son dos funciones [32]. Es decir, $g \circ f$ va a tener el siguiente mapeo: $X \to Y \to Z$

En el contexto de la lógica difusa, no es posible definir el concepto de función, pero sí podemos hacer composiciones de relaciones difusas. A continuación daremos la definición formal de una composición difusa.

Definición 3.15 (Composición de relaciones difusas, [26, 33]): Sean R y S relaciones difusas sobre $U \times V$ y $V \times W$, respectivamente. La composición de R y S, denotada por $R \circ S$, es un conjunto difuso en $U \times W$ con la siguiente función de membresía:

$$\mu_{R \circ S}(x, z) = \max_{y} \left\{ \min \left[\mu_{R}(x, y), \mu_{S}(y, z) \right] \right\}, \text{ con } x \in U \text{ } y \text{ } z \in W.$$

Es decir, para realizar la composición de funciones difusas, primero se toma el mínimo de la función de membresía de $\mu_R(x,y)$ y de $\mu_S(y,z)$, para después obtener

el máximo de los mínimos. Para que el concepto sea más claro, daremos el siguiente ejemplo.

Consideremos las siguientes relaciones difusas:

$$R = \begin{bmatrix} 0.4 & 1 \\ 0.1 & 0 \end{bmatrix}$$
 y $S = \begin{bmatrix} 1 & 0.6 \\ 0.4 & 0.8 \end{bmatrix}$.

La composición de las relaciones R y S se calcula de la siguiente forma:

$$\begin{split} R \circ S &= \begin{bmatrix} \max{(\min{(0.4,1)},\min{(1,0.4)})} & \max{(\min{(0.4,0.6)},\min{(1,0.8)})} \\ \max{(\min{(0.1,1)},\min{(0,0.4)})} & \max{(\min{(0.1,0.6)},\min{(0,0.8)})} \end{bmatrix}; \\ &= \begin{bmatrix} \max{(0.4,0.4)} & \max{(0.4,0.8)} \\ \max{(0.1,0)} & \max{(0.1,0)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.4 & 0.8 \\ 0.1 & 0.1 \end{bmatrix}. \end{split}$$

Esta composición recibe el nombre de composición max-min y se usará más adelante en el proceso de inferencia de los controladores difusos.

3.5. Variables lingüísticas.

La definición de conjuntos difusos nos permite introducir otro concepto fundamental en la lógica difusa, esto es, las variables lingüísticas. A diferencia de las variables numéricas comunes, una variable lingüística puede asumir como valores palabras u oraciones en algún lenguaje natural o artificial [25]. Por ejemplo, "edad" es una variable lingüística si sus valores, en lugar de ser numéricos, son lingüísticos tales como joven, muy joven, viejo, muy viejo, etc. [33].

Las variables lingüísticas conectan efectivamente el mundo cuantitativo de las medidas con el mundo cualitativo del razonamiento humano. De hecho, proporcionan un medio para aproximar fenómenos que son demasiado complejos o demasiado mal definidos, de modo que puedan ser susceptibles de una descripción en términos cuantitativos convencionales [25]. Esto es posible gracias a los conjuntos difusos, que representan amplias colecciones de elementos dentro de un universo de discurso.

Formalmente definiremos una variable lingüística de la siguiente forma.

Definición 3.16 (Variable lingüística, [25, 33]): Una variable lingüística l tiene la siguiente estructura:

$$l = \{x, U, T(x), G, M\};$$

donde:

- x denota el nombre simbólico de la variable lingüística.
- \blacksquare U es el universo de discurso en el que x tiene significado.
- T(x) es el conjunto de valores lingüísticos (o conjunto de símbolos) que acepta la variable x.
- G es la regla sintáctica que genera los valores lingüísticos. Es decir, en este elemento hablamos implícitamente del dominio físico sobre el que la variable lingüística toma sus valores cuantitativos.
- *M* es una función semántica que toma un valor lingüístico como argumento y regresa su significado en términos de un conjunto difuso. En otras palabras, es la regla semántica que asocia cada término lingüístico con su significado.

Para evitar un exceso de notación, se debe señalar que ([25]): a) dado que un conjunto difuso se define por su función de membresía, se puede utilizar μ para denotar tanto al conjunto difuso como a su función de pertenencia; y b) podemos referirnos a la variable lingüística l simplemente usando el nombre simbólico x.

Consideremos el siguiente ejemplo. Supongamos que nos encontramos en una carretera y nos interesa saber que tan veloz fue nuestro automóvil durante cierto recorrido. Entonces una forma de definir una variable lingüística con esta información podría ser la siguiente $l = \{x, U, T(x), g, M\}$, con:

- \bullet x es la velocidad del automóvil.
- $U = [0, V_{max}]$, el universo de discurso, donde V_{max} denota la velocidad máxima posible que puede alcanzar un automóvil.
- $T(x) = \{ \text{"Lento"}, \text{"medio"}, \text{"rápido"} \}$ es el conjunto de valores lingüísticos que describen la velocidad de nuestro automóvil.
- La regla sintáctica que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones

de membresía que definimos en la figura (3.1), los cuales están asociadas a los términos lingüísticos que definimos en T(x).

Las reglas semánticas podrían estar dadas de la siguiente manera:

$$M \left(lento\right) = \mu_{lento} \left(x, 35, 55\right) \ = \ \begin{cases} 1, & si & x \le 35, \\ \frac{55 - x}{55 - 35}, & si & 35 < x \le 55, \\ 0, & si & 55 < x. \end{cases}$$

$$M \left(medio\right) = \mu_{medio} \left(x, 35, 55, 75\right) \ = \ \begin{cases} 0, & si & x \le 35, \\ \frac{x - 35}{55 - 35}, & si & 35 < x \le 55, \\ \frac{75 - x}{75 - 55}, & si & 55 \le x \le 75, \\ 0, & si & x \le 55, \end{cases}$$

$$M \left(r\acute{a}pido\right) = \mu_{r\acute{a}pido} \left(x, 55, 75\right) \ = \ \begin{cases} 0, & si & x \le 55, \\ \frac{x - 55}{75 - 55}, & si & 55 < x \le 75, \\ 1, & si & 75 < x. \end{cases}$$

3.6. Razonamiento difuso.

Las reglas de inferencia son aquellas que, dado el conjunto de premisas $p_1, p_2, ..., p_n$, nos permite deducir una conclusión C [29], por lo cual las reglas de inferencia es un concepto importante en la lógica clásica. Por otro lado, la lógica difusa también cuenta con reglas de inferencias las cuales se basan en el razonamiento generalizado, el cual es utilizado en una regla difusa para determinar el resultado de la regla dada a partir de la información de entrada. Las reglas difusas representan una estrategia de control o un conocimiento y/o experiencia del modelo. Cuando se asigna información específica a las variables de entrada en el antecedente de la regla, se necesita una

inferencia difusa para calcular el resultado de variables de salida en la consecuencia de la regla [26].

3.6.1. Reglas difusas.

Las reglas *si-entonces* se emplean comúnmente en la lógica clásica para expresar, en el lenguaje natural, una relación entre hechos aparentemente inconexos. Generalmente la estructura de una implicación en lógica clásica tiene la siguiente forma:

$$Si \{antecedente\} \ entonces \ \{consecuente\},$$

en la cual tanto el antecedente como el consecuente son variables definidas en conjuntos nítidos. En otras palabras, la implicación relaciona dos proposiciones distintas p y q, llamadas, respectivamente antecedente y consecuente mediante la siguiente tabla de verdad:

p	q	$p \to q$
0	0	1
0	1	1
1	0	0
1	1	1

Tomando como operaciones básicas la *conjunción*, *disyunción* y la *negación*, la operación de implicación puede expresarse como:

$$p \Longrightarrow q \quad \Longleftrightarrow \quad (p \land q) \lor \neg p \,,$$

Estas equivalencias nos permitirá encontrar expresiones para la implicación difusa a partir de operaciones básicas, sustituyendo las conjunciones, disyunciones y negaciones por sus expresiones para las funciones de membresía de los conjuntos difusos A y B de la siguiente manera [35]:

$$\mu_{p\to q}(x,y) = \max \{ \min \{ \mu_A(x), \mu_B(y) \}, 1 - \mu_A(x) \},$$

$$\mu_{p\to q}(x,y) = \max \{ 1 - \mu_A(x), \mu_B(y) \}.$$

Sin embargo, los dos operadores de implicación devuelven los mismos resultados para el caso nítido, es decir, de 0 y 1, pero devuelven resultados distintos cuando los valores de verdad es un número entre el cero y uno. Adicionalmente, dentro del contexto de la lógica difusa, estas expresiones no son las únicas que pueden proponerse para la implicación difusa, por lo que se han propuesto distintas expresiones que satisfacen la tabla de verdad de la implicación para el caso nítido. Algunas de estas expresiones son [35]:

Zadeh:

 $max \{min \{\mu_A(x), \mu_B(y)\}, 1 - \mu_A(x)\} ;$

Keene-Dienes:

 $max \{\mu_B(y), 1 - \mu_A(x)\};$

Lukasiewicz:

 $min \{1, 1 - \mu_A(x) + \mu_B(y)\}$;

Producto-Correlación:

 $max \{ \mu_A(x) \cdot \mu_B(y), 1 - \mu_A(x) \} ;$

Goguen:

 $min \{1, \mu_B(y)/\mu_A(x)\}$;

Mamdani:

 $min \{ \mu_A(x), \, \mu_B(y) \} ;$

Larsen:

 $\mu_A(x) \cdot \mu_B(y)$.

De estas expresiones vale la pena destacar por su importancia las últimas dos, de las cuales se aprecia que no satisfacen la función de implicación clásica cuando sus argumentos son cero o uno. Sin embargo, por su sencillez en las operaciones algebraicas para estimar un grado de veracidad, son las más usadas en aplicaciones en ingeniería y otras áreas de la ciencia. En particular, para este trabajo de tesis usaremos la de Mamdani, la cual, de la definición 3.14, observamos que la implicación difusa se expresa mediante una función de membresía bidimensional en $X \times Y$, siendo X e Y los universos de discurso de los conjuntos A y B, respectivamente.

Un ejemplo de una regla difusa es el siguiente:

Si la velocidad del coche es alta, entonces el impacto será prominente;

de donde A = "alta" y B="prominente" son los conjuntos difusos, con funciones de membresía $\mu_A(x)$ y $\mu_B(y)$, respectivamente, y los universos de discurso X = [0, 200km/h] y Y = [0, 100], donde $y \in Y$ denota la intensidad del impacto. De esta forma, la función de membresía para la implicación se estima como:

$$\mu_{p\to q}(x,y) = \mu_{A\times B}(x,y) = \min\{\mu_A(x), \mu_B(y)\}, \quad \forall x \in X \quad y \quad \forall y \in Y.$$

El proceso de aplicar una relación en particular para la interpretación y evaluación de una implicación difusa se denomina proceso de inferencia o simplemente inferencia [34], de las cuales describimos dos de las más importantes en la siguiente sección.

3.6.2. Modus Ponens y Modus Tollens Generalizados.

En la lógica clásica, el razonamiento se basa principalmente en los esquemas modus ponens, modus tollens y silogismo hipotético. Estos son tautologías lógicas, es decir, expresiones que son siempre verdaderas independientemente de los valores de verdad que tomen las proposiciones que la componen.

El modus ponens, también llamado "modo afirmando se afirma", está constituido por una premisa p y una regla de implicación $p \to q$, a partir de los cuales es posible aseverar la proposición q, es decir:

$$p \land (p \to q) \to q$$

También podemos expresar el modus ponens en términos de los conjuntos A y B subyacentes a las proposiciones p y q de la siguiente manera:

Premisa 1 (hecho) : $x \in A$

Premisa 2 (regla) : Si x es A, entonces y es B

Conclusión : y es B

Por otra parte, modus tollens es también llamado "modo de negando niegas" debido a que si niegas conclusión entonces se infiere que el antecedente también es negado. Es decir, cuando el enunciado "Si x es A, entonces y es B" es verdadero, inferimos "Si y es B" no es verdadero, entonces concluimos "x es A" no es verdadero. El proceso de razonamiento se describe como:

$$\neg q \land (p \to q) \to \neg p$$
.

Dicha expresión la podemos expresar en términos de los conjuntos A y B subyacentes a las proposiciones p y q como:

Premisa 1 (hecho) : y no es B

Premisa 2 (regla) : Si x es A, entonces y es B

Conclusión : x no es A

Ambos esquemas de razonamiento son los mayormente usados en el contexto de la lógica para inferir una acción o una decisión a partir de ciertas incertidumbres en los datos por ejemplo, o cuando la complejidad del sistema no permite su implementación numérica. La lógica difusa se basa entonces en el hecho de que si se tiene una regla del tipo si-entonces junto con una proposición p' parecida (aunque no idéntica) a p, debería inferirse del conjunto una proposición q' distinta de q (aunque no muy diferente). Debido a que esta forma de razonar es muy parecida al esquema modus ponens clásico, se le da el nombre de modus ponens generalizado y tiene la siguiente estructura:

Premisa 1 (hecho) : $x \in A^*$,

Premisa 2 (regla) : Si x es A, entonces y es B,

Conclusión : y es B^* .

donde A, A^* , B y B^* son conjuntos difusos. En otras palabras, aquí se permite una complejidad parcial entre la entrada actual y el antecedente de la regla, de tal forma que se pueda producir una salida parcialmente compatible con la prevista en el consecuente de la regla. En el caso del $modus\ ponens$ clásico, esto último no produciría ningún resultado.

Para encontrar la expresión de B^* , dados los conjuntos A, A^* y B, debemos recurrir a una expresión que nos permita estimar la función de membresía $\mu_{B^*}(y)$ en función de $\mu_A(x)$, $\mu_{A^*}(x)$ y $\mu_B(y)$. Dicha expresión se conoce cómo regla composicional de inferencia y se basa en los siguientes principios:

- 1. La regla si-entonces expresa una sentencia de implicación difusa, por lo que puede considerarse una relación difusa $A \times B$.
- 2. El conjunto difuso de salida B^* puede encontrarse como la imagen del conjunto difuso A^* a través de la relación de implicación. En otras palabras, la composición entre A^* y $A \times B$.

De esta forma, podemos concluir que el esquema para poder programar el razonamiento difuso que usaremos en este trabajo de tesis se expresa como

Premisa 1 (hecho) : $x es A^*$,

Premisa 2 (regla difusa) : Si x es A, entonces y es B, es decir $R = A \times B$,

Conclusión : y es B^* , es decir $B^* = A^* \circ R$.

A manera de ejemplo consideremos la velocidad de un automóvil y el grado de daño que ocurre cuando se impacta con algún otro auto. Al igual que antes definimos los conjuntos difusos A = "alta" y B="prominente" como los conjuntos difusos, con funciones de membresía $\mu_A(x)$ y $\mu_B(y)$, respectivamente, y los universos de discurso X = [0, 200km/h] y Y = [0, 100], donde $y \in Y$ denota la intensidad del impacto, tal y como describimos anteriormente. Supongamos entonces que en un instante dado medimos la velocidad del auto y es de 80 Km/hr, el cual tiene un valor de pertenencia a A de $\mu_A(80) = 0.5$. El esquema de razonamiento puede escribirse como:

Premisa 1 (hecho) : la velocidad es $A^* = "medio"$,

Premisa 2 (regla) : Si la velocidad del coche es alta, entonces el impacto

será prominente.

Conclusión : el impacto es $B^* = "moderado" (B^* = A^* \circ (A \times B))$.

donde la función de membresía para B^* se estima a partir de la composición $A^* \circ R$. En el siguiente capítulo, veremos de manera más detallada este proceso de realizar el cálculo de esta composición en el contexto del control difuso.

Capítulo 4

Control difuso.

4.1. Introducción.

En la actualidad, la teoría de control es un área de estudio interdisciplinario con importantes aplicaciones en la ciencia y la tecnología. Uno de sus principales objetivos es diseñar las acciones que podemos ejercer sobre un sistema a fin de lograr un comportamiento deseado. En este sentido podemos definir un sistema con control como aquel arreglo de componentes físicos conectados o relacionados de tal manera que, en su conjunto, funcionan como una única unidad, el cual tiene a su vez, un dispositivo externo que permite regular o dirigir al sistema en cuestión hacia un objetivo en particular.

Una característica importante en los sistemas de control es que estos cuentan con "entradas" y "salidas", siendo las entradas todos aquellos estímulos o comandos (típicamente provenientes de una fuente externa) que excitan o manipulan las variables del sistema y que producen una determinada respuesta. Mientras que las salidas del sistema son aquellas variables del sistema que nos permiten medir los efectos que produjo una excitación en la entrada del sistema.

En los sistemas con control existen, en general, dos tipos de clasificaciones: los convencionales y los no convencionales. Los controladores convencionales se subdividen a su vez en la teoría de control clásico y la teoría de control moderno. La
teoría de control clásico es aquella que diseña controladores basados en el análisis
de la frecuencia. Algunos controladores que son desarrollados con esta teoría son
los controladores PID (abreviatura de proporcionar, integral y derivativo), PI-D, IPD, compensador de adelanto, etc. Por otra parte, la teoría de control moderno se
basa en la representación de los sistemas como variables de estado o representación
interna dependientes del tiempo. Bajo este marco se diseñan controladores como

los controles de retroalimentación de estado con observadores, retroalimentación de estado y el regulador óptimo cuadrático.

Por otra parte, los controles no convencionales son llamados así debido a que no surgen como tal de la teoría de control, por el contrario, surgieron de otras áreas de la ciencia tales como la inteligencia artificial. Algunos ejemplos de los controles no convencionales son el control difuso, redes neuronales artificiales, algoritmos genéticos y a los sistemas expertos y planeamientos, etc.

Como ya hemos mencionado, el objetivo de un control difuso es imitar las decisiones que haría un operador humano en base a su experiencia en el manejo del sistema. Por su importancia para este trabajo de tesis, en este capítulo haremos una exposición sobre los elementos más importantes para diseñar un control difuso. Para lograr lo anterior, consideramos importante exponer primero los elementos más importantes sobre la teoría de control con retroalimentación, la cual será base para el control difuso.

4.2. Sistema de control con retroalimentación.

Un sistema de control con retroalimentación, también llamado de lazo cerrado, es aquel en el que la acción de control es una función tanto de la salida (o alguna otra variable controlada) como de la entrada del sistema. De manera más general, se dice que existe retroalimentación en un sistema cuando una secuencia cerrada de causa y efecto se relaciona entre las variables del sistema [36].

Para describir de mejor forma los procesos que tiene que seguir el sistema de control con retroalimentación nos apoyaremos de la herramienta llamada "diagrama de bloques". Un diagrama de bloques es una representación pictórica de la relación de causa y efecto entre la entrada y la salida de un sistema físico [36]. De esta forma se obtiene un método conveniente y útil para caracterizar las "relaciones funcionales entre los diversos componentes de un sistema de control". En la figura (4.1) podemos observar el diagrama de bloques que describe un sistema de control con retroalimentación.

En este diagrama se utilizan letras minúsculas para representar las variables de entrada y salida de cada elemento, así como la símbolos g_1 , g_2 y h para representar a los bloques del control, la planta y sensor, respectivamente. Estas cantidades representan funciones de tiempo, a menos que se indique lo contrario. Mientras que las flechas del circuito cerrado, que conectan un bloque con otro, representan la dirección del flujo de energía de control o información, que no suele ser la principal fuente de energía para el sistema [36]. Las operaciones de suma y resta tienen una representación especial. El bloque se convierte en un pequeño círculo, llamado punto

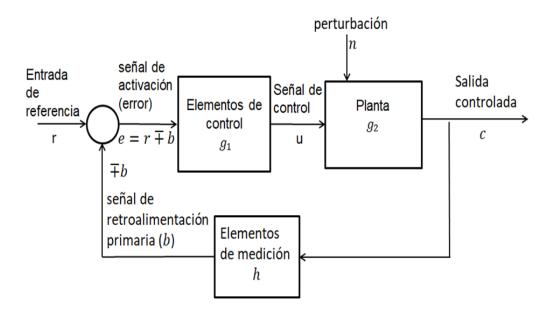


Figura 4.1: Diagrama de bloques de un sistema de control con retroalimentación.

de suma, con el signo más (o menos) asociado con las flechas de entrada en el círculo [36].

A continuación definiremos todos los términos usados en el diagrama de bloques mostrados en la figura (4.1):

- La planta (g_2) es el sistema, subsistema, proceso u objeto controlado por el sistema de control retroalimentado. Es otras palabras, es el sistema dinámico que es controlado.
- La salida controlada (c) es la variable de salida de la planta.
- El **elemento de medición** (h, en el sensor) es el dispositivo que mide la variable de salida, la cual establece la relación funcional entre la salida controlada y la señal de realimentación primaria. Nota: Los elementos de retroalimentación normalmente incluyen sensores de la salida controlada, compensadores y/o elementos de control.
- La señal de retroalimentación primaria b, es una función de la salida controlada retroalimentada (la señal que sale del sensor), la cual se suma (o se resta) con la entrada de referencia r para obtener la señal del error.

- La entrada de referencia (r) es una señal externa aplicada al sistema de control de retroalimentación, generalmente en el primer punto de suma, para ejercer una acción de control en la planta. Por lo general, representa el comportamiento de producción ideal (o deseado) de la planta.
- La señal del error e es la señal de entrada de referencia r más (o menos) la señal de retroalimentación primaria b, es decir $e = r \pm b$.
- Los **elementos de control** (g_1) , son los componentes del elemento de medición que generan la señal de control aplicada a la planta. Cabe señalar que en ocasiones, estos elementos típicamente incluyen controlador(es), compensador(es) (o elementos de ecualización), y/o amplificadores.
- La señal de control (u) o también conocida como la variable manipulada es la señal de salida del elementos de retroalimentación, la cual es usada como entrada en la planta.

Es importante mencionar que una retroalimentación puede ser tanto positiva como negativa. La retroalimentación negativa significa que el punto de suma es un restador, es decir, e = r - b, mientras que la retroalimentación positiva significa que el punto de suma es un sumador, es decir, e = r + b [36].

La presencia de retroalimentación típicamente imparte las siguientes propiedades a un sistema. ([36])

- Mayor precisión.
- Tendencia a la oscilación o inestabilidad.
- Sensibilidad de las variables a las variaciones en los parámetros del sistema.
- Reducción de los efectos de las no linealidades.
- Minimizar los efectos producidos por perturbaciones externas o ruido.
- Proporcionar un mayor ancho de banda. El ancho de banda de un sistema es una medida de respuesta de frecuencia de qué tan bien el sistema responde a (o filtra) variaciones (o frecuencias) en la señal de entrada.

Para ilustrar las componentes de un controlador, construiremos y explicaremos un control de lazo cerrado para un sistema usado frecuentemente en ingeniería química llamado biorreactor.

4.2.1. Ejemplo de un sistema de control con retroalimentación (biorreactor).

Un biorreactor es un dispositivo que permite la descomposición anaeróbica de materiales orgánicos complejos por medio de la acción de microorganismos anaeróbicos o enzimas, donde estos microorganismos producen una variedad de sustancias en el cultivo en presencia de oxígeno [37]. No obstante, el crecimiento de microorganismos o biomasa (como las bacterias y levaduras) depende del consumo de nutrientes apropiados o sustratos (carbono, nitrógeno, oxígeno) bajo condiciones medioambientales favorables (como la temperatura, pH y otros), la cuales están asociadas con el desarrollo celular [38]. Es decir, la descomposición de los materiales depende de las condiciones internas del biorreactor.

El comportamiento dinámico del crecimiento de biomasa con un solo sustrato en un biorreactor se expresa por ecuaciones que dependen tanto de la acumulación total de la biomasa, acumulación total de sustrato, la concentración de la población microbiana (biomasa) en el reactor, la concentración de sustrato, así como también la tasa de crecimiento microbial y el coeficiente de rendimiento del consumo de sustrato por la biomasa [38]. En este sentido, el modelo matemático del proceso que realiza un biorreactor con control es representado por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales [38, 37]:

$$\frac{dx}{dt} = (\mu - D) x + u(t) ,$$

$$\frac{dS}{dt} = (Sf - S) D - \mu x/\gamma ;$$
(4.1)

donde las variables x y S representan, respectivamente, la cantidad de biomasa y de sustrato en el biorreactor; el parámetro D la tasa de dilución, μ la tasa de incremento en la biomasa y γ representa el rendimiento de masa celular. La tasa de incremento μ depende normalmente de otros parámetros tales como la cantidad de sustrato agregado y consumido. Por otro lado, la variable de entrada u(t) representa al controlador del sistema cuya expresión matemática depende del diseño del mismo y del objetivo de control, el cual, para este ejemplo asumimos que es el de mantener el sustrato S en un valor constante S_0 mediante el control de la cantidad de biomasa x.

Vale la pena destacar que para obtener un producto deseado se exige tener una tasa de crecimiento específica constante, por esta razón la biomasa crece indefinida-

mente hasta que no hay más sustrato o se alcance la máxima capacidad del biorreactor. Puesto que la tasa de crecimiento μ depende de varios factores, se requiere que las condiciones ambientales se mantengan en los valores óptimos tales como temperatura, pH, pO_2 , etc., dado que en los modelos estándares, μ puede depender de la concentración de sustrato en el reactor [38].

Por otro lado, la cantidad de sustrato que se provee para entrar al biorreactor depende del flujo de entrada y de su concentración. Generalmente es solo posible manipular el primero, puesto que no hay actuadores comerciales que permitan variar ambas variables independientemente. En este sentido, para controlar el biorreactor se hace la implementación de sensores para la medición de biomasa [38].

Con las medidas que nos dan los sensores podemos hacer que el biorreactor se estabilice. El controlador de lazo cerrado para el biorreactor se muestra en la figura (4.2).

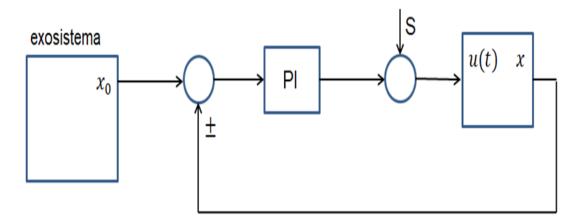


Figura 4.2: Diagrama de lazo cerrado de un control con retroalimentación sobre un biorreactor

Supongamos que el control que utiliza el biorreactor usado como ejemplo, es una variante del control clásico PID (Proporcional - Integral - Derivativo), específicamente un controlador PI en la biomasa; tomando como señal de error las diferencias entre las medidas actuales de la salida x y el valor constante x_0 , la cual representa la cantidad de biomasa a la que se desea llevar al sistema, **i.e.**, el objetivo del controlador. Denotamos entonces como $e(t) = x(t) - x_0$ la variable del error.

En este contexto, el controlador PI propuesto para el modelo se expresa como

[37, 38]:

$$u(t) = K_p e(t) + K_d \frac{d}{dt} (e(t)).$$

$$(4.2)$$

donde K_p y K_d son parámetros que representan las ganancias del controlador.

Es importante mencionar que el modelo que caracteriza a un biorreactor (Eq. (4.1)) lo usaremos a lo largo de este capítulo solo como un ejemplo para describir los elementos más importantes de un sistema de control con retroalimentación y para describir la metodología para diseñar un controlador difuso. Sin embargo, la descripción detallada de la dinámica de un biorreactor está fuera del alcance de este trabajo de tesis. En este contexto, describimos en la siguiente sección las características más importantes de un controlador difuso.

4.3. Control difuso.

El control difuso es la rama más exitosa y activa de la tecnología de sistemas difusos, tanto en términos de análisis teórico como de aplicaciones prácticas, esto es debido a que se basan en el concepto de codificación difusa (partición) de la información [26]. Una de las motivaciones principales para usar este tipo de control creado a principios de la década de 1970, fue el hecho de que utiliza el conocimiento y la experiencia extraídos de un operador de control humano para construir controladores de manera intuitiva, de modo que los controladores resultantes pudieran emular el comportamiento de control humano [26]. Los controladores difusos se basan en un conjunto de reglas que se asocian a variables lingüísticas de entrada y salida que son representadas por conjuntos difusos.

Dentro del contexto de los sistemas de control con retroalimentación, el bloque del controlador g_1 representado en la figura (4.1), es sustituido ahora por el controlador difuso, el cual incluyo el conjunto de reglas, las correspondientes funciones de membresía y el método de inferencia, todo lo cual explicaremos en esta sección.

4.3.1. Elementos de un controlador difuso.

De manera general, un sistema de control difuso lo podemos construir mediante cuatro elementos, los cuales son: un fuzzificador, una base de reglas difusas, un motor de inferencia difusa y un defuzzificador [26, 34]. Describiremos estos elementos brevemente a continuación.

• Un fuzzificador: Convierte las entradas del controlador en información que el mecanismo de inferencia puede usar fácilmente para activar y aplicar reglas.

- Una base de reglas difusas: Contiene un conjunto de proposiciones de la forma "si-entonces", las cuales modelan la experiencia o las decisiones de un operador humano sobre cómo lograr un buen control.
- Un motor de inferencia difusa: Realiza la toma de decisiones del experto al interpretar y aplicar el conocimiento sobre cómo controlar la planta.
- Un defuzzificador: Convierte las conclusiones del mecanismo de inferencia en salidas reales del proceso.

La estructura secuencial que adopta un control difuso es la que mostramos en el diagrama de bloques en la figura (4.3)

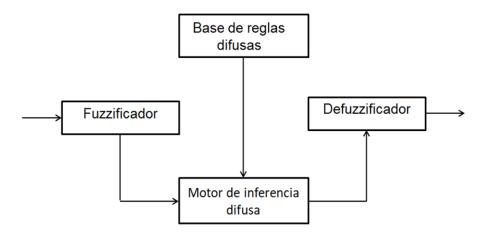


Figura 4.3: Diagrama de bloque para un controlador difuso.

A continuación describiremos el proceso de fuzzificación.

4.4. Fuzzificación.

La fuzzificación es el proceso por el cual los datos de entrada al sistema son transformados a valores difusos [33]. Es decir, dado un dato de entrada, el bloque de fuzzificación evalúa dicho dato en las funciones de membresía definidas sobre cada uno de los términos del conjunto difuso, el cual se ha definido previamente junto con el universo de discurso y las variables lingüísticas. Para este bloque del controlador se deben tener definidos los rangos de variación de las variables de entrada y los

conjuntos difusos asociados con sus respectivas funciones de membresía [25, 34]. De manera más precisa, la fuzzificación realiza un mapeo de un punto nítido $x = (x_1, ..., x_n)^T$, con $x_i \in \mathbb{R}$, a un conjunto difuso A definido en el universo de discurso U

Existen dos métodos para realizar la fuzzificación: por composición y por disparo individual de reglas; los cuales definiremos a continuación:

■ Fuzzificación por composición: Este tipo de fuzzificación convierte un valor de entrada x' en un conjunto singletón A, cuya función de membresía está dada por ([26, 33]):

$$\mu_A(x) = \begin{cases} 1, & si \ x = x', \\ 0, & si \ x \neq x'. \end{cases}$$

• Fuzzificación por disparo individual: Esta fuzzificación calcula el grado de membresía del valor de entrada para cada uno de los conjuntos difusos de la variable correspondiente. Es decir, en este proceso $\mu_A(x) = 1$ y $\mu_A(x')$ decrece de uno conforme x' se aleja de x.

Tomando como ejemplo el sistema del biorreactor descrito en la Eq. (4.1), las variables de entrada para este caso son: a) el error definido como la diferencia entre la concentración celular x(t) en el instante t, y el valor deseado de biomasa al que

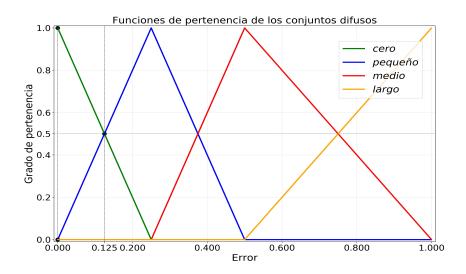


Figura 4.4: Funciones de membresía para los términos lingüísticos T_1 (Error).

se desea llegar x_0 , es decir, $e(t) = x(t) - x_0$ y; b) la derivada del error. Mientras que las variables de salida serán las ganancias K_p y K_d definidas en el controlador u en (4.2) [38, 37].

Una vez que hemos identificado las variables de entrada y salida que nos interesan, lo siguiente es construir nuestras variables lingüísticas. Para el ejemplo del biorreactor usaremos cuatro variables lingüísticas, dos para la entrada y dos para la salida. Para este ejemplo asumiremos que tanto las entradas como las salidas están normalizadas en el rango de valores entre cero y uno [37].

Los términos lingüísticos para las variables de entrada ("error" y "derivada del error") serán "cero", "pequeño", "mediano" y "largo"; mientras que para las variables de salida (las ganancias K_p y K_d) serán: "pequeño" y "grande". En este sentido, la variable lingüística para el error será entonces:

$$l_{1,2} = \{\text{error/derivada del error}, U_{1,2} = [0, 1], T_{1,2}, g_{1,2}, M_{1,2}\};$$

donde T_1 (error/derivada del error) = {"cero", "pequeño", "mediano", "largo"}; la regla sintáctica g_1 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía mostrados en la figura (4.4); y M_1 es dada por las funciones que presentamos en las ecuaciones (4.3) y (4.4):

$$\mu_{\text{cero}}(\mathbf{x}) = \begin{cases} \frac{0.25 - x}{0.25}, & si & x \le 0.25, \\ 0, & si & 0.25 < x. \end{cases}$$

$$\mu_{\text{pequeño}}(\mathbf{x}) = \begin{cases} \frac{x}{0.25}, & si & x \le 0.25, \\ \frac{0.5 - x}{0.5 - 0.25}, & si & 0.25 < x \le 0.5, \\ 0, & si & 0.5 < x. \end{cases}$$
(4.3)

$$\mu_{mediano}(\mathbf{x}) = \begin{cases} 0, & si & x < 0.25, \\ \frac{x - 0.25}{0.5 - 0.25}, & si & x \le 0.5, \\ \frac{1 - x}{1 - 0.5}, & si & 0.5 < x \le 1. \end{cases}$$

$$\mu_{largo}(\mathbf{x}) = \begin{cases} 0, & si & x \le 0.5, \\ \frac{x - 0.5}{1 - 0.5}, & si & 0.5 < x \le 1. \end{cases}$$

$$(4.4)$$

Por otro lado, las variables lingüísticas de las salidas l_3 y l_4 las definimos de la siguiente forma:

$$l_{3,4} = \{K_{p,d}, U_{3,4} = [0,1], T_{3,4}(K_{p,d}), g_{3,4}, M_{3,4}\};$$

donde $T_{3,4}(K_{p,d}) = \{\text{"pequeño"}, \text{"grande"}\}$, la regla sintáctica $g_{3,4}$ que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía que definimos en la figura (4.5), y $M_{3,4}$ está definida por siguientes funciones:

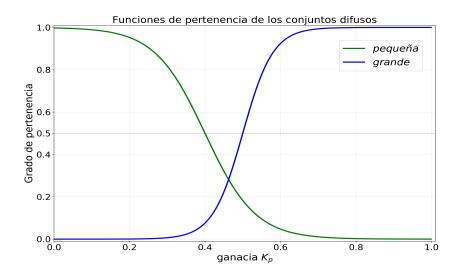


Figura 4.5: Funciones de membresía para las salidas (K_p, K_i) .

$$\mu_3$$
 ("pequeño") = $\frac{1}{1 + e^{15(x - 0.4)}}$,

$$\mu_3(\text{"grande"}) = \frac{1}{1 + e^{-25(x - 0.5))}}.$$

Es claro que la fuzzificación para nuestro ejemplo es una fuzzificación por disparo individual, dado que cualquier valor de entrada será convertido a un conjunto singletón mediante la evaluación de dicho valor en las funciones de membresía definidas para los términos lingüísticos de "error" y "derivada del error". Por ejemplo, si en algún instante t, el sensor del biorreactor da una medida tal que el error es de 0.125, entonces $\mu_{cero}(0.125)) = 0.5$, y así para cada una de las funciones de membresía.

Una vez descrita la primera etapa en el diseño de un controlador difuso, explicaremos en la siguiente sección la construcción de las reglas difusas.

4.5. Las reglas difusas.

Las reglas difusas son la base de los controladores difusos ya que permiten modelar la experiencia y/o conocimiento del operador acerca del proceso a controlar. En este sentido, una base de reglas difusas está compuesta por una colección finita de reglas de la forma "si-entonces" difusas [25, 26, 33].

Cuando se tiene un conjunto de reglas difusas que cubren todas las posibles combinaciones de valores lingüísticos de los antecedentes, se dice que la base de reglas difusas está completa [34]. De manera más general, podemos expresar a una base de reglas difusa con la siguiente nomenclatura [34]:

$$R^{1}: \mathbf{Si} \ x_{1} \operatorname{es} A_{1}^{1} \mathbf{y} \ x_{2} \operatorname{es} A_{1}^{2} \cdots \mathbf{y} \ x_{p} \operatorname{es} A_{p}^{1} \operatorname{entonces} z_{1} \operatorname{es} B_{1}^{1} \mathbf{y} \ z_{2} \operatorname{es} B_{2}^{1} \cdots \mathbf{y} \ z_{q} \operatorname{es} B_{q}^{1};$$

$$R^{2}: \mathbf{Si} \ x_{1} \operatorname{es} A_{2}^{1} \mathbf{y} \ x_{2} \operatorname{es} A_{2}^{2} \cdots \mathbf{y} \ x_{p} \operatorname{es} A_{p}^{2} \operatorname{entonces} z_{1} \operatorname{es} B_{1}^{2} \mathbf{y} \ z_{2} \operatorname{es} B_{2}^{2} \cdots \mathbf{y} \ z_{q} \operatorname{es} B_{q}^{2};$$

$$\vdots$$

$$R^{m}: \mathbf{Si} \ x_{1} \operatorname{es} A_{1}^{m} \mathbf{y} \ x_{2} \operatorname{es} A_{2}^{m} \cdots \mathbf{y} \ x_{p} \operatorname{es} A_{p}^{m} \operatorname{entonces} z_{1} \operatorname{es} B_{1}^{m} \mathbf{y} \ z_{2} \operatorname{es} B_{2}^{m} \cdots \mathbf{y} \ z_{q} \operatorname{es} B_{q}^{m};$$

En donde R^i es la *i*-ésima regla, con $1 \le i \le m$ (siendo m el número total de reglas); A^i_j , los términos lingüísticos asociados a las variables de entrada x_j , con $j = 1, \ldots, p$; y B^k_j , los términos lingüísticos asociados a las variables de salida z_k , con $k = 1, \ldots, q$.

Vale la pena mencionar que en ningún caso puede permitirse que existan dos reglas con el mismo antecedente [34].

A manera de ejemplo, supongamos que para el diseño de un controlador difuso para el biorreactor descrito en las Eqs. (4.1) son las descritas en la tabla (4.1) [37]. Es decir, la tabla contiene con 16 reglas difusas las cuales se leen como sigue - \mathbf{si} el error es cero \mathbf{y} la derivada del error es cero, entonces la ganancia K_p es pequeño y la K_i es pequeño. Lo mismo para el resto de los elementos en el cuadro (4.1).

Regla	Si el error es	Si la derivada es		K_p es	K_d es
1	cero	cero	\Rightarrow	pequeño	pequeño
2	cero	pequeño	\Rightarrow	grande	pequeño
3	cero	medio	\Rightarrow	grande	pequeño
4	cero	largo	\Rightarrow	grande	pequeño
5	pequeño	cero	\Rightarrow	pequeño	pequeño
6	pequeño	pequeño	\Rightarrow	pequeño	pequeño
7	pequeño	medio	\Rightarrow	grande	pequeño
8	pequeño	largo	\Rightarrow	grande	pequeño
9	medio	cero	\Rightarrow	pequeño	pequeño
10	medio	pequeño	\Rightarrow	pequeño	pequeño
11	medio	medio	\Rightarrow	pequeño	grande
12	medio	largo	\Rightarrow	pequeño	pequeño
13	largo	cero	\Rightarrow	pequeño	pequeño
14	largo	pequeño	\Rightarrow	grande	pequeño
15	largo	medio	\Rightarrow	pequeño	pequeño
16	largo	largo	\Rightarrow	grande	pequeño

Cuadro 4.1: Conjunto de reglas difusas para el ejemplo de un bioreactor descrito en las Eqs. (4.1).

4.6. Motor de inferencia difusa.

Un motor de inferencia difusa es un método bajo el cual es posible calcular las variables de salida del controlador a partir de las reglas difusas, dando como resultado un nuevo conjunto difuso de salida [34]. Dos de los métodos de inferencia mayormente usados son el de *Tsugeno*, el cual da como conclusiones a funcionales,

y el de *Mamdani*. Dado que en este trabajo de tesis usaremos el segundo de estos, haremos una descripción del mismo en la siguiente sección.

4.6.1. Método de inferencia difuso de Mamdani.

Las reglas difusas de Mamdani se caracterizan por tener conjuntos difusos como conclusiones. De modo que, las conclusiones extraídas después de la evaluación de cada regla deben combinarse en una sola salida, que luego puede ser defuzzificada [25]. De manera que, una regla difusa de la forma si-entonces es interpretada como una implicación difusa definida por el mapeo $A_1^i \times ... \times A_n^i \to B_j^i$ sobre $U \times V$, donde $A_1^i \times ... \times A_n^i$ son los conjuntos difusos de los antecedentes (definidos sobre el universo de discurso $U = U_1 \times U_2 \times ... \times U_n$) y B_j^i son los conjuntos difusos de los consecuentes definidos sobre el universo de discurso V.

A manera de ejemplo, supongamos que tenemos el siguiente conjunto de reglas:

$$x \ es \ A',$$
 $Si \ x \ es \ A^1, \ entonces \ y \ es \ B^1,$
 $Si \ x \ es \ A^2, \ entonces \ y \ es \ B^2,$
 $\dots \dots$
 $\dots \dots$
 $\dots \dots$
 $Si \ x \ es \ A^m, \ entonces \ y \ es \ B^m,$
 $y \ es \ C'.$

$$(4.5)$$

Para este caso, la i-ésima regla se compone por los conjuntos difusos A^i y B^i y la variable lingüística x es la entrada al motor de inferencia (la cual será evaluada en todas la reglas y corresponde normalmente a un dato numérico de entrada), mientras que la variable lingüística y será la salida. De modo que el método de inferencia de Mamdani nos dice que para obtener una conclusión C^i para la regla i, **debemos de hacer la composición entre** A' y $A^i \times B^i$, de tal forma que la función de membresía para la conclusión de la regla i se expresa como

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x} \left\{ \mu_{A'}(x) \wedge \mu_{R^{i}}(x, y) \right\}. \tag{4.6}$$

Vale la pena señalar que C^i representará el conjunto difuso de la conclusión para la *i*-ésima regla, y su representación matemática es: $C^i = A' \circ R^i = A' \circ (A^i \times B^i)$. Mientras que el conjunto C' es la conclusión obtenida al evaluar todas las reglas, por

lo que su cálculo se realiza mediante la unión de todos los conjuntos C^i , es decir, $C'=C^1\cup C^2\cup ,...,\cup C^m$.

Por otra parte, μ_{C^i} representa la función de membresía del conjunto conclusión en la i-ésima regla. Sin embargo, las ecuaciones (4.5) solo muestran un caso particular cuando el antecedente solo está formado por una variable lingüística al igual que el consecuente. A continuación presentaremos la generalización al caso en que hay más de una variable lingüística por regla:

Definición 4.1 (Conclusión de una regla difusa, [26, 34]): Sean $x_1, x_2, ..., x_n$ variables lingüísticas definidas sobre los conjuntos difusos $A_1^i, A_2^i, ..., A_n^i$ y los universos de discurso $U = U_1 \times U_2 \times ... \times U_n$, respectivamente; además, sea A' la entrada del motor de inferencia difusa definida sobre U del razonamiento (4.5). Entonces, cada regla difusa R^i de la forma "sientonces" determina un conjunto difuso C^i llamado conclusión cuya función de membresía es [26, 34]:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x_{1}, x_{2}, ..., x_{n}} \left\{ \mu_{A'} \left(x_{1}^{0}, x_{2}^{0}, ..., x_{n}^{0} \right) \wedge \mu_{R_{i}} \left(x_{1}, x_{2}, ..., x_{n}, y \right) \right\}, \tag{4.7}$$

donde $x_1, x_2, ..., x_n$ son los datos de entrada en el razonamiento difuso (4.5)

Estimar la expresión matemática de la función de membresía (4.7) puede ser simplificado mediante el uso del siguiente teorema:

Teorema 1: Sea A' un conjunto singletón el cual define la entrada del motor de inferencia del razonamiento difuso (4.5). Supongamos que las reglas difusas contienen una variable lingüística de entrada x y una variable lingüística de salida y. Si x_0 es un dato numérico de entrada, entonces, la función de membresía para la conclusión C^i de la regla R^i está dada por:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \mu_{A^{i}}(x_{0}) \wedge \mu_{B^{i}}(y) ;$$
(4.8)

con A^i y B^i el antecedente y el consecuente de la regla R^i .

En otras palabras, el teorema 1 evita realizar el proceso de calcular el producto cartesiano y la composición de conjuntos difusos para cada regla R^i de acuerdo con (4.6). En su lugar, el proceso se reduce a calcular $\mu_{A^i}(x)$ evaluando en el punto x_0 (en la demostración se explicará porque en ese punto). En este sentido, todo se reduce a "realizar un corte" de la función de membresía $\mu_{B^i}(y)$ a la altura del valor $\mu_{A^i}(x_0)$.

Demostración: Usando la ecuación (4.7) y las definiciones (3.14) y (3.15) del

capítulo 3 de la presente tesis, obtenemos:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x} \left\{ \mu_{A'}(x_{0}) \wedge \mu_{A^{i} \times B^{i}}(x, y) \right\} ,$$

$$= \max_{x} \left\{ \mu_{A'}(x_{0}) \wedge \mu_{A^{i}}(x) \wedge \mu_{B^{i}}(y) \right\} ,$$

$$= \max_{x} \left\{ \mu_{A'}(x_{0}) \wedge \mu_{A^{i}}(x) \right\} \wedge \mu_{B^{i}}(y) .$$
(4.9)

Como A' es un conjunto singletón, entonces podemos afirmar que todos los valores de $\mu_{A'}(x_0)$ serán 0 excepto en el punto x_0 , donde ahí obtiene su valor máximo de pertenencia que es uno.

Por lo tanto, $\max_{x} \left\{ \mu_{A^{'}}\left(x_{0}\right) \wedge \mu_{A_{i}}\left(x\right) \right\} = \mu_{A_{i}}\left(x_{0}\right)$, lo cual implica que

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x} \{ \mu_{A'}(x_{0}) \wedge \mu_{A^{i}}(x) \} \wedge \mu_{B^{i}}(y)$$

$$= \mu_{A^{i}}(x_{0}) \wedge \mu_{B^{i}}(y) \qquad \blacksquare$$
(4.10)

Ahora expandiremos este teorema al caso cuando hay más de una variable lingüística de entrada y de salida. Por simplicidad y claridad en la exposición, enunciaremos el teorema para el caso particular en el que hay dos variables lingüísticas de entrada y una de salida, sin embargo, el caso general de n variables de entrada se puede deducir con facilidad y su demostración es similar a la que presentamos a continuación.

Teorema 2: Sean A' y A'' dos conjuntos singletón definidos en el universo de discurso $U = U_1 \times U_2$. Además, sean x_1, x_2 e y variables lingüísticas definidas en los conjuntos difusos A_1^i, A_2^i , y B^i , respectivamente, con $i = 1, \ldots, m$; A_1^i , y A_2^i definidos en U y B^i definido en el universo de discurso V, de tal forma que las reglas difusas se expresan como:

$$x_{1} es A' y x_{2} es A''$$

$$Si x_{1} es A_{1}^{1} y x_{2} es A_{2}^{1}, entonces y es B^{1},$$

$$Si x_{1} es A_{1}^{2} y x_{2} es A_{2}^{2}, entonces y es B^{2},$$

$$\dots \dots$$

$$\vdots \dots \dots$$

$$Si x_{1} es A_{1}^{m} y x_{2} es A_{2}^{m}, entonces y es B^{m},$$

$$y es C'.$$

$$(4.11)$$

Si x_0^1 y x_0^2 son los datos numéricos de entrada, entonces la función de membresía para la conclusión C^i de la regla R^i está dada por:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \mu_{A_{1}^{i}}(x_{0}^{1}) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}(x_{0}^{2}) \wedge \mu_{B^{i}}(y). \tag{4.12}$$

Demostración: Partiendo de las definiciones (3.14) y (3.15) del capítulo 3 de la presente tesis y de la Eq. (4.7), obtenemos:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x_{1}, x_{2}} \left\{ \mu_{R'}\left(x_{0}^{1}, x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{R^{i}}\left(x_{1}, x_{2}, y\right) \right\}; \tag{4.13}$$

en donde $\mu_{R'}(x_0^1, x_0^2) = \mu_{A'}(x_0^1) \wedge \mu_{A''}(x_0^2)$, mientras que la función de membresía $\mu_{R^i}(x_1, x_2, y)$ la podemos expresar como $\mu_{A_1^i}(x_1) \wedge \mu_{A_2^i}(x_2) \wedge \mu_{B^i}(y)$, ya que $\mu_{R^i}(x_1, x_2, y)$ nos representa un producto cartesiano. Por lo tanto:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \max_{x_{1},x_{2}} \left\{ \mu_{R'}\left(x_{0}^{1}, x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{R^{i}}\left(x_{1}, x_{2}, y\right) \right\},$$

$$= \max_{x_{1},x_{2}} \left\{ \mu_{A'}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A''}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{1}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{2}\right) \wedge \mu_{B^{i}}\left(y\right) \right\},$$

$$= \max_{x_{1}} \left\{ \max_{x_{2}} \left\{ \mu_{A'}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A''}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{1}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{2}\right) \wedge \mu_{B^{i}}\left(y\right) \right\} \right\},$$

$$= \max_{x_{1}} \left\{ \max_{x_{2}} \left\{ \left[\mu_{A'}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{1}\right) \right] \wedge \left[\mu_{A''}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{2}\right) \right] \wedge \mu_{B^{i}}\left(y\right) \right\} \right\},$$

$$= \left\{ \max_{x_{1}} \left[\mu_{A'}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{1}\right) \right] \right\} \wedge \left\{ \max_{x_{2}} \left[\mu_{A''}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{2}\right) \right] \right\} \wedge \mu_{B^{i}}\left(y\right),$$

$$(4.14)$$

Es importante resaltar que A' y A'' son dos conjuntos singletones, es decir, cada conjunto tendrá solo un elemento y los denotaremos de la siguiente manera: $A' = \{x_0^1\}$ y $A'' = \{x_0^2\}$. Entonces podemos concluir lo siguiente:

$$\max_{x_{1}} \left[\mu_{A'} \left(x_{0}^{1} \right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}} \left(x_{1} \right) \right] = \mu_{A_{1}^{i}} \left(x_{0}^{1} \right),$$

$$\max_{x_{2}} \left[\mu_{A''} \left(x_{0}^{2} \right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}} \left(x_{2} \right) \right] = \mu_{A_{2}^{i}} \left(x_{0}^{2} \right);$$

donde $\mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{0}^{1}\right)$ y $\mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{0}^{2}\right)$ son términos constantes.

$$\therefore \mu_{C^{i}}(y) = \left\{ \max_{x_{1}} \left[\mu_{A^{'}}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{1}\right) \right] \right\} \wedge \left\{ \max_{x_{2}} \left[\mu_{A^{''}}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{2}\right) \right] \right\} \wedge \mu_{B^{i}}(y)$$

$$= \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \mu_{B^{i}}(y) \blacksquare$$

$$(4.15)$$

Siguiendo estos mismos pasos para la demostración del teorema 2, podemos concluir que, para el caso de n variables lingüísticas de entrada en las reglas difusas de la forma (4.11), podemos demostrar que la función de membresía para la conclusión de la i-ésima regla se expresa como:

$$\mu_{C^{i}}(y) = \mu_{A_{1}^{i}}\left(x_{0}^{1}\right) \wedge \mu_{A_{2}^{i}}\left(x_{0}^{2}\right) \wedge \dots \wedge \mu_{A_{n}^{i}}\left(x_{0}^{n}\right) \wedge \mu_{B^{i}}\left(y\right). \tag{4.16}$$

El resultado del método de inferencia de Mamdani nos dará como resultado un conjunto difuso conclusión por cada regla, y la conclusión final se construye a partir de la unión de todas las conclusiones, i.e., $C' = C^1 \cup C^2 \cup \cdots \cup C^m$.

A manera de ejemplo, consideremos nuevamente el modelo del biorreactor presentado en (4.1). Supongamos que para un instante de tiempo t, el error medido en el biorreactor es e(t) = 0.125; al evaluarlo en los valores de membresía propuestos en las ecuaciones (4.3) y (4.4), obtenemos:

$$\mu_{\text{cero}}(0.125) = 0.5 \quad \text{y} \quad \mu_{\text{pequeño}}(0.125) = 0.5,$$

$$\mu_{\text{mediano}}(0.125) = 0 \quad \text{y} \quad \mu_{\text{largo}}(0.125) = 0.$$

Por otro lado, supongamos también que ese instante de tiempo t en el que se mide el error obtenemos que la derivada del error es cero; y al evaluar este dato de entrada en las correspondientes funciones de membresía dadas en las ecuaciones (4.3) y (4.4), obtenemos:

$$\mu_{\text{cero}}(0) = 1 \quad \text{y} \quad \mu_{\text{pequeño}}(0) = 0,$$
 $\mu_{\text{mediano}}(0) = 0 \quad \text{y} \quad \mu_{\text{largo}}(0) = 0.$

A partir de estos valores de entrada mostraremos a continuación cómo obtener una conclusión usando el motor de inferencia difusa de Mamdani. De acuerdo con el teorema 2, lo primero que debemos hacer es una evaluación en cada una de las reglas difusas descritas en la tabla (4.1) con los valores de entrada e(t) = 0.125 y de/dt = 0.

Cabe destacar que, dado que los valores de entrada del error y su derivada son tales que al evaluarlos en las funciones de membresía de *medio* y *largo* son cero, entonces el conjunto difuso conclusión para las reglas que involucran dichos términos tendrá una función de membresía de cero para todos los valores en el universo de discurso. Esto implica que aquellas reglas que involucran los términos *medio* y *largo* no contribuirán a la unión de las funciones de membresía la cual se usa para obtener la función de membresía de la conclusión final. En este sentido podemos decir que dichas reglas quedan "*inactivas*", y el proceso se reduce a solo hacer la inferencia de cuatro reglas difusas "*activas*", las cuales son las siguientes:

 R^1 :Si el error es cero y el cambio de error es cero, entonces la ganancia K_p es pequeña y la ganancia K_d es pequeña.

 R^2 : Si el error es cero y el cambio de error es pequeño, entonces la ganancia K_p es grande y la ganancia K_d es pequeña. (4.17)

 R^3 :Si el error es pequeño y el cambio de error es cero, entonces la ganancia K_p es pequeña y la ganancia K_d es pequeña.

 R^4 : Si el error es pequeño y el cambio de error es pequeño, entonces la ganancia K_p es pequeña y la ganancia K_d es pequeña.

De estas cuatro reglas difusas tendremos ocho inferencias, debido a que hay dos variables lingüísticas de salida (recordemos que obtenemos un conjunto difuso por cada variable de salida). Las funciones de membresía para la conclusión de cada regla las expresamos de la siguiente forma:

$$R^{1} = \begin{cases} C_{1}^{1} & := \mu_{\text{cero}}(e) \land \mu_{\text{cero}}(d.e) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{1}), \\ C_{2}^{1} & := \mu_{\text{cero}}(e) \land \mu_{\text{cero}}(d.e) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{2}); \end{cases}$$

$$R^{2} = \begin{cases} C_{1}^{2} & := \mu_{\text{cero}}(e) \land \mu_{\text{pequeño}}(d.e.) \land \mu_{\text{grande}}(y_{1}), \\ C_{2}^{2} & := \mu_{\text{cero}}(e) \land \mu_{\text{pequeño}}(d.e.) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{2}); \end{cases}$$

$$R^{3} = \begin{cases} C_{1}^{3} & := \mu_{\text{pequeño}}(e) \land \mu_{\text{cero}}(d.e.) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{1}), \\ C_{2}^{3} & := \mu_{\text{pequeño}}(e) \land \mu_{\text{cero}}(d.e.) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{2}); \end{cases}$$

$$R^{4} = \begin{cases} C_{1}^{4} & := \mu_{\text{pequeño}}(e) \land \mu_{\text{pequeño}}(d.e.) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{1}), \\ C_{2}^{4} & := \mu_{\text{pequeño}}(e) \land \mu_{\text{pequeño}}(d.e.) \land \mu_{\text{pequeño}}(y_{2}); \end{cases}$$

donde "e" denota el error; "d.e." representa a la derivada del error, " y_1 " y " y_2 " son las ganancias obtenidas.

En las figuras (4.6) podemos observar la forma de las funciones de membresía para la conclusión de cada una de las cuatro reglas; las cuales son el resultado de evaluar los datos numéricos para las entradas de e(t) = 0.125 y de/dt = 0 en las reglas (4.17), realizar el corte en las funciones de membresía para las ganancias K_p y K_d .

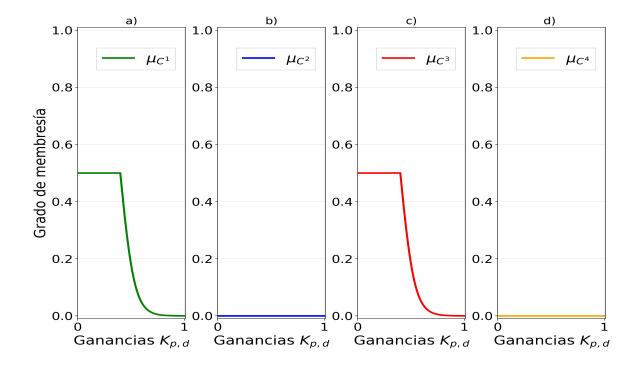


Figura 4.6: Funciones de membresía para la conclusión de cada una de las reglas en (4.17) para el ejemplo de un controlador difuso aplicado a un biorreactor.

De estas funciones de membresía generadas para las conclusiones $C_{1,2}^i$, con $i = 1, \ldots, 4$, obtenemos como resultado la función de membresía conclusión C' mostrada en la figura (4.7), la cual es construida a partir de la unión de las funciones de membresía mostradas en (4.6).

Es importante mencionar que el resultado esperado son dos conjuntos conclusión, uno por cada parámetro K_p y K_d ; sin embargo, para este ejemplo en particular, la función de membresía resultante para el conjunto conclusión es la misma.

Finalmente, a partir de la función de membresía para el conjunto conclusión mostrado en la figura (4.7), se obtiene, como resultado final del controlador difuso, los valores numéricos para las ganancias K_p y K_d a partir de un método llamado "defuzzificación", el cual explicaremos a continuación.

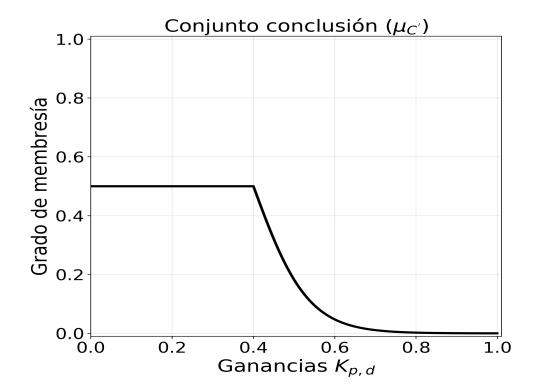


Figura 4.7: Función de membresía para el conjunto conclusión C', la cual se forma a partir de la unión de las funciones mostradas en la figura (4.6) y a partir de la cual se obtienen las ganancias K_p y K_d del controlador difuso para el biorreactor.

4.7. Defuzzificación.

El proceso de defuzzificación consiste en obtener un valor nítido a partir de un conjunto difuso [39]. Es decir, a partir del conjunto conclusión formado de la evaluación de todas las reglas difusas, la defuzzificación es el proceso por el cual se infiere un valor real de salida para cada una de las variables consecuentes. De manera más precisa, una defuzzificación realiza un mapeo de conjuntos difusos en C' a valores reales en \mathbb{R} .

Existen diferentes métodos para realizar la defuzzificación, describiremos algunos a continuación [26, 33, 34]:

 Método del máximo: La salida corresponde al valor para el cual la función de membresía alcanza su máximo.

- Media del máximo: La salida es el promedio entre los elementos del conjunto que tienen un grado de membresía máximo.
- Centroide: Genera como salida el valor correspondiente al centro de gravedad de la función de membresía del conjunto de salida. Mapea de un conjunto difuso C' a un punto. Tomando a y_l como un punto en V, podemos calcular al centroide como :

$$y = \frac{\sum_{l=1}^{M} y_l \mu_{C'}(y_l)}{\sum_{l=1}^{M} \mu_{C'}(y_l)},$$

A manera de ejemplo, usaremos el método de "media del máximo" para realizar el proceso de defuzzificación del modelo del biorreactor (4.1), cuya función de membresía para la conclusión es la mostrada en la figura (4.7).

Supongamos que queremos encontrar el valor de defuzzificación de la ganancia K_p , así que de la figura (4.7) observamos que el elemento con la mayor membresía es de 0.5, es decir, max(c') = 0.5. Donde los elementos con este valor de membresía son todos los que se encuentran en el intervalo [0, 0.4], lo siguiente es encontrar la media de los máximos (denotado por MDM).

$$MDM = \frac{PF - PI}{2} = \frac{0.4 - 0}{2} = 0.2,$$

donde "PF" representa el punto final del intervalo y "PI" representa el punto inicial del intervalo. Por lo tanto concluimos que el valor de este proceso de defuzzificación nos da como resultado $k_p = 0.2$. Empleando el mismo proceso de defuzzificación para obtener la ganancia k_d , obtendremos el mismo valor debido a que su conjunto conclusión era el mismo.

Capítulo 5

Modelo epidemiológico SIR-SI con control difuso.

5.1. Introducción.

Tomar una decisión es una de las actividades más fundamentales del ser humano. Esto es particularmente cierto en el ámbito de la salud pública, donde las decisiones suelen tener relevancia para millones de personas [30]. Lo anterior se ve reflejado en el momento en que una nueva enfermedad infecciosa aparece en una población dada, debido a que una mala decisión a nivel gubernamental podría provocar que la epidemia se prolongue más de lo necesario, o que su impacto en la sociedad sea aún mayor.

En este sentido, las acciones que tome el gobierno ante esta situación dependerán de la enfermedad a la cual se le esté haciendo frente. Por ejemplo, algunas de las acciones que podrían ser consideradas son: el aislamiento de los pacientes, la desinfección en lugares públicos, implementación de medicamentos y vacunas, etc [40]. A estas tomas de decisiones para combatir una epidemia también se les conoce como "estrategias de control".

No obstante, implementar una de estas estrategias de control conlleva un costo, el cual puede ser monetario, económico, o de algún otro parámetro que pueda ser cuantificable. Al tener un conjunto de estrategias y los costos que estos generan, surge la siguiente pregunta: ¿cuál de las posibles estrategias de control "conviene" implementar frente a una epidemia? Una posible vía para responder este pregunta la podemos encontrar en el modelado matemático y en la teoría de control óptimo, en la cual definimos una función que involucra cada uno de los costos de implementar una y/u otra(s) de la(s) estrategia(s). El objetivo es entonces minimizar (o maximizar,

dependiendo del contexto) dicha función a la que llamaremos simplemente "función de costo".

Debido a que la función de costos dependerá del gasto de implementar una u otra estrategia, y a la dependencia de variables imprecisas tales como "mucho", "mejor", etc, en el momento de decidir qué estrategia usar, consideramos que la teoría de control difuso es una alternativa en el uso del modelado matemático de epidemias y en el modelado de la toma de decisiones del sector salud en torno a las acciones a realizar para controlar una epidemia.

En este capítulo proponemos el diseño de un control difuso para un modelo epidemiológico SIR-SI para la transmisión del dengue. Propondremos una función de costos para el modelo con control y encontraremos, mediante simulaciones numéricas, el valor mínimo de la función, es decir, en que momento es más eficiente implementar las estrategias. En la siguiente sección haremos una exposición del modelo con control difuso.

5.2. Modelo epidemiológico SIR-SI con control difuso.

Los especialistas teóricos de los sistemas dinámicos aplicados al modelado de epidemias se han enfrentado a varios obstáculos al intentar validar sus modelos, particularmente debido a varias incertidumbres relacionadas con las variables, las condiciones de contorno, los estados iniciales y los valores de los parámetros. Idealmente, estos deberían tomarse del trabajo de campo que, por el contrario, demuestra la extrema vaguedad en la definición de conceptos tales como factores de riesgo, peligros, fuerza de infección, patrones de contacto o estado de infección [41]. Por lo tanto, un posible enfoque alternativo podría ser la combinación de técnicas de lógica difusa con sistemas dinámicos no lineales para proporcionar un análisis integral y el desarrollo de herramientas predictivas en epidemiología. Así que haciendo uso del enfoque mencionado, esperando controlar la epidemia de dengue de una manera más razonable y a su vez reducir gastos, aplicaremos un control difuso sobre el modelo del dengue (SIR-SI). En la siguiente subsección mostraremos el modelo con control difuso.

5.2.1. Modelo SIR-SI con parámetros de control.

En el capítulo 2 ya hemos definido las estrategias de control que se tomarían en un control simple, estas serán empleadas también en el control difuso. De manera que las ecuaciones diferenciales que describen la dinámica del modelo son las descritas en las Eqs. (5.1)-(5.2):

$$\begin{cases}
\frac{dS}{dt} = \mu_h(N_h - S) & -(1 - u_1)\beta V \frac{S}{N_h}, \\
\frac{dI}{dt} = -((1 + u_2 r_0)\gamma + \mu_h)I + (1 - u_1)\beta V \frac{S}{N_h}, \\
\frac{dR}{dt} = (1 + u_2 r_0)\gamma I - \mu_h R,
\end{cases} (5.1)$$

Mosquitos
$$\begin{cases} \frac{\mathrm{d}M}{\mathrm{d}t} = (1 - u_3) \Lambda - \mu_v M - (1 - u_1) \beta M \frac{I}{N_h}, \\ \frac{\mathrm{d}V}{\mathrm{d}t} = -\mu_v V + (1 - u_1) \beta M \frac{I}{N_h}. \end{cases}$$
(5.2)

La descripción del modelo (5.1)-(5.2) así como la de sus parámetros son descritas en el capítulo 2; y los parámetros de control u_1, u_2 y u_3 representan las estrategias de control de descacharrización, hospitalización y fumigación, respectivamente. En el contexto del control difuso, estos parámetros de control serán usados aquí como las salidas del controlador difuso, tal y como describiremos a continuación.

5.2.2. Variables de entrada y salida del controlador difuso.

Para el diseño del controlador difuso del modelo SIR-SI en las ecuaciones (5.1)-(5.2), proponemos usar como variables lingüísticas de entrada las siguientes dos: la cantidad de individuos infectados (I(t)) y la cantidad de individuos recuperados (R(t)) en el instante de tiempo t. Por otro lado, las variables lingüísticas de salida estarán asociadas a los parámetros de control u_1, u_2 y u_3 [40].

El modelo determinista SIR-SI sin control en la simulación que mostramos en la figura (2.3); nos muestra que habrá un rango de valores para las entradas de infectados y removidos, es decir 0 < I(t) < CI, donde CI denota el valor, en la curva de infectados, en dónde se alcanza el máximo valor, es decir, el pico de la epidemia. Mientras que los recuperados estarán en el rango de $0 < R(t) < N_h$. Así que, a partir de realizar simulaciones numéricas para el modelo SIR-SI sin parámetros de control (i.e. $u_1 = u_2 = u_3 = 0$), y considerando los demás parámetros con los

valores numéricos definidos en el cuadro (2.1), nos da un criterio para considerar que CI = 4,502. Vale la pena destacar que lo anterior lo usaremos como un ejemplo para describir el modelo, sin embargo la metodología puede considerarse también válida para cualquier otra selección de los parámetros del modelo SIR-SI.

Proponemos entonces los siguientes términos para la variable lingüística I(t): "pequeño", "medio", "grande" y "muy grande". Mientras que para la variable lingüística R(t) usaremos los términos: "pequeño" y "grande".

Para definir estas clasificaciones se usarán las siguientes cotas:

- Infectados. Para definir los cuatro compartimientos utilizaremos el dato CI, entonces habrán dos cotas:
 - Cota superior de infectados, será denotada por CSI y tendrá el valor de CSI = CI/2.
 - Cota inferior de infectados, se denotará por CII y tendrá el valor de CII = CSI/2.
- Recuperados. Este compartimiento tendrá solo una cota la cual es:
 - Cota recuperados, la denotaremos como CR y tendrá un valor de $CR = N_h/2$

Descripción	Nomenclatura	Valor numérico
Cota de infectados	CI	4,502
Cota superior de infectados	CSI	2,251
Cota inferior de infectados	CII	1,125.5
Cota de recuperados	CR	5,000
Cota superior de infectados más/menos	$CSI_{\pm\delta}$	$CSI \pm \delta$
δ		
Cota inferior de infectados más/menos δ	$CII_{\pm\delta}$	$CII \pm \delta$
Cota de recuperados más/menos δ	$CR_{\pm\delta}$	$CR \pm \delta$
Punto medio entre la cota superior de	$PM_{\pm\delta}$	$\frac{CSI + CII}{2}PM \pm \delta$
infectados y la cota inferior de infectados		Δ
más/menos δ		

Cuadro 5.1: Los valores numéricos presentados en esta tabla fueron obtenidos a partir de la simulación que mostramos en la figura (2.3), con las mismas condiciones iniciales y los valores de los parámetros son los definidos en el cuadro (2.1).

En el cuadro (5.1) hacemos un resumen de las cotas que usaremos para el control difuso, así como una descripción de los mismos y los valores numéricos que usaremos para estos. Cabe mencionar que los elementos de esta tabla que tengan " $\pm\delta$ " representaran a los vértices en nuestras funciones de membresía, donde " δ " es un número real arbitrario que determina la apertura de las funciones de membresía.

A continuación definiremos cada una de las variables lingüísticas.

Variables lingüísticas de entrada.

Comenzaremos definiendo la variable lingüística asociada a los infectados I(t), la cual esta dada por:

$$l_{I} = \{I(t), [0, CI], T_{1}(I(t)), g_{1}, M_{1}(I(t))\},\$$

donde I(t) es el nombre de la variable lingüística; el universo de discurso está definido en el intervalo [0, CI]; los términos lingüísticos $T_1(I)$ son los siguientes:

$$T_1(I(t)) = \{ \text{"peque}\tilde{n}o'', \text{"medio''}, \text{"grande''}, \text{"muy grande''} \} ;$$

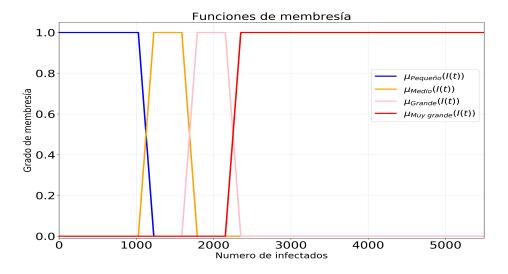


Figura 5.1: Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_1(I(t))$.

Mientras que la regla sintáctica g_1 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía que definimos en la figura (5.1), los cuales a su vez

están asociadas a los términos lingüísticos que definimos en $T_1(I(t))$. Mientras que, M_1 es dada por las siguientes funciones expresadas en la ecuación (5.3) y (5.4).

$$\mu_{pequeño}\left(I\right) = \begin{cases} 1, & si & I \leq CII_{-100}\,, \\ \frac{CII_{+100} - I}{CII_{+100} - CII_{-100}}, & si & CII_{-100} < I \leq CII_{+100}\,, \\ 0, & si & CII_{-100} < I . \end{cases}$$

$$si & I \leq CII_{-100}\,, \\ I - CII_{-100} \\ \overline{CII_{+100} - CII_{-100}}, & si & CII_{-100} < I \leq CII_{+100}\,, \\ 1, & si & CII_{-100} < I \leq PM_{-100}\,, \\ \frac{PM_{+100} - I}{PM_{+100} - PM_{-100}}, & si & PM_{-100} < I \leq PM_{+100}\,, \\ 0, & si & PM_{+100} < I \end{cases}$$

$$si & I \leq PM_{-100}\,, \\ 0, & si & I \leq PM_{-100}\,, \\ 0, & si & PM_{-100} < I \leq PM_{+100}\,, \\ 1, & si & PM_{-100} < I \leq PM_{+100}\,, \\ 1, & si & PM_{-100} < I \leq CSI_{-\delta}\,, \\ \frac{CSI_{+100} - I}{CSI_{+100} - CSI_{-100}}, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{+100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{+100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{+100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{-100}\,, \\ 0, & si & CSI_{-100} <$$

$$\mu_{muy \ grande} \left(I \right) = \begin{cases} 0, & si & I \leq CSI_{-100}, \\ \frac{I - CSI_{-100}}{CSI_{+100} - CSI_{-100}}, & si & CSI_{-100} < I \leq CSI_{+100}, \end{cases}$$

$$1, & si & CSI_{+100} < I.$$

Por otro lado, la variable lingüística de entrada que se relaciona con los recuperados es la siguiente:

$$l_{R} = \{R(t), [0, N_{h}], T_{2}(R(t)), g_{2}, M_{2}\};$$

donde los términos lingüísticos son: $T_2(R(t)) = \{\text{"pequeño"}, \text{"grande"}\}$. La regla sintáctica g_2 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía que definimos en la figura (5.2), los cuales están asociadas a los términos lingüísticos que definimos en $T_2(R(t))$. Mientras que, M_2 es dada por las siguientes funciones que mostramos en la ecuación (5.5):

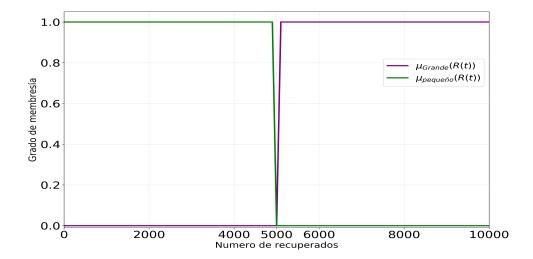


Figura 5.2: Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_2(R(t))$.

$$\mu_{pequeño}(R) = \begin{cases} 1, & si & R \leq CR_{-100}, \\ \frac{CR - R(t)}{CR - CR_{-100}}, & si & CR_{-100} < R \leq CR, \\ 0, & si & CR < R. \end{cases}$$

$$\mu_{grande}(R) = \begin{cases} 0, & si & R \leq CR, \\ \frac{R - CR}{CR_{+100} - CR}, & si & CR < R \leq CR_{+100}, \\ 1, & si & CR_{+100} < R. \end{cases}$$

$$(5.5)$$

Variables lingüísticas de salida.

En esta parte definiremos las variables lingüísticas de salida, las cuales corresponden a los parámetros de control u_1 , u_2 y u_3 .

Para el parámetro de control u_1 y u_3 , asociados a las estrategias descacharrización y fumigación, usaremos la siguiente variable lingüística de salida:

$$l_{u_{1,3}} = \left\{ u_{1,3}, \left[0,1\right], T_{u_{1,3}}\left(u_{1,3}\left(t\right)\right), g_{u_{1,3}}, M_{u_{1,3}}\left(u_{1,3}\left(t\right)\right) \right\};$$

donde $T_{u_{1,3}}$ tiene 3 términos lingüísticos, $T_{u_{1,3}} = \{\text{"pequeño"}, \text{"medio"}, \text{"grande"}\}$. Mientras que la regla sintáctica $g_{u_{1,3}}$ que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía que definimos en la figura (5.3), los cuales están asociadas a los términos lingüísticos que definimos en $T_{u_{1,3}}$. Y $M_{u_{1,3}}$ está dada por las funciones (5.6) - (5.7):

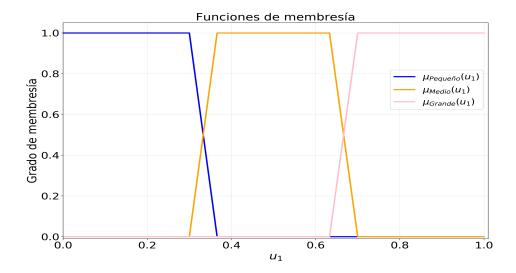


Figura 5.3: Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_{u_{1,3}}(u_{1,3}(t))$.

$$\mu_{pequeño}\left(u_{1,3}\right) = \begin{cases} 1, & si & u_{1,3} \leq 0.3, \\ \frac{(0.366 - u_{1,3})}{0.366 - 0.3}, & si & 0.3 < u_{1,3} \leq 0.366. \\ 0, & si & 0.366 < u_{1,3}, \end{cases}$$

$$\mu_{medio}\left(u_{1,3}\right) = \begin{cases} 0, & si & u_{1,3} < 0.3, \\ \frac{(u_{1,3} - 0.3)}{0.366 - 0.3}, & si & 0.3 < u_{1,3} \leq 0.366, \\ 1, & si & 0.366 < u_{1,3} \leq 0.633, \\ \frac{(0.7 - u_{1,3})}{0.7 - 0.633}, & si & 0.633 < u_{1,3} \leq 0.7, \\ 0, & si & 0.7 < u_{1,3}, \end{cases}$$

$$(5.6)$$

$$\mu_{grande} (u_{1,3}) = \begin{cases} 0, & si & u_{1,3} \le 0.633, \\ \frac{u_{1,3} - 0.633}{0.7 - 0.633}, & si & 0.633 < u_{1,3} \le 0.7, \\ 1, & si & 0.7 < u_{1,3}. \end{cases}$$
(5.7)

La segunda variable lingüística, la cual está asociada a la estrategia de hospitalización u_2 se define de la siguiente manera:

$$l_{u_2} = \{u_2, [0, 1], T_{u_2}(u_2(t)), g_{u_2}, M_{u_2}(u_2(t))\};$$

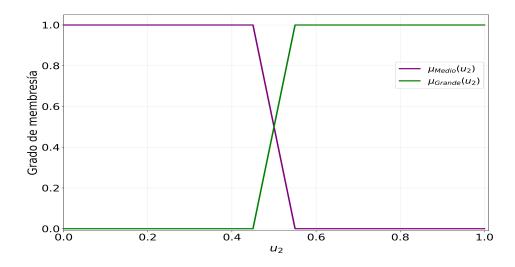


Figura 5.4: Funciones de membresía para los conjuntos difusos asociados a los términos lingüísticos $T_{u_2}(u_2(t))$.

donde T_{u_2} tiene 2 términos lingüísticos, $T_{u_2} = \{\text{``medio''}, \text{``grande''}\}$. La regla sintáctica g_{u_2} que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía que definimos en la figura (5.2), los cuales están asociadas a los términos lingüísticos que definimos en T_{u_2} . Y M_{u_2} es dada por las funciones definidas en (5.8):

$$\mu_{medio}(u_2) = \begin{cases} 1, & si & 0 < u_2 \le 0.45, \\ \frac{(0.55 - u_2)}{0.55 - 0.45}, & si & 0.45 < u_2 \le 0.55. \\ 0, & si & 0.55 < u_2 \end{cases}$$

$$\mu_{grande}(u_2) = \begin{cases} 0, & si & u_2 < 0.45, \\ \frac{(u_2 - 0.45)}{0.55 - 0.45}, & si & 0.45 < u_2 \le 0.55, \\ 1, & si & 0.55 < u_2. \end{cases}$$

$$(5.8)$$

5.2.3. Fuzzificación

La fuzzificación para nuestro modelo es una fuzzificación por disparo individual, dado que a partir de las entradas "I(t)" y "R(t)" se calcula el grado de membresía para cada uno de los conjuntos difusos de la variable correspondiente. Proponemos dividir la propagación de la epidemia en cinco etapas: inicial, brote, clímax, persistencia y cierre. Más aun, las etapas de la epidemia quedarán definidas en términos de las variables lingüísticas de entrada I(t) y R(t) [40]. Es decir, definimos las etapas de la epidemia de la siguiente manera:

- Etapa inicial. Solo unas pocas personas están infectadas por la epidemia y las personas recuperadas son pocas, *i.e.* I(t) es pequeño y R(t) es pequeño.
- Etapa de brote. Las personas infectadas aumentan dramáticamente, *i.e.* I(t) es medio y R(t) es pequeño.
- Etapa de clímax. En la etapa de clímax, el número de personas infectadas alcanza el máximo, *i.e.* I(t) es muy grande y R(t) es pequeño.
- Etapa de persistencia. La propagación se restringe y el número de personas infectadas comienza a reducirse, *i.e.* I(t) es grande y R(t) es pequeño.
- Etapa de cierre. Las personas infectadas disminuye notablemente, la mayoría tiene inmunidad y por tanto habrá una gran cantidad de recuperados, *i.e.* R(t) es grande.

A manera de ejemplo, supongamos que en algún instante t las entradas tienen los siguientes valores, $I(t)=1{,}075.5$ y $R(t)=1{,}000$, entonces $\mu_{peque\~no}\left(I(t)\right))=0.75$, $\mu_{medio}\left(I(t)\right))=0.25$ y en los demás conjuntos difusos, la función de membresía, al ser evaluada tendrá un valor de cero, mientras que $\mu_{peque\~no}\left(R(t)\right)=1$ y $\mu_{grande}\left(I(t)\right)=0$.

5.2.4. Reglas difusas propuestas.

Para diseñar las reglas difusas que usaremos en este trabajo, nos basamos en el trabajo de [40]. Es importante tener en cuenta el estado en el que se encuentra la epidemia, es decir, en cada etapa de la epidemia la tasa de contacto, hospitalización y fumigación tendrán diferentes tamaños. Las reglas difusas propuestas para el control difuso son las mostradas en el cuadro (5.2).

Reglas	si $I(t)$ es	$\sin R(t)$ es		u_1 es	u_2 es	u_3 es
1	pequeño	pequeño	\Rightarrow	pequeño	mediano	grande
2	medio	pequeño	\Rightarrow	mediano	grande	mediano
3	muy grande	pequeño	\Rightarrow	grande	grande	pequeño
4	grande	pequeño	\Rightarrow	grande	grande	mediano
5		grande	\Rightarrow	mediano	mediano	grande

Cuadro 5.2: Reglas difusas propuestas para el control difuso en el modelo SIR-SI (Eqs. (5.1)-(5.2)).

Supongamos que en algún instante t las entradas entran con los siguientes valores, I(t) = 1075.5 y R(t) = 1000. Al evaluar el valor de I(t) en los valores de membresía propuestos en (5.3) obtenemos:

$$\begin{split} &\mu_{\text{peque\~no}}\left(I\right) = 0.75 \quad \text{y} \quad \mu_{\text{medio}}\left(I\right) = 0.25 \,, \\ &\mu_{\text{grande}}\left(I\right) = 0 \qquad \text{y} \quad \mu_{\text{muy grande}}\left(I\right) \, = 0 \,. \end{split}$$

Por otro lado, si evaluamos el valor de R(t) en los valores de membresía propuestos en (5.5), obtenemos:

$$\mu_{\text{pequeño}}(R) = 1$$
 y $\mu_{\text{grande}}(R) = 0$.

Con estos valores de membresía haremos la evaluación en cada una de las reglas difusas descritas en el cuadro (5.2) con los mismos valores de entrada. Para obtener

las inferencias de cada regla, destacaremos que debido a los valores de entrada de I(t) al evaluarlo en las funciones de membresía de grande y muy grande son cero, entonces el conjunto difuso conclusión para las reglas que involucran dichos términos tendrá una función de membresía de cero para todos los valores en el universo de discurso. Esto implica que aquellas reglas que involucran los términos grande y muy grande no contribuirán a la unión de las funciones de membresía la cual se usa para obtener la función de membresía de la conclusión final. En este sentido podemos decir que dichas reglas quedan "inactivas". No obstante, esto ocurre también para el valor de R(t), teniendo una membresía de 0 en el conjunto difuso grande. Por lo tanto, el proceso se reduce a solo hacer la inferencia de dos reglas difusas "activas", las cuales son las siguientes:

$$R^1$$
: **Si** $I(t)$ es pequeño **y** $R(t)$ es pequeño,
entonces u_1 es pequeño **y** u_2 es medio, **y** u_3 es grande.
 R^2 : **Si** $I(t)$ es medio **y** $R(t)$ es pequeño,
entonces u_1 es mediano **y** u_2 es grande **y** u_3 es mediano. (5.9)

De estas dos reglas difusas tendremos seis inferencias, debido a que hay tres variables lingüísticas de salida (recordemos que obtenemos un conjunto difuso por cada variable de salida). Las funciones de membresía para la conclusión de cada regla las expresamos de la siguiente forma:

$$R^{1} = \begin{cases} C_{1}^{1} & := \mu_{\text{pequeño}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(u_{1}\right), \\ C_{2}^{1} & := \mu_{\text{pequeño}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{medio}}\left(u_{2}\right); \\ C_{3}^{1} & := \mu_{\text{pequeño}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{grande}}\left(u_{3}\right), \\ C_{1}^{2} & := \mu_{\text{medio}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{mediano}}\left(u_{1}\right), \\ C_{2}^{2} & := \mu_{\text{medio}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{grande}}\left(u_{2}\right); \\ C_{3}^{2} & := \mu_{\text{medio}}\left(I\right) \land \mu_{\text{pequeño}}\left(R\right) \land \mu_{\text{mediano}}\left(u_{3}\right). \end{cases}$$

En las figuras (5.5) podemos observar la forma de las funciones de membresía para la conclusión de cada una de las dos reglas; las cuales son el resultado de evaluar los datos numéricos para las entradas de I(t) = 1,075.5 y R(t) = 1,000 en las reglas del cuadro (5.2), realizar el corte en las funciones de membresía para los controles u_1 , u_2 y u_3 . Las imágenes en la figura (5.5), sub-figuras (a), (b) y (c) corresponden

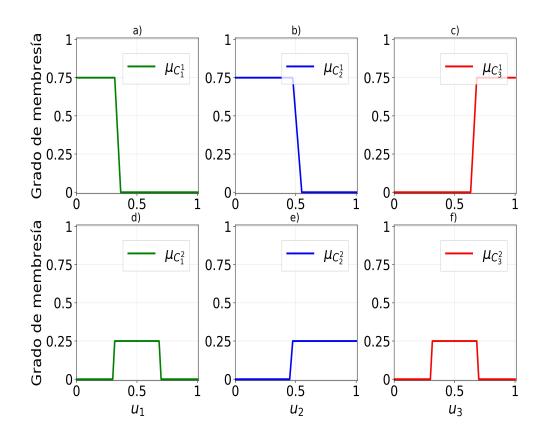


Figura 5.5: Funciones de membresía para las inferencias de cada una de las reglas en (5.9), aplicadas en el modelo SIR-SI (Eqs. (5.1)-(5.2)).

a las inferencias que se hacen a partir de la regla 1. Por otro lado, las sub-figuras (d), (e) y (f) corresponden a las inferencias resultantes de la regla 2. Además, las sub-figuras (a) y (d) son las funciones de membresía resultantes para u_1 , (b) y (e) son las funciones de membresía resultantes para u_2 y las sub-figuras (c) y (f) son las funciones de membresía para u_3

De estas funciones de membresía generadas para las conclusiones C_j^i , con i=1,2 y j=1,2,3, obtenemos como resultado las funciones de membresía conclusión $\mu_{C_j^i}$ con j=1,2,3. Es decir, serán 3 conjuntos difusos, uno por cada parámetro u_1, u_2 y u_3 . El resultado lo mostramos en la figura (5.6), la cual es construida a partir de la unión de los conjuntos difusos con funciones de membresía mostradas en (5.5).

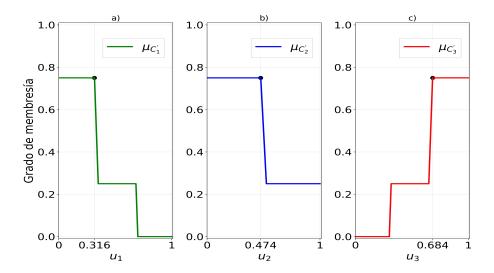


Figura 5.6: Función de membresía para el conjunto conclusión C'_j , la cual se forma a partir de la unión de conjuntos difusos representados por las funciones mostradas en la figura (5.5) y a partir de la cual se obtienen conjuntos difusos para los parámetros de u_1, u_2 y u_3 del controlador difuso para el modelo SIR-SI (Eqs. (5.1)-(5.2)).

A continuación definiremos el proceso de defuzzificación que empleamos en este trabajo.

5.2.5. Defuzzificación.

El proceso de defuzzificación que emplearemos en este trabajo será una modificación del método media del máximo. En lugar de devolvernos el promedio entre los elementos del conjunto que tienen un grado de membresía máximo, la modificación será que el proceso de defuzzificación nos arrojará un número aleatorio entre los elementos del conjunto que tienen un grado de membresía máximo. Además, este conjunto de elementos tendrán una distribución uniforme, es decir, cada elemento tendrá la misma probabilidad de ser un elemento de salida.

A manera de ejemplo, recordemos los conjuntos difusos con sus funciones de membresía representados en la figura (5.6). Para la sub-figura (a), la función de membresía alcanza su máximo en 0.75, en el intervalo [0,0.316] por lo que su proceso de defuzzificación nos dará un número aleatorio dentro de dicho intervalo; por lo tanto, u_1 será seleccionado de forma aleatoria en dicho intervalo. Mientras que para

la sub-figura (b) de la misma figura (5.6), también alcanza su máxima membresía en el valor de 0.75, pero ahora en el intervalo [0, 0.474], por lo que u_2 será seleccionado en ese intervalo. El proceso de defuzzificación para la sub-figura (c) es igual a como se explicó en los 2 incisos pasados.

5.3. Función de costos.

Una vez definido el controlador difuso, es normal pensar que estos valores de salida que actúan como acciones de control generarán algún tipo de costo, principalmente económicos. Lo anterior nos motiva a formular la siguiente pregunta: ¿implementar un control difuso generará más costos que al no aplicarlo? Podríamos pensar que el costo será mayor porque se realizarán más esfuerzos para tomar medidas contra la epidemia. Sin embargo, para poder responder a la pregunta con certeza, propondremos funciones de costos para el modelo con control difuso y para el modelo que no tiene control, así determinaremos si es mejor aplicar el control difuso o no.

Las funciones de costos que proponemos para los modelos son las que mostramos en las ecuaciones (5.10) y (5.11). Donde la ecuación (5.10) nos describe la función de costos para un modelo en que no hay control. Mientras que la ecuación mostrada en (5.11) representa la función de costos con control:

$$J_1(t) = \int_0^T A_1 * I(t)dt, \qquad (5.10)$$

$$J_2(t) = \int_0^T \left(A_2 * I(t) + B * u_1^2(t) + C * u_2^2(t) + D * u_3^2(t) \right) dt; \tag{5.11}$$

donde T es el tiempo total que durará la epidemia (o tiempo de observación). Para J_1 , su costo dependerá únicamente del costo que generen los infectados, es decir, la integral de la curva de todos los infectados en el transcurso de tiempo T, mientras que A_1 es una constante de peso en el grupo infectado (el costo para que un enfermo se recupere).

Por otro lado, el costo de J_2 dependerá de la integral de la curva de todos los infectados en el transcurso de tiempo T, multiplicada por una constante de peso A_2 y el valor que tengan los controles u_i con i=1,2,3, por sus contantes de peso. El parámetro B es una constante de peso para los esfuerzos de prevención (descacharrización), C es una constante de peso para los tratamientos y D es una constante de peso para las fumigaciones, las cuales en conjunto regularizan el control [42].

Para fines técnicos, supondremos que el costo de la prevención, los efectos secundarios del tratamiento y las fumigaciones se dan en forma cuadrática en la función

de costo. Es decir, Bu_1^2 representa el costo de la descacharrización. Esta metodología también se aplica en los otros dos parámetros para saber su costo total. Vale la pena destacar que el tiempo T podemos verlo como una suma finita de tiempos t_i , donde t_i nos representará el número de días en el que aplicamos control difuso.

En este trabajo de tesis asumiremos que todas las constantes de peso tienen el valor $A_1 = A_2 = B = C = D = 1$. En la siguiente sección hablaremos de la optimización para aplicar el control difuso, es decir, cada cuantos días es mejor aplicarlo.

5.4. Optimización.

Los modelos de control óptimo son útiles porque las estrategias de control se pueden aplicar en un intervalo finito y proponer la mejor estrategia para reducir la magnitud de una epidemia. Esto es económico y eficiente ya que podemos apuntar a un período de tiempo crítico para los vectores, que depende de la temporada [43]. Sin embargo, para que una estrategia de control sea eficiente, se debe de buscar el momento idóneo de su implementación, es decir, que la epidemia tenga el mayor descenso posible (reflejado en la curva de infectados).

Hasta este momento, contamos con dos modelos SIR-SI; uno con control difuso y otro que no lo tiene. Por lo que consideramos importante e interesante realizar una comparación entre estos dos modelos. En este sentido, veremos qué modelo es mejor en base al costo que genera cada modelo con ayuda de las ecuaciones (5.10) y (5.11).

5.4.1. Análisis paramétrico del modelo SIR-SI con control difuso.

La finalidad de realizar las comparaciones de nuestros modelos es dilucidar cuál es el instante de tiempo conveniente para aplicar el control difuso, es decir, buscamos el valor más pequeño de la función de costos (5.11) para el modelo SIR-SI con control difuso, en comparación a la que no lo tiene (5.10).

Así que realizaremos un análisis paramétrico, para poder obtener dicho intervalo de días. Los costos obtenidos son los que mostramos en la gráfica de la figura (5.7).

Supongamos que "Cantidad de días en los que se aplica el control" nos situamos en el valor 20, entonces el "valor de la función de costos" en dicha posición es el costo que se generó al aplicar el control difuso cada 20 días en un tiempo de estudio de 180 días. Es decir, en este ejemplo, se aplica control en los días 20, 40, 60, 80, 100, 120, 140 y 160. Donde las condiciones iniciales que se usan para cada simulación



Figura 5.7: Funciones de costos, la línea naranja es la función del modelo sin control expresada en (5.10) y la línea azul representa a la función de costos expresada en la ecuación (5.11).

son S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0; y los valores de las variables de control son $u_i = 0$ con i = 1, 2, 3. Mientras que los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1).

Cabe señalar que, si el control difuso se aplica antes de que el modelo SIR-SI sin control alcance su máximo en la curva de infectados, la curva de infectados del modelo con control difuso tendrá un máximo más pequeño. Esto se debe a que las estrategias de control actúan de forma eficiente, evitando que la curva de infectados crezca y en consecuencia el gasto generado en un modelo con control difuso llega a ser menor.

A manera de ejemplo, observemos la figura (5.8); si nos situamos en "Cantidad de días en los que se aplica el control" con un valor de 1, significa que el control difuso se aplicó diariamente en un periodo de 180 días; el eje "Diferencias de los máximos" en dicha posición es la diferencia entre; el máximo (de la curva de infectados) del modelo sin control menos el máximo (de la curva de infectados) del modelo al que se le aplico control difuso.

Por lo tanto, de la figura (5.7) concluimos que el intervalo de días en los que es conveniente aplicar el control difuso es de 1 a 36 días. Si aplicamos control en un rango de días superior a este intervalo, el control será ineficiente comparado con el



Figura 5.8: Discrepancias entre el máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI menos el máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI con control difuso.

modelo SIR-SI sin control.

Cabe señalar que como el proceso de defuzificación conlleva un proceso aleatorio, aplicaremos un ensamble de simulaciones para confirmar que el intervalo es el correcto. Para ello haremos un ensamble de 100 simulaciones, y los resultados de dicho ensamble de simulaciones lo mostramos en la figura (5.9). Notemos que al aplicar control difuso después de los 36 días termina generando un mayor gasto al aplicar control. Por lo tanto, la mejor opción para emplear un control difuso es aplicarlo cada dos días ya que como podemos observar en la figura (5.9), la función de costos de la ecuación (5.11) llega a su mínimo global. Es decir, de 100 simulaciones nos arrojó un costo promedio de 54,309.40 contra el promedio del costo de no aplicar control que es de 70,099.79, con una discrepancia de 15,790.39, una cifra más que considerable. Cabe señalar que las condiciones iniciales para todas las simulaciones fueron: S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0; los valores de

los parámetros del modelo SIR-SI fueron los mostrados en el cuadro (2.1), y consideramos que al inicio de la epidemia, los parámetros de control son $u_i = 0$ con i = 1, 2, 3.

Es importante destacar que, del resultado mostrado en la gráfica (5.9), podemos observar un mínimo local de la ecuación (5.11), el cual se localiza cuando se aplica control cada 19 días. Este resultado es más eficiente que aplicarlo cada 11 días en adelante. Por lo tanto, aplicar control difuso cada 2 días es la forma más eficiente de implementarlo, sin embargo, aplicarlo cada 19 días también es una buena opción.



Figura 5.9: Valores promedio, sobre el ensamble de las 100 simulaciones del modelo SIR-SI con control (5.1)-(5.2), de las funciones de costo (5.10) y (5.11) y aplicando el control cada x días indicado en el eje x.

Adicionalmente, en la figura (5.10) observamos la diferencia entre los valores máximos de las curvas de infectados cuando se aplica y no se aplica el control difuso; de donde notamos que, al aplicar el controlador cada 19 días, la diferencia de los máximos vuelve a incrementarse, corroborando así la existencia del mínimo local.

Las gráficas en la figura (5.11) muestran el valor promedio de los parámetros de control u_i dentro del ensamble de 100 simulaciones. Los resultados de estas gráficas muestran el caso en que el controlador difuso se aplicó cada dos días. El eje "días" es el tiempo total por cada simulación (en este caso 180 días), el control se fue aplicando cada 2 días (representado por cada punto), entonces, los parámetros de control u_i con i = 1, 2, 3 son aquí una función constante a trozos cuyo valor conmuta cada dos

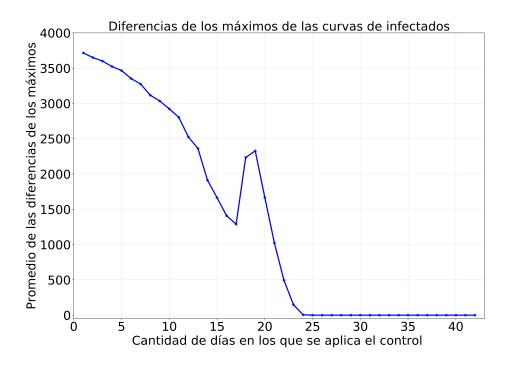


Figura 5.10: Valores promedios de las diferencias entre el valor máximo de la curva de infectados de un modelo SIR-SI sin control menos el promedio de los máximos de las curvas de infectados de un modelo SIR-SI con control difuso (5.1)-(5.2).

intervalos de tiempo. Cabe señalar que los resultados mostrados en estas gráficas para los parámetros de control son valores promedio sobre el ensamble de las 100 simulaciones del modelo SIR-SI expresado por las ecuaciones (5.1)-(5.2).

Por otro lado, las gráficas que mostramos en la figura (5.12), nos muestran los valores promedio de los parámetros de control u_i (con i=1,2,3) en el ensamble de 100 simulaciones del modelo SIR-SI con control difuso, expresado por las ecuaciones (5.1)-(5.2). El eje "Tiempo (días)" es el tiempo total por cada simulación (en este caso 190 días) en el que se aplicó el control difuso. Estas gráficas muestran el valor promedio de las variaciones de los parámetros de control en un periodo de cada 19 días, es decir, cada parámetro tiene un valor constante en un periodo de 19 días, al pasar los 19 días los parámetros cambiaran su valor (valor que es representado por cada punto). En comparación con las gráficas de la figura (5.11), podemos observar

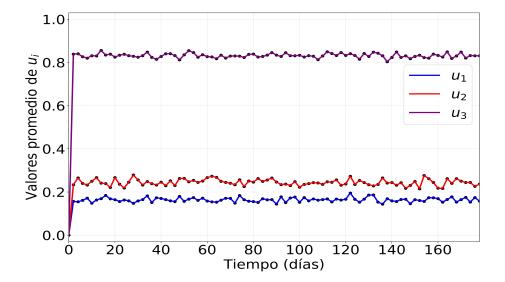


Figura 5.11: Valores promedio de los parámetros de control u_1 , u_2 y u_3 que obtuvimos en la ejecución del ensamble de 100 simulaciones del modelo SIR-SI (5.1)-(5.2), se aplica control difuso cada 2 días.

que en la figura (5.12) entra a dos etapas de la epidemia (etapas que definimos en el cuadro (5.2)); al aplicar el primer control, se aplica la regla 4 (regla correspondiente a la etapa de persistencia); después se aplica solamente la regla 1. Mientras, la figura (5.11) solo se queda en la etapa inicial, es decir, solo se queda aplicando la regla 1 (del cuadro (5.2)), por lo tanto, los parámetros de control tienen valores que son obtenidos solo en la etapa inicial de la epidemia.

Por último mostraremos una simulación del modelo SIR-SI con control difuso representado por las ecuaciones (5.1)-(5.2); las simulaciones que presentaremos serán para los casos en los que la función de costos expresada por la ecuación (5.11) alcanzo su mínimo global y el mínimo local, los cuales como ya mencionamos; son al aplicar el control difuso cada 2 días y cada 19 días, respectivamente.

La simulación que mostramos en la figura (5.13) es cuando aplicamos el control difuso cada 2 días, vemos que la epidemia (reflejada en la curva de infectados) tarda más tiempo en crecer y en alcanzar su máximo, el máximo lo alcanza en el día 90 con un valor de 899.81 infectados. En comparación con el modelo SIR-SI sin control, el cual es representado en la misma figura pero las gráficas tienen colores "diluidos"; cuya epidemia alcanza su máximo con un valor de 4,502 infectados, en este sentido

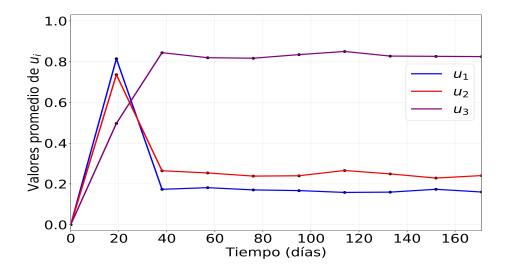


Figura 5.12: Valores promedio de los parámetros de control u_1 , u_2 y u_3 que obtuvimos en la ejecución del ensamble de 100 simulaciones, se aplica control difuso cada 19 días.

vemos que el valor de las discrepancias entre sus máximos del modelo SIR-SI sin control menos el máximo del modelo SIR-SI con control es de 3,602.19, una cifra más que considerable. Sin embargo, la epidemia del modelo con control difuso tarda más en desaparecer, teniendo un valor final (al llegar a los 180 días) de 50 personas infectadas, el cual irá descendiendo como lo vemos en las gráficas, no obstante para el modelo sin control; al llegar a los 180 días la curva de infectados tiene un valor de 0 infectados, lo cual significa que en ese momento la epidemia a concluido. Además, la función costos del modelo con control difuso expresada por la ecuación (5.11) tiene un valor total de 53,568.71, mientras que la función de costos del modelo sin control obtuvo un costo total de 70,099.79, es decir, el modelo con control difuso tuvo un costo menor.

Por otra parte, la figura (5.14) es la simulación de aplicar control difuso cada 19 días (donde se alcanza el mínimo local de la función de costos expresada en la ecuación (5.11)), donde las gráficas con tonos de color "diluido" representan un modelo SIR-SI sin control y las gráficas con colores "concentrados" representan el modelo SIR-SI al aplicar control difuso (representado por las ecuaciones (5.1)-(5.2)). El eje "Tiempo (días)" nos representa el tiempo total que duro la epidemia, en este caso fue un total de 190 días. Durante el tiempo que tardo la epidemia, observamos

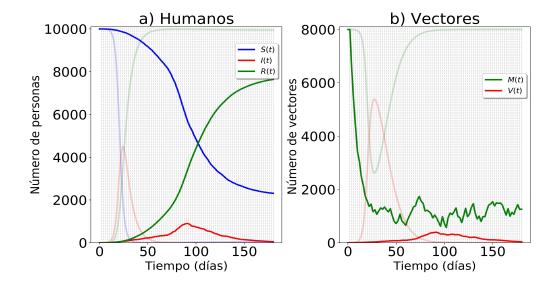


Figura 5.13: Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1)-(5.2)) aplicado cada 2 días. con condiciones iniciales S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con i = 1, 2, 3.

que el modelo con control difuso, alcanzo un máximo de infectados con un valor de 2,173.69 el cual lo obtiene en el día 19, es decir, en este momento los parámetros de control u_i se les asignan valores asociados a la etapa de persistencia (asociados a la cuarta regla definida en el cuadro (5.2). No obstante, como al aplicar por primera vez el control difuso (en los primeros 19 días); la cantidad de infectados es grande (2,173.69), por consecuencia las estrategias de control tendrán valores grandes (para poder controlar la epidemia), ocasionando que el número de infectados baje de manera significativa y rápidamente, por lo que al aplicar el control difuso por segunda vez (en el día 38) el número de infectados desciende hasta 220.5, el cual es un descenso significativo. Una vez que el descenso llego a 220.5, los parámetros de control se quedan en la etapa inicial (regla 1 del cuadro (5.2)) el resto de días. Sin embargo, como el valor de los parámetros para la etapa inicial son valores pequeños (es decir, hay poco control), ocasiona que surja un rebrote (el cual se define como un reincremento en la cantidad de infectados) que alcanza un máximo con un valor de 858.77 en el día 64. Cabe señalar que al llegar al día 190, la cantidad infectados del modelo SIR-SI con control tiene un número de 2.69, lo cual podemos decir que en ese momento la epidemia está a punto de desaparecer. Mientras que en el modelo SIR-SI sin control, la epidemia se termina a partir del día 120, es decir, en el día 120 en adelante la curva de infectados tiene un valor de 0. Por último, cabe destacar que los valores generados por las funciones de costos fueron de; para la función de costos con control expresada por la ecuación (5.11) tuvo un costo de 55,984.45, mientras que la función de costos expresada por fue (5.10) de 70,099.8, generando una discrepancia de 14,115.35. El costo generado por esta simulación es un costo no muy lejano al que se obtuvo en el mínimo global, lo que significa que el mínimo local también es una muy buena opción, debido a que genera menos costos, la epidemia casi se erradica en su totalidad y el número de infectados es pequeño.

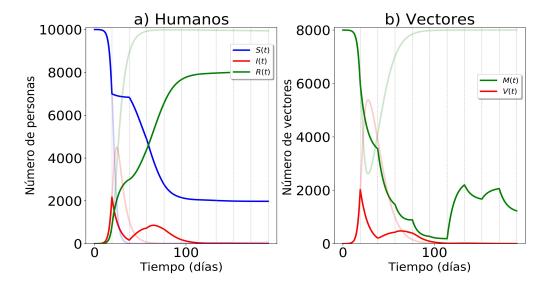


Figura 5.14: Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1)-(5.2)) aplicado cada 19 días. con condiciones iniciales S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con i = 1, 2, 3.

Por último presentamos la figura (5.15), donde las gráficas con tonos de color "diluido" representan un modelo SIR-SI sin control y las gráficas con colores "concentrados" representan el modelo SIR-SI al aplicar control difuso (representado por las ecuaciones (5.1)-(5.2)) cada 12 días. El eje "Tiempo (días)" nos representa el tiempo total que duro la epidemia, en este caso fue un total de 180 días. Podemos observar que en la curva de infectados del modelo con control tiene un máximo y un rebrote; el máximo de la curva de infectados con control es de 1,872.11 en el día 24, es decir, al aplicar el control difuso por segunda vez (en el día 24); se estaría

aplicando justo en la etapa de persistencia. No obstante la gráfica vuelve a tener un segundo incremento en la curva de infectados, el cual alcanza un máximo con un valor de 1,199.29 infectados en el día 42 y al aplicar el cuarto control difuso (en el día 48); los infectados tienen un valor de 1,150.07 por lo que se aplica el control definido para la etapa de brote (regla 2 del cuadro (5.2)), en los demás casos los parámetros de control tienen valores generados por la etapa inicial (regla 1 de la tabla (5.2)). Además, en esta simulación a partir del día 166 en adelante, el valor de la curva de infectados es menor a 1; lo que significa que la epidemia ha terminado. Cabe destacar que el costo generado en esta simulación al aplicar control difuso cada 12 días fue de 59,386.73.

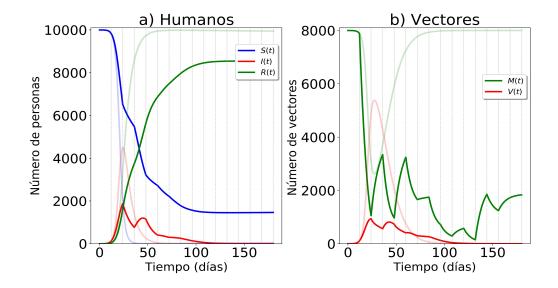


Figura 5.15: Simulación del modelo SIR-SI con control difuso (expresado por las ecuaciones (5.1)-(5.2)) aplicado cada 12 días. con condiciones iniciales S(t) = 10,000, I(t) = 1, R(t) = 0, M(t) = 8,000, V(t) = 0, los valores de los parámetros que utilizamos son los que enunciamos en el cuadro (2.1) y $u_i = 0$ con i = 1, 2, 3.

Para terminar, haciendo una comparativa entre las figuras (5.15) y (5.14), podemos notar que la simulación al aplicar cada 19 días es más eficiente, debido a que el costo generado por este modelo es menor que aplicar el control difuso cada 12 días. Además, al aplicar control difuso cada 19 días solo llegara a la etapa de brote y después descenderá para quedarse solamente en la etapa inicial, mientras que la simulación de aplicar control cada 12 días estará en 3 etapas de la epidemia, los cuales serán el brote, la persistencia y la etapa inicial. Las etapas de la epidemia son

indicadores de que la figura (5.15) tiene un mayor número de infectados que la figura (5.14). Con esto afirmamos que el mínimo local existe al aplicar control difuso cada 19 días y es una muy buena opción.

Capítulo 6

Conclusiones.

El presente trabajo de tesis evalúa el impacto de las estrategias de control en un modelo epidemiológico del dengue SIR-SI con un criterio costo-beneficio, lo cual en otros trabajos de investigación no se realiza o lo realizan de manera separada. Es decir, otros textos de investigación se enfocan en el costo que genera el aplicar un control al modelo epidemiológico del dengue aplicando una sola estrategia de control y fijando el valor de los parámetros de control. Por otro lado, algunos autores solo investigan el impacto sobre la epidemia al considerar controles constantes en el tiempo. Por lo cual podemos decir que juntamos ambas deficiencias encontradas en investigaciones previas para trabajarlas en un mismo trabajo. En este sentido, este trabajo se aproxima un poco más a la realidad; debido a que implementa un control difuso, que como ya sabemos simula la toma de decisiones que serían tomadas por un experto, aplicando las medidas de control en un sentido más realista porque usa a las medidas de control con una intensidad diferente dependiendo de en qué etapas de la epidemia se encuentre. Además no nos detenemos solamente en la construcción del control difuso, también hacemos un análisis de optimización para encontrar el periodo más óptimo para su implementación y por último, pero no menos importante, consideramos el número de infectados que quedan al final de nuestro estudio con la finalidad de prevenir un rebrote. En base a este trabajo podemos mencionar las siguientes conclusiones de manera sintetizada:

Se demostró que la implementación de las estrategias de control; las cuales fueron la descacharrización, la mejora de los servicio de hospitalización y la fumigación en contra de mosquitos, tienen un alto impacto en el proceso de combatir y erradicar una epidemia de dengue, por lo cual es importante implementarlas en un modelo con control (tal y como lo mencionamos en la sección 2.7) y en un control difuso (tal y como lo demostramos en las simulaciones a lo largo del capítulo 5).

Respecto a la pregunta de qué estrategia de control es mejor, comprobamos y mostramos que las estrategias de alto impacto son la descacharrización y la fumigación de vectores (mosquitos). Dicho impacto se ve reflejado en la figura (2.5), las cuales cuando se implementan juntas son capaces de controlar la epidemia. Sin embargo, la implementación de las tres estrategias causa un mayor impacto en la epidemia; de modo que la dinámica entre mosquitos y humanos se ve más reducida, esto lo mostramos en la sección 2.7 y en las figuras en donde se implementa el control difuso (ver figuras (5.13), (5.14) y (5.15)).

Si hablamos de la construcción del control difuso para el modelo epidemiológico del dengue; las cotas que se tomaron en cuenta para las simulaciones fueron las apropiadas, debido a que se buscaba mejorar el modelo sin control. Este objetivo se logró y está reflejado en los costos, los cuales logramos reducirlos. Cabe mencionar que el costo es menor (cuando se implementan las estrategias en el tiempo correcto) debido a que la cantidad de infectados es menor.

Lo mencionado en el párrafo anterior también nos da la oportunidad de señalar que para usar el control difuso de manera correcta; es necesario encontrar en que momentos es conveniente implementar las estrategias de control. Aquí podemos mencionar que es importante cumplir con este proceso, pues se detectó que al implementar dichas estrategias de manera incorrecta (por ejemplo, cuando la epidemia este por concluir), se terminará generando un costo mayor y la curva de infectados no desciende de manera significativa.

Sobre la frecuencia de aplicar el control difuso (hacer una evaluación de la epidemia), nos dimos cuenta que al aplicarlo hay una cantidad de días que resulta ser más efectivo comparado con otros días. Este razonamiento se desprendió en base a la función de costos que propusimos (expresada por la ecuación (5.11)). Al mismo tiempo, al buscar el valor mínimo de dicha función de costos mediante la realización de un ensamble de cien simulaciones, observamos la existencia de un mínimo global y un mínimo local, los cuales corresponden al periodo de aplicar el control difuso cada 2 días y cada 19 días, respectivamente.

En torno al tema central del documento se concluye que aplicar el control difuso al modelo epidemiológico del dengue cada 2 días y cada 19 días es la forma más eficiente de aplicarlo. Esto es porque al aplicarlo en esa cantidad de días, la función costos alcanza sus mínimos (global y local, respectivamente). El costo de aplicar control difuso con un periodo de cada 19 días es más costoso que si lo aplicáramos cada 2 días, esto es debido a que cuando se llegan los primeros 19 días, la gráfica de infectados no tiene ningún tipo de control, por lo tanto, la curva de personas infectadas crece drásticamente ocasionando que el costo sea mayor. Sin embargo, aunque las dos son buenas opciones, concluimos que la mejor opción es implementar

el control difuso con una frecuencia de 19 días (aunque tenga un mayor costo). Esto es porque en la fase final del estudio (es decir, al llegar al día 190), la cantidad promedio de infectados tiene un número de 3.27 (cifra obtenida a partir del ensamble de 100 simulaciones), lo cual podemos decir que en ese momento la epidemia está a punto de terminar. Mientras que al aplicar el control difuso con una frecuencia de cada dos días, al llegar a la fase final del estudio (en este caso 180 días), la cantidad promedio de infectados es de 26.77 (cifra obtenida a partir del ensamble de 100 simulaciones), la cual es una cifra pequeña, pero se abre la posibilidad de que puedan surgir rebrotes. Así, concluimos que aplicar el control difuso con un periodo de cada 19 días es la mejor opción; en un caso más realista, lo anterior tiene mayor sentido debido a que, cualquier tomador de decisiones en el sector salud, tiene que esperar un periodo razonable de tiempo para ver el impacto de las estrategias implementadas.

Ahora que hemos respondido las preguntas centrales de nuestro trabajo de tesis, es momento de reflexionar acerca de los obstáculos que se enfrentaron en la implementación de esta propuesta, remarcando que el principal fue encontrar los casos en donde la funcionalidad del control difuso fallaba. Estos casos surgían en el proceso de defuzzificación, si las variables lingüísticas de salida tenían una membresía de 0.5, entonces el proceso de defuzzificación nos arrojaba un conjunto difuso que contemplaba dos etapas en la epidemia. Dicho problema solo se presentaba para la etapa inicial, brote, clímax y persistencia, el cual era un problema para que el control difuso tomará una decisión. Lo anterior fue solucionado haciendo que el proceso de defuzzificación se realice en el conjunto difuso asociado a la primer regla "activa" que se encuentre en orden; etapa inicial, brote, persistencia y clímax.

En cuanto a la ineficiencia del controlador difuso es importante señalar que el controlador difuso se vuelve ineficiente después de aplicarlo en un periodo de 37 días en adelante. Este criterio está basado en la comparación del costo que genera el modelo epidemiológico del dengue con control difuso (expresado por la ecuación (5.11)) y el modelo epidemiológico del dengue sin control (expresado por la ecuación (5.10)).

En relación a lo antes mencionado, algo que se podría mejorar es que el mismo programa encuentre la frecuencia más eficiente para aplicar el control difuso y en base a ello, hacer una retroalimentación para evaluar la intensidad de las estrategias de control.

Otro reto sería que dichas estrategias expuestas en nuestro trabajo de tesis sean aplicadas en zonas endémicas de dengue; debido a que hemos sustentado su funcionalidad en base al ensamble de 100 simulaciones mostrando que existen beneficios en el costo y en la población.

Continuando con la idea anterior, también podríamos mejorar esta propuesta

ampliando nuestro trabajo a una red metapoblacional. Es decir, la idea es extender nuestro modelo que se concentra en una población cerrada (en el sentido de que no se consideran procesos de migración o inmigración) a simular la movilidad de las personas a diferentes zonas geográficas habitadas (en los modelos se les nombra parches), con el fin de buscar una metodología que ayude a mitigar una epidemia de dengue sobre toda la red metapoblacional. En este sentido, implementaríamos un control difuso en una red metapoblacional debido a que se considera más eficiente que un control fijo, ya que las acciones que usa un control difuso son más realista en cuanto a toma de decisiones, aumenta gradualmente a como lo vaya requiriendo la etapa epidemiológica en la que se encuentre la población.

La implementación del control difuso en una red metapoblacional estaría enfocado principalmente en restringir la movilidad entre las distintas poblaciones (parches), específicamente las zonas con más casos de dengue. A manera de ejemplo, podemos hacer que la movilidad se restrinja en el transporte público, haciendo que pase con una menor frecuencia o incluso fijando horarios específicos. En este sentido, consideramos que la movilidad sería la principal variable lingüística a controlar en la problemática, la clasificación de sus términos lingüísticos seria "poca movilidad", "movilidad media" y "mucha movilidad". Sin embargo, no descartamos que al momento de profundizar la investigación observemos que hay otras variables que sean de gran impacto e incluso se podría implementar la teoría de juegos para ver qué estrategia está usando una población específica y en base a eso, las demás poblaciones podrían hacer un análisis de que estrategias les convendría aplicar.

Sobre la experiencia obtenida al realizar la investigación y la redacción de este trabajo, me ha dado la oportunidad de reforzar los conocimientos adquiridos en la licenciatura e ir más allá de ellos, ampliando y adquiriendo nuevos conocimientos. Sin embargo, lo más importante a mencionar es que este trabajo ha sido gratificante, debido a que pude aplicar mis conocimientos en otras áreas y en problemas del mundo real, en este caso la epidemiología. Es gratificante ver que las matemáticas complementan a otras áreas de estudio, arrojando predicciones que pueden ser de gran ayuda para atacar una problemática y no solo eso, las matemáticas cada vez se vuelven más precisas haciendo que los modelos y sus predicciones sean más realistas.

Apéndice A

Anexo

Con la finalidad de que el capítulo 4 sea más claro, a continuación presentaremos un problema, en el cual se hace uso de la teoría de control difuso para su resolución.

Un sastre requiere conocer las medidas de la cintura de una persona y su altura para poder darles la talla de su ropa.

Usando la teoría de control difuso lo primero que debemos hacer es determinar cuáles serán las variables lingüísticas, para ello definiremos 3 variables lingüísticas. La medida de la cintura de la persona y la altura representarán a las variables lingüísticas de entrada y la talla de la ropa de la persona será la variable lingüística de salida.

Primero definimos las variables lingüísticas de entrada, empezamos con la variable asociada a la medida de la cintura:

$$l_1 = \{M.C., U_1 = [80cm, 150cm], T_1(x), g_1, M_1\};$$

donde el término "M.C." representa la medida de la cintura de la persona, el término $T_1(x) = \{ \text{"Pequeña"}, \text{"Grande"} \}$. Mientras que la regla sintáctica g_1 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía mostrados en la figura (A.1); y M_1 es dada por las funciones que presentamos en la ecuación (A.1).

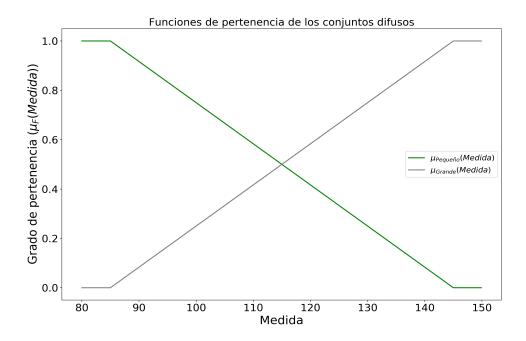


Figura A.1: Funciones de membresía para la entrada M.C., descrito por la ecuación (A.1).

$$\mu_{\text{Pequeña}}\left(\text{M.C.}\right) = \begin{cases} 1, & si & M.C. \leq 85 \\ \frac{145 - M.C.}{145 - 85}, & si & 85 < M.C. \leq 145, \\ 0, & si & 145 < M.C.. \end{cases}$$

$$\mu_{\text{Grande}}\left(\text{M.C.}\right) = \begin{cases} 0, & si & M.C. \leq 85 \\ \frac{M.C. - 85}{145 - 85}, & si & 85 < M.C. \leq 145, \\ 1, & si & 145 < M.C.. \end{cases}$$

$$(A.1)$$

La variable lingüística asociada a la altura se define de la siguiente forma:

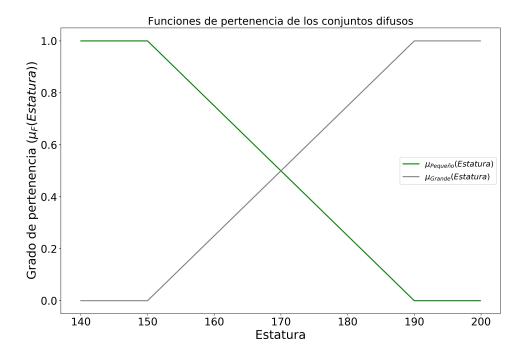


Figura A.2: Funciones de membresía para la entrada "Estatura", descrito por las ecuaciones (A.2) y (A.3).

$$l_2 = \{E, U_2 = [140cm, 200cm], T_2(x), G_2, M_2\};$$

donde E representa la estatura de la persona $T_2(x) = \{\text{"Pequeño"}, \text{"Grande"}\}$. Mientras que la regla sintáctica g_2 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía mostrados en la figura (A.2); y M_2 es dada por las funciones que presentamos en las ecuaciones (A.2) y (A.3).

$$\mu_{\text{Pequeña}} \left(\mathbf{E} \right) = \begin{cases} 1, & si & M.C. \le 150 \\ \frac{190 - E}{190 - 150}, & si & 150 < E \le 190, \\ 0, & si & 190 < E. \end{cases}$$
 (A.2)

$$\mu_{\text{Grande}} (E) = \begin{cases} 0, & si & E \le 150 \\ \frac{E - 150}{190 - 150}, & si & 150 < E \le 190, \\ 1, & si & 190 < E. \end{cases}$$
(A.3)

Por último definiremos la variable lingüística de salida:

$$l_3 = \{Talla, U_3 = [28, 40], T_3(x), G_3, M_3\};$$

donde "Talla" es el nombre de la variable lingüística; $T_3(x) = \{ \text{``Peque\~na"}, \text{``Grande"} \}$. Mientras que la regla sintáctica g_3 que genera los valores lingüísticos está dada por las funciones de membresía mostrados en la figura (A.3); y M_3 es dada por las funciones que presentamos en la ecuación (A.4).

$$\mu_{\text{Pequeña}} \left(\text{Talla} \right) = \begin{cases} 1, & si & Talla \leq 30 \\ \frac{38 - Talla}{38 - 30}, & si & 30 < Talla \leq 38, \\ 0, & si & 38 < Talla . \end{cases}$$
(A.4)

$$\mu_{\text{Grande}}\left(\text{Talla}\right) = \begin{cases} 0, & si & Talla \leq 30\\ \frac{Talla - 30}{38 - 30}, & si & 30 < Talla \leq 38\,,\\ 1, & si & 38 < Talla\,. \end{cases}$$

Ahora supongamos que al control difuso ingresan los siguientes valores de M.C.=100cm y Estatura=150cm, lo cual al realizar la fuzzificación por disparo individual nos da el siguiente resultado:

$$\begin{split} &\mu_{\mathrm{peque\~no}}\left(100cm\right) = 0.75 \quad \mathrm{y} \quad \mu_{\mathrm{grande}}\left(100cm\right) = 0.25\,,\\ &\mu_{\mathrm{peque\~no}}\left(150cm\right) = 1 \quad \ \, \mathrm{y} \quad \mu_{\mathrm{grande}}\left(150cm\right) = 0\,. \end{split}$$

En la figura (A.4) mostramos la parte de la fuzzificación, evaluando en los conjuntos difusos y a su vez obteniendo los valores de membresía de los datos de entrada.

Supongamos que el sastre tiene el conjunto de reglas difusas que mostramos en el cuadro (A.1)

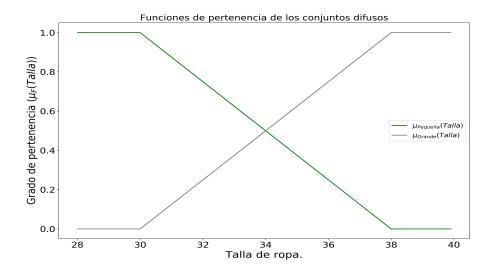


Figura A.3: Funciones de membresía de salida "Talla", descrito por la ecuación (A.4).

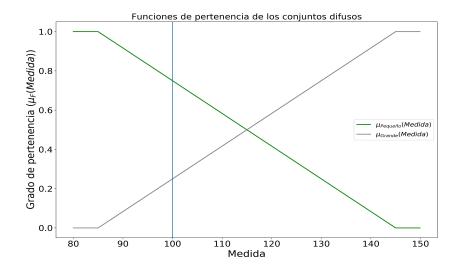


Figura A.4: Fuzzificación de las funciones de membresía asociado a la variable lingüística "M.C." definida en el ejemplo del sastre.

Regla	Si la M.C. es	Si la estatura es		la talla de ropa es
1	pequeña	pequeña	\Rightarrow	pequeña
2	grande	grande	\Rightarrow	grande

Cuadro A.1: Conjunto de reglas difusas para el ejemplo de un del sastre.

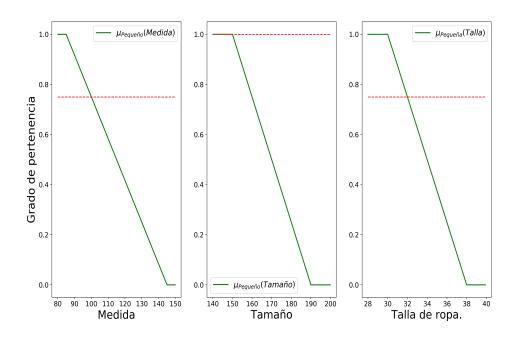


Figura A.5: Proceso de inferencia para la regla 1 definida en (A.1).

Para obtener una conclusión se utilizará el motor de inferencia de Mamdani. El cual como primer paso, realiza una comparativa en los grados de membresía de los antecedentes (cuando ya fueron evaluados en sus conjuntos difusos) de la regla difusa, se queda con el mínimo de los valores de membresía. Después de tener el valor más pequeño se procede a realizar un corte en los conjuntos difusos involucrados en la conclusión, de manera que el conjunto difuso se queda con los valores de membresía que son menores e iguales a dicho mínimo. A manera de ejemplo en la figura (A.5) hay dos valores de membresía, el proceso de inferencia de Mamdani se queda con el valor más pequeño, es decir, se queda con el valor de 0.75 y se realiza el corte, corte que se ve reflejado en la figura (A.6)

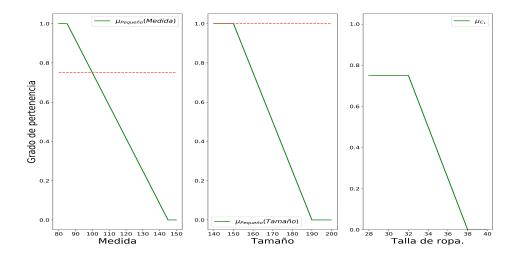


Figura A.6: Inferencia obtenida a partir de la regla 1 definida en (A.1).

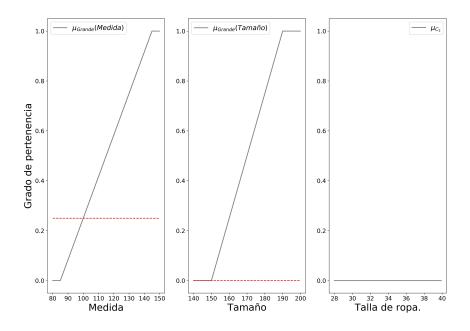


Figura A.7: Inferencia obtenida a partir de la regla 2 definida en (A.1).

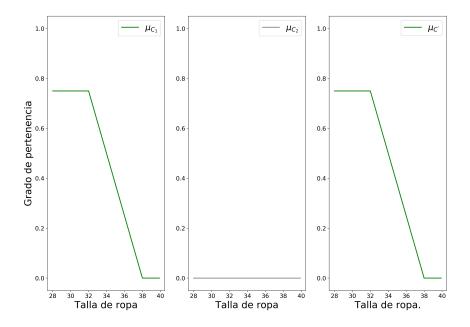


Figura A.8: Conjunto conclusión obtenido a partir de la base de reglas difusas definidas en el cuadro (A.1).

A partir de las inferencias obtenidas por las reglas difusas que presentamos en el cuadro (A.1), se obtuvieron las inferencias que mostramos en la figura (A.8), donde las primeras dos gráficas son las inferencias de cada una de las reglas, respectivamente. La ultima gráfica es el conjunto difuso de conclusión, se obtiene a partir de las inferencias previas realizando la unión de los conjuntos difusos que se obtienen en cada una de la reglas (lo cual se resume en calcular el máximo de los valores de membresía para cada elemento del eje x).

Por último mostramos el proceso de defuzzificación por media del máximo, en la figura (A.9) observamos que el máximo valor de membresía es de 0.75, sin embargo dicho valor se alcanza en todo el intervalo de 28 a 32, calculando la media del máximo tenemos lo siguiente:

$$MM = \frac{32 + 28}{2} = 30;$$

de modo que el proceso de defuzzificación nos daría como resultado que el sastre daría ropa con talla de 30.

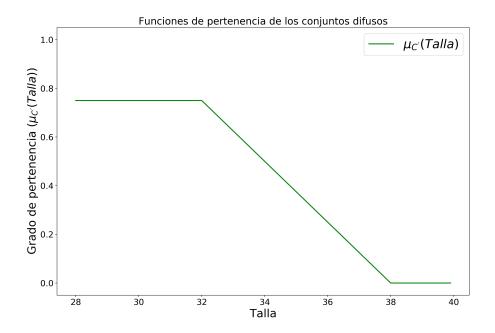


Figura A.9: Conjunto conclusión obtenido por el motor de inferencia difusa de Mamdani.

Bibliografía

- [1] A. Krämer, M. Akmatov, and M. Kretzschmar, "Principles of infectious disease epidemiology". Springer New York, 2009.
- [2] M. J. Keeling and P. Rohani, "Modeling infectious diseases in humans and animals". Princeton University Press, dec 2008.
- [3] A. I. Qureshi and O. Saeed, "Dengue virus disease: From origin to outbreak". Academic Pr, 1 ed., 2019.
- [4] J. B. Silver, "Mosquito ecology". Springer Netherlands, 2008.
- [5] G. Benelli and H. Mehlhorn, "Mosquito-borne diseases". Springer International Publishing, 2018.
- [6] M. Martcheva, "An introduction to mathematical epidemiology". Springer US, 2015.
- [7] A. McIlwaine-Bell, "Mosquito soldiers: Malaria, yellow fever, and the course of the American civil war". Louisiana State university Press, 2010.
- [8] S. Ibáñez-Bernal and H. Gómez-Dantés, "Los vectores del dengue en México: Una revisión crítica," vol. 37, nov 1995.
- [9] H. Singh and J. Dhar, "Mathematical population dynamics and epidemiology in temporal and spatio-temporal domains". Apple Academic Press, dec 2018.
- [10] R. P. Henquin, "Epidemiologia y estadistica para principiantes". Corpus, 2013.
- [11] P. Manfredi and A. D'Onofrio, eds., "Modeling the interplay between human behavior and the spread of infectious diseases". Springer New York, 2013.
- [12] A. Stewart, "Basic statistics and epidemiology". CRC press, apr 2018.

- [13] M. Y. Li, "An introduction to mathematical modeling of infectious diseases". Springer International Publishing, 2018.
- [14] F. Brauer and C. Castillo-Chavez, "Mathematical models in population biology and epidemiology". Springer New York, 2012.
- [15] G. L. Mandell, J. E. Bennet, and R. Dolin, "Enfermedades infecciosas principios y practicas, mendell, douglass y Bennett". ELSEVIER, 2012.
- [16] F. Brauer, C. castillo chavez, E. de la Pava, K. Barley, C. W. Castillo-Garsow, D. Chowell, B. Espinoza, P. G. Parra, C. H. Suares, and V. Moreno, "Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas". Direccion de investigaciones y Desarrollo Tecnologico, 2015.
- [17] Z. Ma and J. Li, "Dynamical modeling and analysis of epidemics". World scientific, may 2009.
- [18] A. Anzo-Hernández, B. Bonilla-Capilla, J. Velázquez-Castro, M. Soto-Bajo, and A. Fraguela-Collar, "The risk matrix of vector-borne diseases in metapopulation networks and its relation with local and global R0," Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation, vol. 68, pp. 1–14, mar 2019.
- [19] S. Kumar-Nandi, S. Jana, M. Manadal, and T. K. Kar, "Analysis of a fuzzy epidemic model with saturated treatment and disease transmission," International Journal of Biomathematics, vol. 11, p. 1850002, jan 2018.
- [20] G. Bhuju, G. R. Phaijoo, and D. B. Gurung, "Fuzzy Approach Analyzing SEIR-SEI Dengue Dynamics," BioMed Research International, vol. 2020, pp. 1–11, oct 2020.
- [21] S. H. González, "Análisis de R₀ para el modelo epidemiilógico de transmisión directa con enfoque eureliano". BUAP, thesis, apr 2019.
- [22] G. Chowell, J. M. Hyman, L. M. A. Bettencourt, and C. Castillo-Chavez, "Mathematical and statistical estimation approaches in epidemiology". Springer Netherlands, 2009.
- [23] R. C. Brownson and D. B. Petitti, "Applied epidemiology". Oxford University Press, aug 2006.
- [24] J. Michell-Tchuenche and C. Chiyak, "Infectious disease modeling research progress". Nova science publishers, aug 2009.

- [25] S. Spolaor, D. Besozzi, and M. S. Nobile, "Fuzzy logic for the modeling andsimulation of complex systems". PhD thesis, 2006.
- [26] Z. Li, "Fuzzy Chaotic Systems". Springer, 2018.
- [27] C. Ivorra-Castillo, "Lógica matemática". Universidad Central, oct 2019.
- [28] A. Bravo-Mojica, H. Rincón-Mejía, and C. Rincón-Orta, "Álgebra superior". Las presas de ciencias, 2006.
- [29] A. Burgos, "Iniciación a la lógica matemática". Selecciones científicas.
- [30] E. Massad, M. N. Burattini, and N. R. Ortega, "Fuzzy logic and measles vaccination: designing a control strategy," International Journal of Epidemiology, vol. 28, pp. 550–557, jun 1999.
- [31] J. J. Angoa-Amador, A. Contreras-Carreto, M. Ibarra-Contreras, R. Linares-Gracia, and A. Martínez-García, "Matemáticas elementales". UMI, Mayo 2015.
- [32] M. G. R. Cárdenas, J. A. E. Reyna, M. E. G. Ovando, M. A. J. Ramírez, and O. L. F. Gómez, "Matemáticas básicas fundamentos y problemas". Dirección de fomento editorial, 2016.
- [33] A. V. Mejía-Olvera, "Ajuste de controladores difusos mediante algoritmos genéticos". Instituto tecnológico y de estudios superiores de Monterrey capmpues estado de México, Master's thesis, aug 1995.
- [34] A. H. Ruiz-Alcántara, "Control difuso vs. control PID: Análisis y simulación numérica". Instituto de ciencias básicas e ingeniería de la universidad autónoma del estado de Hidalgo, thesis, apr 2007.
- [35] O. Mas-I-Casals, "Sistemas difusos dinámicos para el tratamiento de información temporal imprecisa". Departament de teoria del Senyal i Comunicacions, Barcelona, 1997.
- [36] J. J.-Distefano-III, A. R.-Stubberud, and I. J.-William, "Theory and problems of feedback and control systems". McGRAW-HILL, march 1990.
- [37] N. Arulmozhi, "Bioreactor control using fuzzy logic controllers," Applied Mechanics and Materials, vol. 573, pp. 291–296, jun 2014.

- [38] N. Aros, M. Cifuentes, and J. Mardones, "Modelación, simulación y control de procesos de fermentación," Ingeniare. Revista chilena de ingeniería, vol. 19, pp. 210–218, aug 2011.
- [39] L. C. DE-Barros, M. B. Ferreira-Leite, and R. C. Bassanezi, "The SI epidemiological models with a fuzzy transmission parameter," vol. 45, pp. 1619–1628, may 2003.
- [40] W. U. Meng and L. Shengxi, "Optimal fuzzy control of SIR epidemic with state dependent cost function," in 2017 International Conference on Fuzzy Theory and Its Applications (ifuzzy), IEEE, nov 2017.
- [41] N. R. Siqueira-Ortega, P. C. Sallum, and E. Massad, "Fuzzy dynamical systems in epidemic modelling," Kybernetes, vol. 29, pp. 201–218, mar 2000.
- [42] K. Blayneh, Y. Cao, and H.-D. Kwon, "Optimal control of vector-borne diseases: Treatment and prevention," Discrete and Continuous Dynamical Systems, vol. 11, no. 3, pp. 587–611, 2009.
- [43] C. Alan-Torre, "Deterministic and stochastic metapopulation models for dengue fever". UMI, Noviembre 2009.