

# CARACTERIZACIÓN AUTOMÁTICA DE SERIES TEMPORALES UTILIZANDO ALGORITMOS METAHEURÍSTICOS PARA EL ANÁLISIS DE PROPAGACIÓN DE EPIDEMIAS

<sup>1</sup> Valentín Calzada Ledesma, valentin.cl@purisima.tecnm.mx

<sup>2</sup> Blanca Veronica Zuñiga Nuñez, blanca.zn@purisima.tecnm.mx

<sup>3</sup> María Liliana Lozano Coronado, lrs20110117@purisima.tecnm.mx

<sup>4</sup> Honey Lisette Torres Ramírez, lrs20110264@purisima.tecnm.mx

<sup>5</sup> Tristán Fernando Segura Barragán, lrs20110001@purisima.tecnm.mx

## RESUMEN

Actualmente el COVID-19, la influenza, el dengue y el sarampión son enfermedades de preocupación nacional que han perdurado en el tiempo y han afectado a diversas regiones del mundo a nivel educativo, económico, social y de salud. Los esfuerzos de investigación en las ciencias computacionales se han centrado en enfoques de ajuste de curvas para predecir el comportamiento de una epidemia. Sin embargo, la caracterización matemática de la propagación epidémica es un tema poco explorado por estas técnicas. En este trabajo se propone utilizar un sistema de inteligencia artificial que implementa técnicas de optimización computacional y ajuste polinomial denominado META-COVID19 para caracterizar matemáticamente la propagación de epidemias en México. Los resultados de nuestra investigación muestran los modelos matemáticos explícitos que caracterizan las series temporales, los cuales son susceptibles de ser analizados por métodos matemáticos formales para obtener información valiosa sobre el comportamiento epidemiológico de diferentes enfermedades de interés nacional.

## PALABRAS CLAVE

Ajuste  
Propagación  
Series  
Metaheurísticas

## ABSTRACT

Currently, COVID-19, Influenza, Dengue, and Sarampion are diseases of international concern that have endured over time and affected various regions of the world at educational, economic, social, and health levels. Research efforts in computer science have focused on curve-fitting approaches to predict the behavior of an epidemic. However, the mathematical characterization of epidemic spread is a subject little explored by these techniques. In this work, we propose to use an artificial intelligence system that implements computational optimization and polynomial adjustment techniques called META-COVID19 to mathematically characterize epidemic spreads in Mexico. The results of our research show the explicit mathematical model that characterizes the time series, which are likely to be analyzed by formal mathematical methods to obtain valuable information on the epidemiological behavior of different diseases of national concern.

## KEYWORDS

Adjustment  
Spread  
Series  
Metaheuristics

<sup>1</sup> Tecnológico Nacional de México - Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón/docente.

<sup>2</sup> Tecnológico Nacional de México - Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón/docente.

<sup>3</sup> Tecnológico Nacional de México - Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón/estudiante.

<sup>4</sup> Tecnológico Nacional de México - Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón/estudiante.

<sup>5</sup> Tecnológico Nacional de México - Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón/estudiante.

## I. INTRODUCCIÓN

La humanidad se ha enfrentado a diferentes epidemias a lo largo de la historia, las cuales han cobrado la vida de millones de personas. Por ejemplo, en el siglo XIV, la “Peste Negra” se extendió por Europa y África, provocando entre 75 y 200 millones de muertes (Alchon, 2003). En 2019 y 2020, las infecciones respiratorias agudas fueron el tipo de enfermedad más común en México, se estimaron cerca de 24 millones de casos de este tipo de infección en el país (Martha, 2022). Además, la epidemia provocada por el virus del Coronavirus tipo 2 causado por el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS-CoV2 por sus siglas en inglés) fue la segunda causa más común. La influenza y la neumonía también se encontraban entre las diez principales causas de mortalidad en el país (Martha, 2022). En la actualidad, existe una tendencia creciente del uso de la inteligencia artificial para abordar problemas relacionados con el sector salud, enfocando los esfuerzos de investigación de las ciencias computacionales en las predicciones en tiempo real de epidemias, la simulación de la propagación de enfermedades, y el estudio de posibles brotes de nuevos virus en regiones (Saba y Elsheikh, 2020; Melin et al., 2020; Wang et al., 2020; Tuli et al., 2020).

En (Ioannidis et al., 2020) se analizó en profundidad el por qué varios de estos métodos no han funcionado bien, y se concluyó que se debe a la entrada deficiente de datos, la falta de incorporación de características epidemiológicas, suposiciones de modelado incorrectas, entre otros. Asimismo, la revista Nature, una de las más importantes a nivel internacional, publicó un manifiesto para evitar las malas prácticas (políticas) de los enfoques predictivos (Saltelli et al., 2020). Es por estos motivos que el equipo de investigación del Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón propone META-COVID19 (De Anda-Suárez et al., 2022), una metodología basada en algoritmos metaheurísticos de población para caracterizar epidemias, utilizando como caso de uso la COVID-19.

La caracterización se conceptualiza como una forma de representar algo a través de un modelo a partir del cual se puede obtener información útil. El estudio publicado en (De Anda-Suárez et al., 2022), se centró únicamente en la

caracterización de la enfermedad COVID-19, es por ese motivo que en este artículo se propone extender la aplicación de META-COVID19 a otras tres epidemias (además de COVID-19): influenza, dengue y sarampión, considerando a México como caso prueba, ya que se cuentan con datos históricos sobre un modelo epidemiológico centinela que documenta casos probables, casos confirmados y muertes para cada una de las enfermedades.

META-COVID19 fusiona técnicas de optimización computacional y ajuste polinomial para realizar automáticamente la caracterización matemática de la propagación de epidemias a través del análisis de series de tiempo, sin conocimiento previo de los datos y sin involucrar a un experto humano. En general, la entrada del sistema es una serie temporal de datos recopilados sobre alguna epidemia. Posteriormente, se inicia un proceso iterativo guiado por dos operadores de selección basados en Boltzmann, de tal manera que el sistema busca automáticamente un modelo matemático explícito perteneciente a la familia de polinomios ortogonales de Jacobi, el cual se ajusta al comportamiento de la serie temporal. Es importante mencionar que los polinomios de Jacobi tienen una gran cantidad de propiedades matemáticas (Szeg, 1939), es decir, a partir de un solo modelo polinomial es posible obtener información múltiple que puede tener un impacto importante desde el punto de vista de la inferencia estadística en epidemiología (Jewell, 2003).

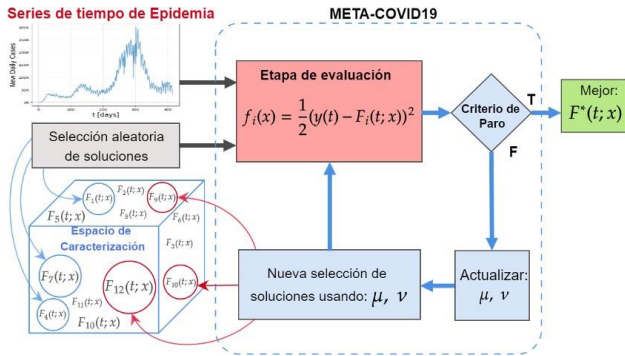
A partir de la caracterización matemática de epidemias que se propone en este trabajo, se podría profundizar en los supuestos para generar estadísticas inferenciales y sustentar la toma de decisiones asertivas con fundamentos matemáticos que podrían combinarse y fortalecerse con otros modelos computacionales en favor de la sociedad mexicana. Es importante no bajar la guardia y seguir desarrollando nuevas investigaciones que aporten metodologías capaces de analizar la información disponible sobre epidemias para estar mejor preparados para afrontarlas en el futuro.

## II. METODOLOGÍA

En esta sección se describen en detalle los elementos del enfoque metaheurístico META-COVID19, cuyo esquema general se muestra en la Fig. 1 (De Anda-Suárez et al., 2022).

Figura 1

Esquema general META-COVID19 (De Anda-Suárez et al., 2022).



Nota. Elaboración propia

## A. META-COVID19

En esta metodología, una serie de tiempo es ajustada través de la combinación lineal de múltiples polinomios de Jacobi, como se muestra en la Ec. 1:

$$F(t; x) = F(t; \alpha, \beta, d) = \sum_{j=1}^d a_j P_j^{\alpha, \beta}(t) \quad (1)$$

## A. META-COVID19

donde  $P_j^{\alpha, \beta}(t)$  es la parte real de un polinomio de Jacobi utilizado para ajustar la serie de tiempo,  $a_j$  son coeficientes de modulación calculados matemáticamente (para más detalles ver (De Anda-Suárez et al., 2022)), y  $t \in [-1, 1]$  es el dominio de la serie de tiempo. De esta forma se establece un espacio de caracterización (cubo azul) restringido por los parámetros fundamentales  $x = [\alpha, \beta, d]$  donde  $\alpha \in [-1, 1]$ ,  $\beta > -1$ , y  $d > 1$  es el grado del polinomio (De Anda-Suárez et al., 2022). Vale la pena mencionar que en la Ec. 1, que de aquí en adelante se llamará "solución", los parámetros fundamentales  $x$  se establecen con números aleatorios muestreados de una distribución con parámetros  $\mu$  y  $\nu$  para seleccionar una solución del espacio de caracterización. Inicialmente, una población  $J$  de  $n$  soluciones se establece aleatoriamente utilizando una distribución uniforme. Para averiguar qué tan bueno es el ajuste para cada solución  $F_i(t; x)$  (donde  $i \in [1, n]$ ) sobre la serie temporal de la epidemia  $y(t)$ , se realiza una etapa de evaluación que utiliza el error cuadrático medio (Ec. 2) como función de aptitud:

$$f_i(x) = \frac{1}{2} (y(t) - F_i(t; x))^2 \quad (2)$$

En caso de que no se cumpla el criterio de parada establecido, META-COVID19 utiliza dos operadores basados en Boltzmann  $\mu$  y  $\nu$  para seleccionar una nueva población de soluciones y guiar el proceso evolutivo hacia la mejor solución  $F^*(t; x)$  que minimice la función de aptitud, mientras más se aproxime a cero, mejor será la solución. El parámetro  $\mu$  posiciona a la población en una trayectoria hacia el óptimo, y el parámetro  $\nu$  proporciona la diversidad necesaria a la población para que el algoritmo pueda realizar una exploración guiada en el espacio de caracterización. Los operadores de selección se actualizan en cada iteración utilizando las Ecs. 3 y 4 respectivamente como se muestra a continuación:

$$\mu \approx \frac{\frac{b-a}{m} \sum_{i=1}^m \left[ \frac{1}{2} g(f_i(x)) \exp(\beta f_i(x)) x_i + \log(g(f_i(x))) x_i + \beta f_i(x) x_i \right]}{1 + \frac{b-a}{m} \sum_{i=1}^m (\log(g(f_i(x))) + \beta f_i(x))} \quad (3)$$

$$\nu \approx \frac{\sum_{i=1}^m \left[ \frac{1}{2} g(f_i(x)) \exp(\beta f_i(x)) (x_i - \mu)^2 + \log(g(f_i(x))) (x_i - \mu)^2 + \beta f_i(x) (x_i - \mu)^2 \right]}{\sum_{i=1}^m (\log(g(f_i(x))) + \beta f_i(x))} \quad (4)$$

donde  $x_i$  es el conjunto de parámetros fundamentales de la  $i$ -ésima solución,  $g(\cdot)$  es una función que depende del rendimiento de la  $i$ -ésima solución  $f_i(x)$  (Ec. 2), y  $\beta = 1/(f^*(x))$ ; por último,  $f^*(x)$  es el rendimiento de la mejor solución encontrada hasta ese momento en el proceso evolutivo. Se debe considerar que para realizar esta actualización se necesitan las  $m$  soluciones de mejor desempeño en cada iteración para garantizar la convergencia del algoritmo, permitiendo seleccionar nuevas soluciones (círculos rojos) cuyo ajuste sea más cercano al comportamiento de la serie temporal analizada. El algoritmo de META-COVID19 se muestra a continuación.

**Algoritmo 1** META-COVID19 Pseudocódigo (De Anda-Suárez et al., 2022)

**Requiere:**  $n$ : tamaño de población,  $y(t)$ : serie de tiempo.

**Asegura:**  $F^*(t; x)$ : Mejor solución.

- 1:  $T \leftarrow 0$ : Iteración actual.
- 2:  $J_0 \leftarrow$  poblacionInicial( $n, \mu_0 = 0, \nu_0 = 1$ ).
- 3: Evaluar( $J_T, y(t)$ ).
- 4:  $F^*(t; x) \leftarrow$  obtenerMejorSolucion( $J_T$ ).
- 5: **while**  $f^*(x) \leq \epsilon$  **do**
- 6:  $S \leftarrow$  obtenerMejoresSoluciones( $J_T, m$ ).
- 7:  $\mu_{T+1}, \nu_{T+1} \leftarrow$  actualizarOperadoresSelección( $S$ ).
- 8:  $J_{T+1} \leftarrow$  nuevaPoblacion( $n, \mu_{T+1}, \nu_{T+1}$ ).
- 9: Evaluar( $J_{T+1}, y(t)$ ).
- 10:  $F^*(t; x) \leftarrow$  obtenerMejorSolucion( $J_T$ ).
- 11:  $T \leftarrow T + 1$ .
- 12: **end while**
- 13: **return**  $F^*(t; x)$ .

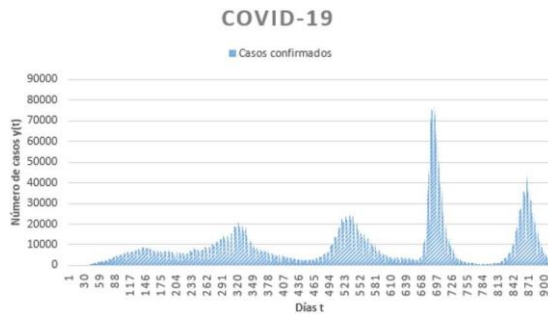
## B. CONFIGURACIÓN EXPERIMENTAL

Para este trabajo nos enfocamos en las series de tiempo para casos positivos confirmados de COVID-19, influenza, dengue y sarampión reportados en México. Se utilizaron los datos disponibles de la Secretaría de Salud de México (Secretaría de Salud, 2022). La información se actualiza de manera periódica en esta plataforma e incluye conjuntos de datos tomados de un modelo epidemiológico centinela.

Sin embargo, estos datos no se encontraban en un formato adecuado para el análisis mediante algoritmos de inteligencia artificial. Por lo tanto, se necesitó un proceso de ingeniería de datos para preparar la información antes de llevar a cabo la caracterización propuesta en este trabajo. Cabe mencionar que la experimentación fue llevada a cabo utilizando los datos disponibles a la fecha de creación de este artículo (Octubre de 2022), pero puede ser aplicado para datos recolectados en cualquier momento. Las Figuras 2, 3, 4 y 5 muestran las series de tiempo de casos confirmados para cada enfermedad, las cuales serán caracterizadas por META-COVID19.

Figura 2

Series de tiempo para casos confirmados de COVID-19.



Nota. Elaboración propia

Figura 3

Series de tiempo para casos confirmados de Influenza.



Nota. Elaboración propia

Figura 4

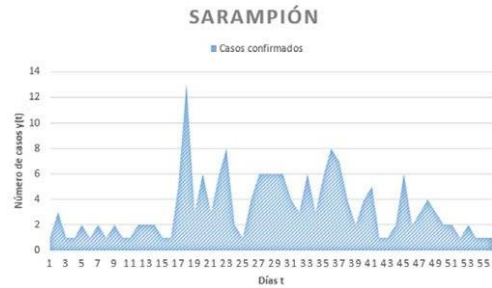
Series de tiempo para casos confirmados de Dengue.



Nota. Elaboración propia

Figura 5

Series de tiempo para casos confirmados de Sarampión.



Nota. Elaboración propia

### C. CONFIGURACIÓN DE PARÁMETROS

A continuación, se muestra la configuración de los parámetros para llevar a cabo la experimentación correspondiente con META-COVID19. Para esta experimentación se utilizó una población de  $n=50$  soluciones. Para calcular los operadores de selección  $\mu$  y  $\nu$ , se utilizan  $m=20$  (es decir, el 40% de la población) soluciones de mejor desempeño; es posible utilizar el 100%, sin embargo, esto conduce a un mayor costo computacional. Para el espacio de caracterización, como se detalló en la Sección II-A, los dominios se establecen de la siguiente manera:  $\eta \in [1,60]$ ,  $\alpha \in [-1,1]$ , y  $\beta \in [-1,10]$ .

Para cada experimento el criterio de paro se cumple cuando el error sea  $\epsilon \leq 1 \times 10^{-3}$ , o cuando el número de iteraciones sea de 50. Finalmente, para asegurar la consistencia de los resultados experimentales, cada experimento es ejecutado un total de 31 veces de manera independiente, y la mejor solución encontrada es guardada. La mediana y la desviación estándar de estos 31 experimentos se reportan en la Tabla 1.

La experimentación fue llevada a cabo en una computadora convencional con un sistema operativo Ubuntu, un procesador Intel i5 y una memoria RAM de 8GB. El algoritmo META-COVID19 fue implementado en el lenguaje de programación Python. La siguiente sección muestra los resultados obtenidos para esta configuración de parámetros.

### III. RESULTADOS O AVANCES

En la Tabla 1, se muestran los mejores parámetros fundamentales para la combinación lineal de polinomios de Jacobi (es decir, solución), así como su correspondiente valor de aptitud  $f^*(x)$  para cada epidemia. Asimismo, se muestran la mediana y la desviación estándar de los 31 experimentos.

**Tabla 1**

Los mejores parámetros fundamentales encontrados para aproximar una serie temporal epidémica, así como la media y la desviación estándar de 31 experimentos.

Epidemia	$\alpha$	$\beta$	$n$	$f^*(x)$	Mediana	SD
COVID-19	8.13E-01	-5.41E-01	60	6.13E-02	6.15E-02	7.67E-05
Influenza	8.48E-01	-5.70E-01	59	6.74E-02	9.57E-02	6.01E-03
Dengue	1.11E-01	-2.33E-02	60	9.89E-02	1.23E-01	5.60E-03
Sarampión	3.58E-01	-3.99E-01	52	1.47E-01	1.71E-01	1.03E-02

Nota. Elaboración propia

Como puede observarse para estos experimentos el mejor polinomio encontrado fue para COVID-10 con un valor de aptitud mediana de 6.15E-2 seguido de influenza. Esto puede deberse a la cantidad de datos disponibles, ya que la serie temporal de COVID-19 se compone de datos reportados diariamente, por el contrario, las otras series temporales se componen de datos semanales. La Tabla 2 muestra los coeficientes  $a_j$  de la combinación lineal de polinomios de Jacobi (es decir, soluciones) para ajustarse a las series temporales de epidemias que se muestran en las Figuras 2, 3, 4 y 5; para realizar esta tarea también se utilizaron los parámetros fundamentales reportados en la Tabla 1, según la Ec. 1.

**Tabla 2**

LCoeficientes  $a_j$  de las soluciones para ajustar la serie temporal de la epidemia

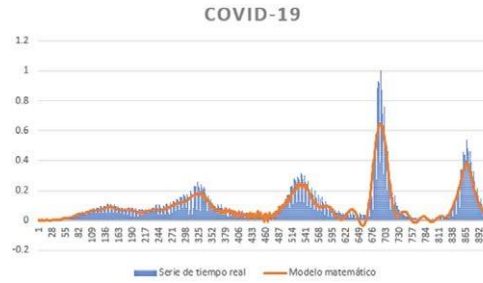
$a_j$	COVID-19	Influenza	Dengue	Sarampión	$a_j$	COVID-19	Influenza	Dengue	Sarampión
1	0.05	442.39	-272.08	-201494.55	31	-0.10	-1728.71	2600.59	260618.46
2	0.08	-757.83	966.99	493683.42	32	-0.05	1245.78	-3546.08	-582784.87
3	-0.04	989.35	-1168.62	-521378.26	33	0.02	-1539.89	2395.04	144917.16
4	0.02	-1024.16	2124.15	848769.61	34	0.07	918.70	-3200.49	-380545.92
5	-0.02	1219.38	-1919.93	-596910.43	35	0.06	-1292.86	2033.30	68449.18
6	-0.03	-1031.10	3085.99	1037394.60	36	-0.01	622.54	-2666.07	-221534.05
7	0.04	1270.96	-2476.41	-522904.05	37	-0.07	-1019.70	1588.79	25663.72
8	0.05	-848.48	3764.40	1064553.99	38	-0.05	381.65	-2047.82	-113064.16
9	0.05	1171.67	-2791.44	-335482.79	39	0.01	-751.89	1135.97	6271.25
10	-0.01	-515.50	4093.86	934320.22	40	0.03	206.08	-1441.29	-49328.45
11	0.03	942.20	-2835.43	-72541.01	41	0.05	-513.49	733.93	-96.20
12	-0.02	-74.94	4037.96	666602.85	42	0.04	93.40	-920.89	-17685.93
13	-0.15	606.03	-2602.90	222272.62	43	-0.03	-321.31	419.77	-1003.01
14	-0.02	424.07	3598.54	298975.22	44	-0.08	30.94	-524.70	-4867.13
15	0.13	194.47	-2114.68	503369.53	45	-0.04	-180.56	204.33	-525.60
16	0.07	928.98	2814.26	-116759.73	46	0.04	3.43	-259.79	-892.42
17	-0.05	-256.28	-1418.18	729656.62	47	0.07	-88.56	77.78	-133.56
18	-0.09	1386.38	1763.46	-521746.68	48	0.02	-4.68	-106.12	-68.02
19	-0.07	-707.39	-585.08	871316.63	49	-0.03	-35.98	17.03	-7.02
20	0.01	1750.38	554.63	-859748.26	50	-0.05	-4.58	-31.96	5.24
21	0.09	-1119.57	297.03	914974.85	51	-0.05	-10.57	-3.62	4.24
22	0.07	1986.13	-683.86	-1087367.37	52	0.02	-2.22	-4.72	-0.67
23	-0.01	-1459.06	1133.14	865579.93	53	0.07	-1.35	-5.86	--
24	-0.04	2075.71	-1819.62	-1182306.76	54	0.02	-1.03	1.64	--
25	-0.03	-1698.94	1835.48	744167.95	55	-0.02	0.64	-2.70	--
26	-0.04	2020.39	-2736.10	-1147221.98	56	-0.02	-0.15	0.77	--
27	-0.01	-1823.63	2334.33	581840.67	57	-0.05	0.38	-0.40	--
28	0.09	1839.40	-3347.36	-1007687.36	58	0.02	-0.24	0.18	--
29	0.09	-1830.40	2590.77	411619.03	59	0.02	-0.09	0.38	--
30	-0.04	1567.01	-3614.27	-804539.16	60	0.01	--	-0.06	--

Nota. Elaboración propia

Para ejemplificar gráficamente el desempeño de las mejores soluciones encontradas por META-COVID19 mostramos en las Figuras 6, 7, 8 y 9 el ajuste logrado utilizando los parámetros que se muestran en la Tabla 1.

**Figura 6**

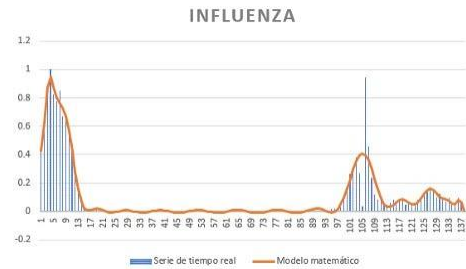
Aproximación de la solución a la serie temporal del COVID-19.



Nota. Elaboración propia

**Figura 7**

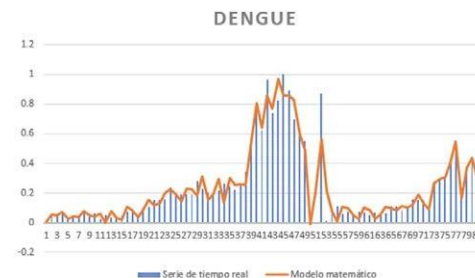
Aproximación de la solución a la serie temporal del Influenza



Nota. Elaboración propia

**Figura 8**

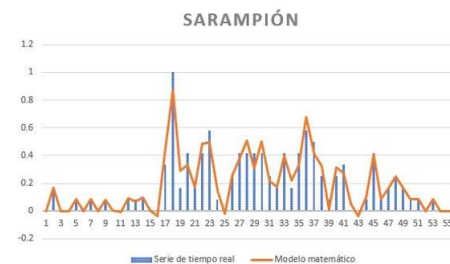
Aproximación de la solución a la serie temporal del Dengue.



Nota. Elaboración propia

**Figura 9**

Aproximación de la solución a la serie temporal del Sarampión.



Nota. Elaboración propia

En general, los resultados gráficos muestran que META-COVID19 es capaz de lograr un ajuste en cada una de las series temporales utilizadas en este estudio. Cabe mencionar que, como se indicó en la Sección II.B, la información proporcionada por el departamento de salud de México requiere un procesamiento de ingeniería de datos, por lo que los datos de entrada influyen directamente en el resultado de la aproximación.

### A. EJEMPLO DE APLICACIÓN

A continuación, se muestra un ejemplo de aplicación del modelo polinomial encontrado para la serie temporal de COVID-19. Usando la propiedad derivada de los polinomios de Jacobi, es posible calcular la pendiente de los cambios para COVID-19. La Tabla 3 muestra los resultados.

Tabla 3

Cambio de pendiente.

Días (t)	Cambio de pendiente (casos confirmados)
250	1.18E+06
333	-9.28E+05
110	4.39E+04

Nota. Elaboración propia

El cálculo de la derivada es sencillo y se pueden calcular otras características a partir de los modelos polinomiales encontrados por META-COVID19. Algunos de ellos se enumeran a continuación:

- Diferenciación en el espacio de frecuencias.
- Obtener el valor esperado.
- Obtener la función de distribución de probabilidad.
- Integración.
- Proyección ortogonal.

Asimismo, los datos pueden ser interpolados matemáticamente para otro tipo de tratamiento epidemiológico.

## IV. DISCUSIÓN DE RESULTADOS Y CONTRASTE CON OTRAS TÉCNICAS

Además de nuestra propuesta, en el estado del arte identificamos dos enfoques para realizar el ajuste de series de tiempo.

- Redes Neuronales Artificiales (RNAs).
- Métodos numéricos: Regresión e Interpolación.

En cuanto a las RNAs, en (De Anda-Suárez et al., 2022) se realizó una comparación sobre el desempeño de una RNA en contra de META-COVID19, logrando resultados estadísticamente similares, sin embargo, una RNA necesita de múltiples parámetros y un proceso de entrenamiento, haciendo computacionalmente costoso el ajuste de las series temporales involucrando más tiempo; además, un aspecto diferenciador es que las RNAs no son capaces de retornar un modelo matemático explícito del cual se pueda obtener información con garantías matemáticas, aspecto en el cual META-COVID19 muestra superioridad.

A diferencia de las RNAs, los métodos numéricos de Regresión e Interpolación, sí son capaces de retornar una función analizable explícita. Sin embargo, el problema principal es que se necesita información a priori sobre los datos para determinar la mejor configuración de parámetros para que los métodos numéricos funcionen correctamente. En el caso de la regresión se necesita conocer la distribución de los datos para poder elegir la función de ajuste adecuada, y en el caso de la interpolación se necesita establecer el grado y otros parámetros inherentes del método.

Todos estos procesos implican realizar un estudio exhaustivo a mano (por un experto humano) para establecer los parámetros adecuados, y eso es precisamente lo que estamos evitando con nuestra propuesta, esto al implementar una metaheurística capaz de encontrar de manera automática y sin información a priori, un modelo polinomial que se ajusta a la serie de tiempo. Por lo tanto, consideramos que una comparación directa entre META-COVID19 y los métodos mencionados es inapropiada.

Finalmente, es importante mencionar que META-COVID19 no requiere un proceso de entrenamiento ni información a priori y sólo requiere un único parámetro, el cual es el tamaño de la población de polinomios, esto lo hace un algoritmo fácil y simple de implementar. El tiempo de ejecución para estos experimentos está en el orden de los segundos, éste varía dependiendo de la cantidad de datos.

## V. CONCLUSIONES

En este trabajo se utilizó un enfoque metaheurístico para caracterizar automáticamente la propagación de cuatro epidemias: COVID-19, Influenza, Dengue y Sarampión a través del análisis de series temporales de casos positivos confirmados, esto sin conocimiento previo de los datos y sin involucrar a un experto humano. Los resultados presentados en la Sección III, muestran que META-COVID19 es capaz de ajustar las series de tiempo con un error cercano a  $1E-3$  y con una desviación estándar menor a  $7.7E-5$ .

Como se mostró en la Sección III.A, es posible obtener características epidemiológicas de las series de tiempo con ciertas garantías matemáticas. Sin embargo, la precisión de dicha información estará relacionada con el error de ajuste de dicho modelo con respecto a la serie de tiempo epidemiológica.

A partir de la discusión presentada en la Sección IV, podemos concluir que META-COVID19 es una herramienta poderosa, de bajo costo computacional y que se puede utilizar de manera simple, ya que sólo requiere configurarse un único parámetro.

Como trabajo futuro, realizaremos un estudio sobre diferentes series de tiempo de epidemias en diferentes países. Asimismo, estudiaremos con más detalle las propiedades de los modelos polinomiales encontrados por META-COVID19, de tal manera que la información obtenida pueda fortalecer y complementar otras técnicas de vanguardia, por ejemplo, el modelo epidemiológico SIR que evalúa la población Susceptible, Infectada y Recuperada.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

- Alchon, S. A. (2003). A pest in the land: new world epidemics in a global perspective. UNM Press, pp. 109–143.
- De Anda-Suárez, J., Calzada-Ledesma, V., Gutiérrez-Hernández, D. A., Santiago-Montero, R., Villanueva-Jiménez, L. F., & Rodríguez-Miranda, S. (2022). A novel metaheuristic framework based on the generalized Boltzmann distribution for COVID-19 spread characterization. *IEEE Access*, 10, 7326-7340.
- Ioannidis, J. P., Cripps, S., & Tanner, M. A. (2020). Forecasting for COVID-19 has failed. *International journal of forecasting*.
- Jewell, N. P. (2003). *Statistics for epidemiology*. Chapman and hall/CRC.
- Martha, C. (2022, January 4). Statista Research Department. Statista. <https://es.statista.com/temas/7646/el-sector-de-la-salud-en-mexico/>
- Melin, P., Monica, J. C., Sanchez, D., & Castillo, O. (2020, June). Multiple ensemble neural network models with fuzzy response aggregation for predicting COVID-19 time series: the case of Mexico. In *Healthcare* (Vol. 8, No. 2, p. 181). MDPI.
- Saba, A. I., & Elsheikh, A. H. (2020). Forecasting the prevalence of COVID-19 outbreak in Egypt using nonlinear autoregressive artificial neural networks. *Process safety and environmental protection*, 141, 1-8.
- Saltelli, A., Bammer, G., Bruno, I., Charters, E., Di Fiore, M., Didier, E., ... & Vineis, P. (2020). Five ways to ensure that models serve society: a manifesto.
- Secretaría de Salud (2022, September 01). Datos Abiertos Dirección General de Epidemiología. Gobierno de México. <https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127>
- Szeg, G. (1939). *Orthogonal polynomials* (Vol. 23). American Mathematical Soc.
- Tuli, S., Tuli, S., Tuli, R., & Gill, S. S. (2020). Predicting the growth and trend of COVID-19 pandemic using machine learning and cloud computing. *Internet of Things*, 11, 100222.
- Wang, P., Zheng, X., Li, J., & Zhu, B. (2020). Prediction of epidemic trends in COVID-19 with logistic model and machine learning technics. *Chaos, Solitons & Fractals*, 139, 11005.

