

Neural Control for Epidemic Model of Covid-19 with a Complex Network Approach

Alma Y. Alanis, *Senior Member, IEEE*, Esteban A. Hernandez-Vargas, *Member, IEEE*, Nancy F. Ramirez and Daniel Ríos-Rivera

Abstract—This paper presents the mathematical model Susceptible-Infected-Recovered SIR with parameters that describe the COVID-19 dynamics. This model is based on a system of ordinary differential equations in which appropriate conditions and starting parameter values such as transmission rates and recovery rates are considered known. These parameters are utilized to obtain a simulation of COVID-19 behavior, in order to establish a possible solution to avoid a greater chance of disease transmission. On the proposed scheme, we use a neural impulsive inverse optimal control for a complex network in which the dynamic of each node is a discrete version of SIR model that describe the dynamics of COVID-19. The neural network is trained with an extended Kalman's filter and is used as a neural identifier for the selected nodes of the system. The control law used represents a hypothetical treatment for COVID-19. This work aims to simulate the interaction of different populations during an epidemic outbreak in which populations are represented by the complex network nodes.

Index Terms —SIR model, complex networks, impulsive control, neural networks, neural identifier.

I. INTRODUCCIÓN

La propagación de enfermedades infecciosas es un problema grave del mundo moderno, con miles de muertes por año [1], influyendo negativamente en el desarrollo de los países y comunidades afectadas. La rápida y fácil propagación de enfermedades infecciosas en particular las respiratorias es un tema en el que se debe prestar atención. En diciembre de 2019 surgen en Wuhan, China casos de neumonía atípica, un nuevo coronavirus (SARS-CoV-2-19) [2], relacionado con SARSCoV y MERS-CoV [3]. El virus se ha extendido desde entonces al resto de China y a todo el mundo, con miles de casos confirmados y muertes a causa de esta enfermedad [4]. Es importante estudiar esta enfermedad que ha ocasionado una pandemia mundial, descubriendo sus características y comportamiento es de gran ayuda para mitigar y controlar esta enfermedad.

This work was supported in part by CONACyT México through project number CB256769 (“Proyecto apoyado por el Fondo Sectorial de Investigación para la Educación”)

Alma Y. Alanis, Nancy F. Ramirez and Daniel Rios-Rivera are with Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Depto. de Electrónica y Computación, Guadalajara, Jalisco, México. (alma.alanis@academicos.udg.mx, nancy.ramirez@cucsur.udg.mx, reuss12@gmail.com)

Esteban A. Hernandez-Vargas is with Institute of Mathematics, UNAM, Unidad Juriquilla, 3001 Juriquilla, Queretaro, Queretaro, México and with Frankfurt Institute for Advanced Studies, Frankfurt am Main, Germany (esteban@im.unam.mx)

El modelado matemático basado en ecuaciones diferenciales puede ayudar a predecir el comportamiento de una epidemia. Al hacer esto, se pueden establecer estrategias útiles para tratar estas enfermedades. Una ventaja de usar un modelo dinámico, es que nos permite desarrollar métodos de teoría de control que pueden emplearse para controlar la propagación de alguna enfermedad infecciosa. Las aplicaciones biomédicas se adaptan al enfoque de control impulsional dada la forma en que se administra el tratamiento médico [5].

El campo de las redes complejas propone que diferentes entidades interactúen entre sí y esta interacción puede generar un estado definido para toda la red. Estas interacciones representan el comportamiento de una epidemia causada por una enfermedad infecciosa [5].

En [6] una red compleja se define como un conjunto de N nodos que están conectados por m enlaces. Los nodos en la red interactúan entre sí y pueden representar diferentes entidades por ejemplo un sistema dinámico. Se dice que una red compleja dinámica logra la sincronización si los estados de todos los nodos son los mismos cuando el tiempo se aproxima al infinito [7].

El panorama ideal para este sistema es que sea estable hasta el punto necesario para que se realice una tarea, si el sistema no es estable o no se encuentra en el punto deseado se puede corregir dicho comportamiento con un controlador, en redes complejas un método para hacer esto es el control tipo pin en el que controlando una fracción de nodos de la red se puede llegar a tener el control general del sistema. En el estudio [8] se mostró que, para una red libre de escala, colocar los controladores en los nodos con un mayor número de conexiones es más efectivo que elegirlos al azar.

En este sentido la relevancia de estudiar este tipo de fenómenos es muy alta para el mundo globalizado actual que se encuentra altamente conectado, lo que así como puede generar muchos beneficios y avances tecnológicos importantes también puede provocar la rápida diseminación de enfermedades infecciosas [2], [3], mismas que requieren tratamientos rápidos y efectivos, por lo cual el uso de esquemas de control como el aquí propuestos tienen como objetivo proveer de tratamientos que actúen rápidamente sobre una pequeña parte de la población pero que sus efectos ayuden a combatir los estragos de las enfermedades infecciosas en grandes poblaciones administrando la menor cantidad posible de medicamento, permitiendo así una mayor disponibilidad del mismo. Así mismo el uso de modelos dinámicos en enfermedades infecciosas ha sido largamente documentado en la literatura

correspondiente [5], permitiendo proyectar analíticamente la aplicabilidad de los tratamientos antes de poder establecer los protocolos médicos necesarios, acortando así el tiempo de implementación de los tratamientos y ampliando a exploración de los mismos [5].

En este trabajo se modela la interacción entre diferentes poblaciones en el escenario de una epidemia por medio de una red compleja, hasta el momento este enfoque no se ha explorado para el Covid-19. Si bien el modelo epidémico utilizado aquí describe el Covid-19, el identificador neuronal da la libertad de aplicarlo a múltiples casos, considerando que se cuenta con los datos necesarios para poder aplicarlo. El esquema de control tipo pin impulsional utilizado en este trabajo representa una vacuna hipotética contra Covid-19 con el objetivo de proponer una medida de reducción de los recursos utilizados en esta situación.

La organización de este documento es la siguiente: primero, se discute de una manera breve el modelo SIR al igual que el SIR con estacionalidad en el que se expone el esquema de control utilizado en esta investigación, luego, se muestra exploración de la dinámica de la enfermedad Covid-19. Posteriormente se presenta el modelo matemático de la red compleja y se discute el modelo para una red neuronal discreta recurrente de alto orden en la que se basa el identificador neuronal utilizado. Por último, se muestra la discretización del modelo y el identificador neuronal utilizado para calcular la ley de control y se presentan los resultados obtenidos de las simulaciones realizadas en MATLAB®.

II. MODELO SUSCEPTIBLE-INFECTADO-RECUPERADO

La propagación de enfermedades transmitidas por virus como la influenza [9] se produce en poco tiempo. Las simulaciones numéricas de la propagación de enfermedades infecciosas ofrecen una herramienta práctica para estimar el comportamiento de estos fenómenos [10].

El modelo SIR divide a la población en tres clases, las cuales le dan nombre al modelo [11]. La clase susceptible (S) representa a los individuos que no han contraído la enfermedad, pero son propensos a enfermarse. La clase infectados (I) son los individuos que contrajeron la enfermedad y pueden propagarla a otros y por último la clase recuperados (R) son los individuos que contrajeron la enfermedad, se han recuperado y no pueden volver a enfermarse. A partir de esto se obtiene [11]:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI \\ \dot{I} &= \beta SI - \alpha I \\ \dot{R} &= \alpha I\end{aligned}\quad (1)$$

donde β es la tasa de transmisión y α es la tasa de recuperación. Las condiciones en que se resuelve el conjunto de ecuaciones en (1) son $S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$, $R(0) = R_0 \geq 0$, y $S + I + R = 1$.

Después de recuperarse de la enfermedad se adquiere inmunidad ante ella, esto sucede en el caso de las enfermedades virales. Existen otros tipos de modelos que describen diferentes situaciones, por ejemplo, el modelo susceptible-infectado-susceptible (SIS), después de ser infeccioso el individuo vuelve

a ser susceptible, este tipo de modelo describe lo que sucede en una enfermedad ocasionada por bacterias donde no se adquiere inmunidad [11].

A. Esquema de Control Impulsional para un Modelo SIR con Estacionalidad

El modelo SIR original es una versión simplificada mostrada en [11]. Al igual que los otros modelos existentes, se crearon variaciones que han surgido buscando una mejor adaptación a situaciones y enfermedades específicas, uno de esos modelos es el modelo SIR con estacionalidad de [12], el cual presenta un esquema de control impulsional. El modelo es el siguiente:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu - \beta_i SI - \mu S \\ \dot{I} &= \beta_i SI - \alpha I - \mu I \\ \dot{R} &= \alpha I - \mu R\end{aligned}\quad (2)$$

donde μ es la tasa de natalidad y mortalidad, β_i es la tasa de transmisión variable que cambia según la estación; y la dinámica de control impulsional es:

$$\begin{aligned}\Delta S &= -pS \\ \Delta I &= -pI \\ \Delta R &= ps + pI\end{aligned}\quad (3)$$

donde $p \in [0,1]$ representa la fracción de personas que reciben algún tipo de tratamiento contra la enfermedad.

B. Control e Identificación de Modelos Epidémicos

El modelo dinámico de una enfermedad epidémica nos brinda la oportunidad de analizar y aplicar métodos de teoría de control. Históricamente, las enfermedades se han contenido suministrando a una persona afectada cierta cantidad de medicamento que debe tomarse cada determinado tiempo. Este tipo de control ha sido representado por la teoría de control impulsional descrito en [13].

Mediante el esquema impulsional, una entrada de control dada alimenta a un sistema una vez cada determinada unidad de tiempo. Por lo cual este tipo de control se adapta bien a aplicaciones biomédicas y es utilizado en algunos trabajos relacionados como por ejemplo en [14], donde se presentó un esquema de control impulsional óptimo inverso para el modelo SIR con estacionalidad representado en las ecuaciones (2) y (3). Basado en la teoría de Haddad [15], se propuso el siguiente controlador:

$$\begin{bmatrix} p_1(k) \\ p_2(k) \end{bmatrix} = \left| -0.5 \left((R_{2d}S(k) + P_2I(k))^{-1} P_{12}S(k) \right) \right|, \quad (4)$$

donde p_1 y p_2 sustituyen la p fija de la ecuación (3) que se convierte en:

$$\begin{aligned}\Delta S &= -p_1S \\ \Delta I &= -p_2I \\ \Delta R &= p_1S + p_2I\end{aligned}\quad (5)$$

esto significa que las personas que reciben algún tipo de tratamiento variarán para minimizar los recursos utilizados buscando erradicar la enfermedad.

En [16] se utilizó una red neuronal recurrente de alto orden entrenada con el filtro de Kalman extendido para identificar el

estado del sistema descrito en (2) y (5). El rendimiento del sistema de identificación fue robusto, incluso con información limitada para trabajar. Este esquema de control impulsional puede ser aplicado en el modelo simple de la ecuación (1) del SIR.

III. DINÁMICA DEL COVID-19

Los estudios sobre Covid-19 han revelado que es poco probable que un individuo que haya adquirido la enfermedad vuelva a infectarse del virus SARS-CoV-2 [17], esto significa que se genera inmunidad después de la infección. Esta situación se describe de una forma más simple en la ecuación (1) del modelo SIR. Para calcular la tasa de recuperación α del Covid-19 se usa la siguiente ecuación [18]:

$$\alpha = \frac{1}{D} \quad (6)$$

donde D es la duración de la enfermedad, que según información disponible en [19] que puede ser hasta seis semanas en los casos más graves. Considerando que la unidad de tiempo es en años, entonces el valor para D es de 0.115 que equivale a aproximadamente seis semanas, con ese parámetro calculamos el valor de α que es de 8.69. Para calcular la velocidad de transmisión usamos la ecuación definida en [11].

$$\beta = \alpha R_0 \quad (7)$$

donde R_0 es el número de reproducción básico estimado con el valor de 2.2 en [20], mientras que la Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que varía de 1.4 a 2.5 en [21], por lo que el rango de β es de 12.166 a 21.725. Con esos valores es posible simular la dinámica del Covid-19.

A. Simulación

Eligiendo arbitrariamente los valores de una población susceptible del 99.5% con un porcentaje del 0.5% de infectados se obtuvo la siguiente gráfica.

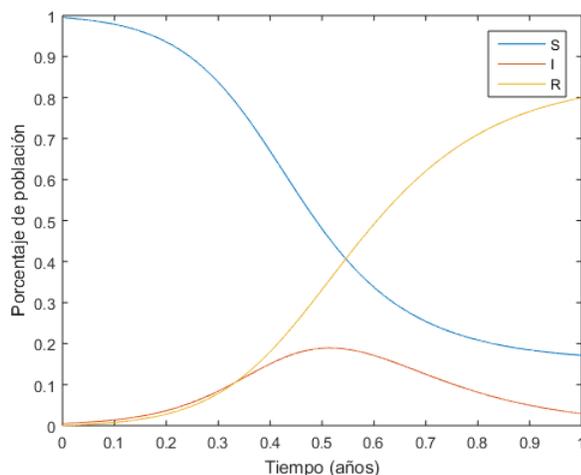


Fig. 1. Dinámica del Covid-19.

La Fig. 1 muestra la dinámica del comportamiento del Covid-19 en el lapso de un año. Donde la línea azul representa la

población susceptible a contagiarse de Covid-19, la línea roja muestra la población que se encuentra infectada y por último la línea naranja son las personas que ya se han recuperado de la enfermedad. La tasa de recuperación que se tomo es de 8.69 y la tasa de transmisión es de 19.118 para R_0 de 2.2.

IV. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Un estudio presentado en [22] mostró que durante el brote de influenza tipo A (H1N1), de 323 profesionales del área médica, el 30.7% reportó una escasez de medicamentos mientras que el 39% reportó un exceso de existencias. Esto nos indica que hace falta contar con una estrategia óptima en la lucha contra las enfermedades infecciosas. Basado en lo antes expuesto y motivados por la actual situación del Covid-19, en este trabajo se consideran los nodos de una red compleja como sistemas dinámicos descritos por el modelo SIR (2) y cada uno de ellos representa la dinámica de diferentes poblaciones que interactúan entre sí durante un brote epidémico.

El modelo dinámico de una red compleja con conexiones lineales y difusivas es:

$$\dot{x}_i = f_i(x_i) + \sum_{j=1}^N c_{ij} a_{ij} \Gamma x_j, \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (7)$$

en el que la función $f_i(x_i)$ es descrita por el modelo SIR de la ecuación (1) para $i = 1, 2, \dots, N$, donde el esquema de control impulsional de [14] se implementa a modo que solo unos cuantos nodos muestran la dinámica de control de la ecuación (5).

Utilizando un esquema de control impulsional, disminuimos los recursos utilizados para controlar la enfermedad, es decir se reduce la cantidad de medicamento suministrado para lograr la mitigación de la enfermedad [16], esto es debido a que la entrada de control, que en este caso es el medicamento, se aplica solo en determinados instantes de tiempo no continuos. Al implementar una red neuronal artificial como un identificador de estado para el nodo a controlar, no es necesario conocer la dinámica de los estados del nodo, sin embargo, es necesario tener acceso a la medición de las variables de estado, en caso de que esto no sea posible, sería necesario utilizar un observador para las variables de estado no medibles, es decir, debe ser posible conocer el valor de las variables en un determinado tiempo. Otra ventaja del método propuesto es el uso del control tipo pin, ya que no se deben controlar todos los nodos de una red, esto es útil debido a que en el problema planteado no se puede asegurar que haya medicamento en todos los nodos (poblaciones) que se encuentran representados en la red.

V. DISCRETIZACIÓN DEL MODELO

Para fines de simulación, el modelo de la red compleja y el modelo SIR se representan en sus versiones discretas, las cuales se obtienen empleando una discretización de diferencia finita, lo que resulta en los siguientes conjuntos de ecuaciones:

$$x_i(k+1) = T \begin{bmatrix} -\beta S(k)I(k) \\ \beta S(k)I(k) - \alpha I(k) \\ \alpha I(k) \end{bmatrix} + cT \sum_{j=1}^N a_{ij} \Gamma x_j(k) + x_i(k) \quad (8)$$

donde $x_i(k) = [S_i(k) \ I_i(k) \ R_i(k)]^T$ es el vector de estado del nodo i , T es el tiempo de muestreo; c es la fuerza de conexión constante para todas las conexiones del nodo. Los nodos controlados también presentan la siguiente dinámica:

$$x_i(k+1) = \begin{bmatrix} -p_1 S(k) \\ -p_2 I(k) \\ p_1 S(k) + p_2 I(k) \end{bmatrix} + cT \sum_{j=1}^N a_{ij} \Gamma x_j(k) + x_i(k) \quad (9)$$

donde las constantes p_1 y p_2 representan la fracción de personas que reciben tratamiento y vacunación respectivamente.

VI. IDENTIFICADOR NEURONAL

Basado en la siguiente ecuación de las redes recurrentes de alto orden [23]:

$$x_i(k+1) = w_i^T z_i(x(k), u(k)) \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (10)$$

con $z_i(x(k), u(k))$ definido como el vector que contiene los términos de alto orden de la red neuronal [23], es posible diseñar un identificador neuronal descrito por el siguiente conjunto de ecuaciones:

$$\begin{aligned} \hat{S}_a(k) &= w_{11} \varphi(S(k)) + w_{21} \varphi(S(k)) \varphi(I(k)) \\ \hat{I}_a(k) &= w_{12} \varphi(I(k)) \varphi(R(k)) + w_{22} \varphi(I(k)) \end{aligned} \quad (11)$$

$$\hat{R}_a(k) = w_{13} \varphi(S(k)) \varphi(I(k)) + w_{23} \varphi(S(k))$$

donde $\varphi(\cdot)$ es la siguiente función logística:

$$\varphi(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (12)$$

La variable $sir_{aux} = |\hat{S}_a(k)| + |\hat{I}_a(k)| + |\hat{R}_a(k)|$ representa valores auxiliares utilizadas para calcular el estado estimado real como:

$$\hat{S}(k+1) = \frac{|\hat{S}_a(k)|}{sir_{aux}} - p_1(t_k) S(k) \quad (13)$$

$$\hat{I}(k+1) = \frac{|\hat{I}_a(k)|}{sir_{aux}} - p_2(t_k) I(k)$$

$$\hat{R}(k+1) = \frac{|\hat{R}_a(k)|}{sir_{aux}} + p_1(t_k) S(k) + p_2(t_k) I(k)$$

donde $p_1, p_2 = 0$ cuando $k \neq t_k$. Esto se hace para que los valores obtenidos sean coherentes con las condiciones del modelo SIR.

VII. ENTRENAMIENTO CON EL ALGORITMO DEL FILTRO EXTENDIDO DE KALMAN

Esta red neuronal se entrena utilizando el algoritmo del filtro extendido de Kalman, donde los pesos para cada elemento del estado estimado de la red neuronal se obtienen con las siguientes ecuaciones [23]:

$$w(k+1) = w(k) + K(k)e(k) \quad (14)$$

donde $e(k)$ es el error definido como la diferencia entre el estado real y el estado identificado; $K(k)$ es la matriz de ganancia de Kalman definida como:

$$K(k) = P(k)H^T(k)[R(k) + H(k)P(k)H^T(k)]^{-1} \quad (15)$$

donde $H(k)$ está definida como $z^T(x(k), u(k))$ en (10), es decir que es un vector con las combinaciones de las distintas funciones sigmoideas. $R(k) = R = 10$ y $P(k)$ se calcula como:

$$P(k+1) = P(k) - K(k)H(k)P(k) + Q(k) \quad (16)$$

donde $Q(k) = Q$ es una matriz diagonal de 2×2 con el número 10 en sus elementos diagonales, $P(0)$ es igual a Q y todos los pesos iniciales son aleatorios.

A. Síntesis de la Ley de Control

Del estado identificado en (13) obtenemos p_1 y p_2 con las condiciones presentadas en [14]:

$$\begin{bmatrix} p_1(k) \\ p_2(k) \end{bmatrix} = \left| -0.5 \left((R_{2d} \hat{S}(k) + P_2 \hat{I}(k))^{-1} P_{12} \hat{S}(k) \right) \right| \quad (17)$$

con

$$R_{2d} = \begin{bmatrix} 15 & 0 \\ 0 & 10 \end{bmatrix}, \quad P_2 = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad P_{12} = \begin{bmatrix} 5 \\ 1 \end{bmatrix} \quad (18)$$

VIII. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las redes utilizadas para esta simulación fueron generadas por medio de la función SFNG del paquete B-A "Scale-Free Network" de MATLAB® que crea redes libres de escala a partir de una red inicial de conexiones arbitrarias. En las siguientes figuras se muestran las redes generadas.

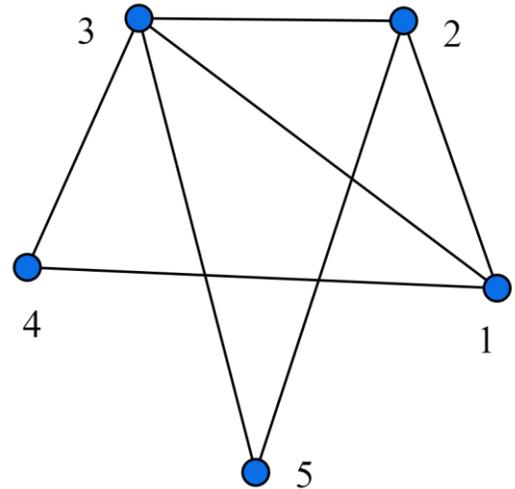


Fig. 2. Red de cinco nodos.

La red mostrada en la Fig. 2 está compuesta por cinco nodos, es utilizada para la simulación que representa la conexión y relación entre cinco diferentes poblaciones. Así mismo la red mostrada en la Fig. 3 está compuesta por diez nodos, es utilizada para la simulación que representa la conexión y relación entre diez diferentes poblaciones.

Los nodos elegidos para el control en esta red son el 1 y 2. El nodo 1 inicia con $S=0.995$, $I=0.005$ y $R=0$. El resto de los nodos tienen el total de su población en $S=1$ y se encuentran desconectados, es decir, no hay interacción entre ellos. Después de 25 días de simulación se realiza la conexión de los nodos. El tratamiento y la vacunación empiezan el día 120 de la simulación y se suministra semanalmente.

Los estados de los nodos de la red, se muestran en la Fig. 6. El tratamiento estimado por el esquema de la ecuación (17) para los nodos 1 y 2 se muestran en Fig. 7 y Fig. 8, respectivamente.

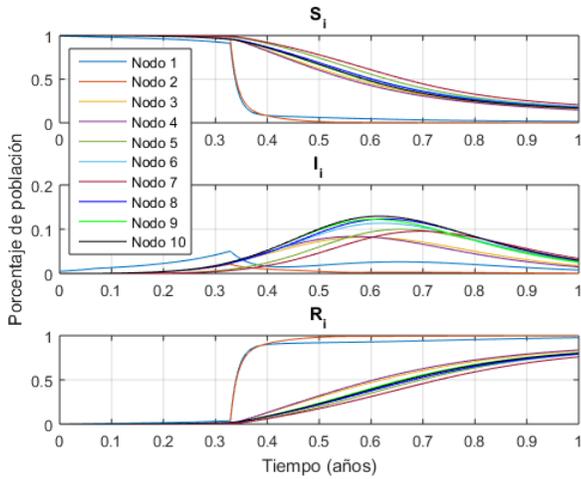


Fig. 6. Dinámica de la red de diez nodos.

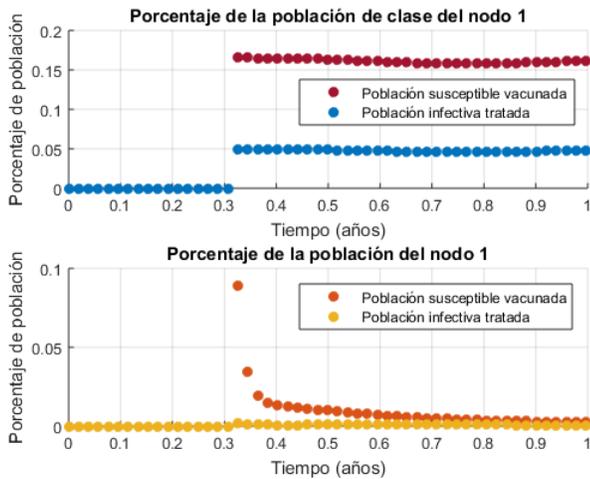


Fig. 7. Tratamiento calculado para el nodo 1 de la red conformada por diez nodos.

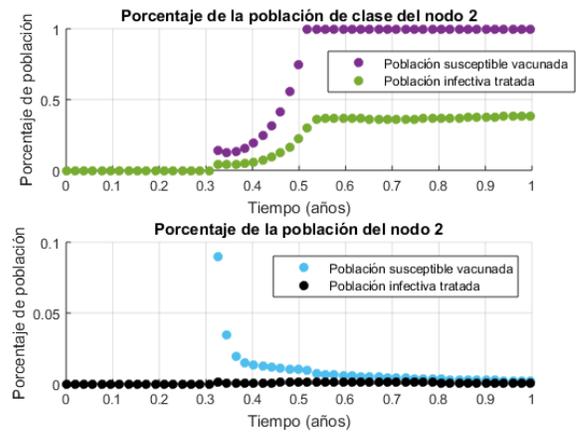


Fig. 8. Tratamiento calculado para el nodo 2 de la red conformada por diez nodos.

Para fines de comparación en las Figs. 9 y 10 se muestran la dinámica de las simulaciones de las redes con cinco y diez nodos respectivamente, sin recibir ningún tratamiento.

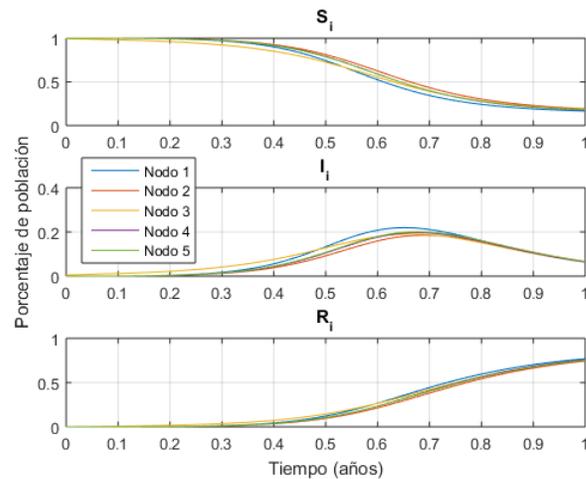


Fig. 9. Dinámica de la red de cinco nodos sin recibir tratamiento.

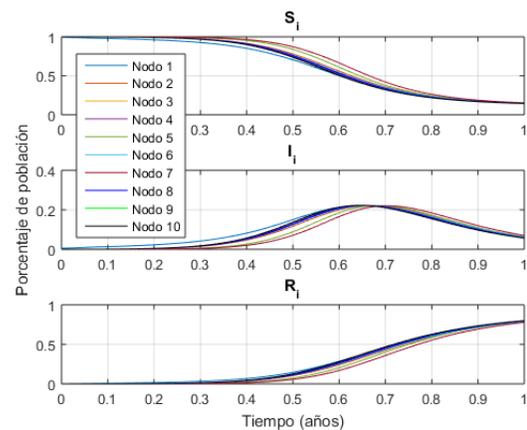


Fig. 10. Dinámica de la red con diez nodos sin recibir tratamiento.

Cabe señalar que en todas las simulaciones las poblaciones de los nodos se consideran iguales.

IX. CONCLUSIÓN

La infección por Covid-19 no desaparece en los otros nodos (poblaciones) que no son controlados, pero si lo comparamos con un esquema sin ningún tipo de tratamiento las infecciones se reducen aproximadamente a la mitad con sólo tratar a una pequeña fracción de la población, uno de cinco nodos controlados en la primera red y dos de diez nodos controlados en la segunda. Esto nos proporciona una gran ventaja en los sistemas de salud ya que con tratar a una pequeña parte de la población el riesgo se reduce considerablemente y da pauta a que la enfermedad no se propague de manera descontrolada en la población. Esto sirve para dar tiempo a que los tratamientos lleguen a la mayoría de los individuos en el resto del mundo. Es importante señalar que este trabajo es una primera aproximación al esquema de tratamiento propuesto, es posible realizar diferentes mejoras al mismo como la optimización explícita del tratamiento, así como la auto sintonización del esquema de control propuesto o la selección de los nodos a controlar, así como otros criterios de optimización que pueden ser resueltos por medio de optimización evolutiva.

REFERENCIAS

- [1] W. H. Organization, «Mortality and Global Health Estimates, http://origin.who.int/gho/mortality_burden_disease/en/, 2019,» 19 February 2020.
- [2] W. H. Organization, «Pneumonia of unknown cause - China. <https://www.who.int/csr/don/05-january-2020-pneumonia-of-unknown-cause-china/en/>, 2020,» 24 March 2020.
- [3] W. H. Organization, «WHO Statement regarding cluster of pneumonia cases in Wuhan, China. <https://www.who.int/china/news/detail/09-01-2020-who-statement-regarding-cluster-of-pneumonia-cases-in-wuhan-china>, 2020,» 24 March 2020.
- [4] W. H. Organization, «Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>, 2020,» 24 March 2020.
- [5] D. Ríos-Rivera, «Control para pacientes con enfermedades infecciosas: enfoque epidemiológico, M. Sc. thesis, Universidad de Guadalajara in Guadalajara,» 2019.
- [6] G. Chen, X. Wang y X. Li, *Fundamentals of Complex Networks: Models, Structures and Dynamics*, Singapore: first ed., Wiley, 2015.
- [7] X. F. Wang, «Complex networks: Topology, dynamics and synchronization,» *International Journal of Bifurcation and Chaos*, vol. 12, n° doi: 10.1142/S0218127402004802, pp. pp. 885-916, 2002.
- [8] X. Wang, X. Li y G. Chen, «Complex Dynamical Network to Its Equilibrium,» *IEEE Transactions on Circuits and Systems*, vol. 51, no doi: 10.1109/TCSI.2004.835655., pp. pp. 2074-2087, 2004.
- [9] Y. Yang, J. D. Sugimoto, M. E. Halloran, N. E. Basta, D. L. Chao, L. L. Matrajt y a. et, «The transmissibility and control of pandemic influenza A (H1N1) virus,» *Science*, vol. 326, no doi: 10.1126/science.1177373, pp. pp. 729-733, 2009.
- [10] W. Van den Broeck, C. Gioannini, M. Quaggiotto, V. Colizza y A. Vespignani, «The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale,» *BMC Infectious Diseases*, vol. 11, no doi: 10.1186/1471-2334-11-37, 2011.
- [11] F. Brauer y C. Castillo-Chavez, , *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*, New York: first ed. Springer, 2012.
- [12] X. Liu y P. Stechliniski, «Pulse and constant control schemes for epidemic models with seasonality,» *Nonlinear analysis: Real world applications*, vol. 12, no doi: 10.1016/j.nonrwa.2010.08.017, pp. 931-946, 2011.
- [13] W. Haddad, V. Chellaboina y S. Nersesov, *Impulsive and Hybrid Dynamical Systems: Stability, Dissipativity, and Control*, Oxford: first ed., Princeton University Press, 2006.
- [14] E. N. Sanchez, R. Covarrubias, A. Y. Alanis y E. A. Hernandez-Vargas, «Inverse optimal impulsive control for a SIR epidemic model,» *Computing Science and Automatic Control*, vol. 15th International Conference on Electrical Engineering, no doi: 10.1109/ICEEE.2018.8533962, pp. pp. 1-6, 2018.
- [15] W. Haddad, V. Chellaboina y S. Nersesov, *Impulsive and Hybrid Dynamical Systems: Stability, Dissipativity, and Control*, Oxford: first ed., Princeton University Press, 2006.
- [16] R. Covarrubias, A. Y. Alanis, D. Rios, E. N. Sanchez y E. A. Hernandez-Vargas, «Discrete-time, neural identification of a SIR epidemic model,» *IEEE Latin American Conf. Computational Intelligence*, vol. 5th, no doi: 10.1109/LA-CCI.2018.8625250, pp. 1-6, 2018.
- [17] L. Bao, W. Deng, H. Gao, C. Xiao, J. Liu y et al., «Reinfection could not occur in SARS-CoV-2 infected rhesus macaques,» *preprint, bioRxiv*, no doi:<https://doi.org/10.1101/2020.03.13.990226>.
- [18] B. Ridenhour, J. M. Kowalik y D. K. Shay, «El número reproductivo básico (R0): consideraciones para su aplicación en la salud pública*,» *American Journal of Public Health*, vol. 108, no doi: 10.2105/AJPH.2013.301704s, pp. pp. S455-S465, 2018.
- [19] W. H. Organization, «Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). [https://www.who.int/publications-detail/report-of-the-who-china-joint-mission-on-coronavirus-disease-2019-\(covid-19\)](https://www.who.int/publications-detail/report-of-the-who-china-joint-mission-on-coronavirus-disease-2019-(covid-19)),» 2020 (accessed 4 April 2020).
- [20] Q. Li, X. Guan, P. Wu, X. Wang, L. Zhou y et al., «Early transmission s-detail/report-of-the-who-china-joint-mission-on-coronavirus-disease-2019-(covid-19) dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia,» *The New England Journal of Medicine*, vol. 382, pp. 1199-1207, 2020.
- [21] W. H. Organization, «Statement on the meeting of the International Health Regulations (2005),» Emergency Committee regarding the outbreak of novel coronavirus (2019-nCoV), [https://www.who.int/news-room/detail/23-01-2020-statement-on-the-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/news-room/detail/23-01-2020-statement-on-the-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov)), (accessed 4 April 2020)..
- [22] E. Lautenbach, S. Sain, D. K. Henderson y A. D., «Initial response of healthcare institutions to emergence of H1N1 influenza: Experiences, obstacles, and perceived future needs,» *Clinical Infectious Diseases*, vol. 50, no doi: 10.1086/650169, pp. pp. 523-527, 2010.
- [23] E. N. Sánchez y A. Y. Alanis, E. N. Sánchez, A. Y. Alanis, *Redes neuronales: Conceptos fundamentales y aplicaciones a control automático*, Spain: first ed. Pearson-Prentice Hall, 2006.



Alma Y. Alanis, (SM'04, M'08, S'14) received the M.Sc. and Ph.D. degrees in electrical engineering from the Advanced Studies and Research Center of the National Polytechnic Institute, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Guadalajara, Mexico, in 2004 and 2007, respectively. Since 2008, she has been with the University of Guadalajara, where she is currently the Chair Professor with the Department of Computer Science. She is also a member of the Mexican National Research System (SNI-2) and member of the Mexican Academy of Sciences. Her research interest centers on neural control, backstepping control, block control, and their applications to electrical machines, power systems, biomedical systems and robotics.



Esteban A. Hernandez-Vargas (M'08) received the Ph.D. degree in mathematics from the Hamilton Institute, National University of Ireland, Galway, Ireland, in 2011. For three years, he held a post-doctoral scientist position at the Helmholtz Centre for Infection Research (HZI), Braunschweig, Germany, where he founded the pioneering Research Group of Systems Medicine of Infectious Diseases in 2014. Since 2017, he and his research group moved to the Frankfurt Institute for Advanced Studies, Frankfurt, Germany.



Nancy F. Ramirez received her bachelor of Informatics in 2006 from Tecnológico Nacional de México. Since 2008 she has worked for Universidad de Guadalajara CU Costa Sur. In 2013 she obtained a Master's degree in Computational Engineering from the Universidad de Guadalajara and where she currently holds a Ph. D. in Electronics and Computing. The research areas where she developed are epidemiological models and complex networks.



Daniel Ríos-Rivera received his bachelor degree in Mechatronic Engineering from Tecnológico Nacional de México in 2015, and his M.Sc. in Electronic Engineering and Computing from Universidad de Guadalajara where he is currently doing his Ph.D. in Electronics and Computing. His main research interest are automatic control and complex networks.