


## Dos enfoques matemáticos epidemiológicos para modelar el comportamiento de los decesos causados por el COVID-19

Two epidemiological mathematical approaches to model the behavior of deaths caused by COVID-19

Jeinny Peralta Polo 

Universidad Nacional Abierta y a Distancia, Colombia

Universidad del Atlántico, Colombia

Miguel Antonio Caro Candezano , Leonardo Niebles Núñez 

Universidad del Atlántico, Colombia

### Open Access

#### Recibido:

1 de junio de 2020

#### Aceptado:

29 de junio de 2020

#### Publicado:

28 de julio de 2020

#### Correspondencia:

[jeinny.peralta@unad.edu.co](mailto:jeinny.peralta@unad.edu.co)

#### DOI:

<https://doi.org/10.17081/invinno.8.2.4257>



© Copyright: Investigación e Innovación en Ingenierías

### Resumen

**Objetivo:** Comparar dos modelos epidemiológicos matemáticos determinísticos de la literatura, para simular la curva de decesos en el departamento del Atlántico causados por el COVID-19. **Metodología:** El primer modelo propuesto para simular el número de decesos por el COVID-19 es el de Tappe. Este enfoque se basa en el comportamiento exponencial de la curva del número de decesos, e inicialmente fue usado por el autor con los datos disponibles del número de muertos en China. El otro modelo propuesto es el SIRD, una extensión del modelo SIR, que divide la población entre susceptibles, infectados, muertos y recuperados. **Resultados:** Los resultados obtenidos a partir de los dos modelos, en las fechas estipuladas, mostraron que, comparados con los datos tomados del INS, ambos describen un comportamiento relativamente similar. Sin embargo, al analizar una proyección realizada para noventa días, treinta días después de la fecha final de análisis (26 de mayo), se observa que el modelo SIRD describe una curva de crecimiento mayor que la del modelo de Tappe, esto se debe, probablemente, a la inserción de más variables en el modelo. **Conclusiones:** Al ser SIRD un modelo más completo, con mayor número de variables representativas de la población, la proyección realizada con éste es más confiable que la realizada con el modelo de Tappe. Para estudios futuros se pretende incorporar la población de los expuestos para describir el número de decesos, en un modelo SEIRD, en este departamento.

**Palabras claves:** COVID-19, coronavirus, modelos epidemiológicos, modelo SIRD.

### Abstract

**Objective:** To compare two deterministic mathematical epidemiological models from the literature, to simulate the death curve in the Atlantic department caused by COVID-19. **Methodology:** The first model proposed to simulate the number of deaths by COVID-19 is that of Tappe. This approach is based on the exponential behavior of the death number curve, and was initially used by the author with the available data on the number of deaths in China. The other model proposed is the SIRD, an extension of the SIR model, which divides the population between susceptible, infected, dead and recovered. **Results:** From the obtained results of both models, comparing with the available data from INS, both models reach similar behavior. However, when analyzing the projection for the next 30 days from the 26th may, it is observed that the curve of number of deaths is greater in the SIRD model than the Tappe's model, probably due to the adding of more variables on the model. **Conclusions:** As SIRD is a more complete model that involves a wide number of variables of population, the projection made with this model is more reliable than that made with the Tappe's model. For future studies, the aim is to incorporate the population of those exposed to describe the number of deaths, in a SEIRD model, in the department of Atlántico.

**Keywords:** COVID-19, coronavirus, epidemiological models, SIRD model.

**Como citar (IEEE):** J. Peralta - Polo., M.A. Caro - Candezano., y L. Niebles - Núñez, "Dos enfoques matemáticos epidemiológicos para modelar el comportamiento de los decesos causados por el COVID-19", Investigación e Innovación en Ingenierías, vol. 8, n° 2, 2020. DOI: <https://doi.org/10.17081/invinno.8.2.4257>

## Introducción

El coronavirus (COVID-19) es un virus que causa infecciones respiratorias entre las personas. Sus principales medios de transmisión son tos, estornudo y al hablar, es decir, cuando se diseminan partículas de saliva de la persona infectada en el ambiente [1]; varias discusiones a nivel científico se han presentado, en las que se analiza si el virus también puede ser transmitido al tocar objetos que hayan sido previamente contaminados por personas infectadas y si infectados asintomáticos también son vectores de propagación. El primer caso fue referenciado en diciembre de 2019 en Wuhan, China, diseminándose rápidamente a todo el país y otras partes del mundo, pasando por Italia, España, para luego llegar a los Estados Unidos de forma mortífera, ver [2]. En marzo de 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró el COVID-19 como pandemia.

Con el propósito de contener la diseminación del virus las entidades gubernamentales han propuesto diferentes tipos de estrategias, entre estas, cuarentenas, distanciamiento social, educación social en salud. En la medida que ha avanzado el tiempo, se ha notado la imposición de medidas más severas de restricción, así como la relajación de éstas, por la necesidad de dar apertura laboral para la subsistencia de la población. Cabe anotar que existen estudios sobre la importancia del distanciamiento social para reducir los índices de incidencia de la epidemia, como por ejemplo en [3].

En ese orden de ideas, para auxiliar la toma de decisiones de los organismos gubernamentales de salud que deben determinar acciones para mitigar los efectos de la pandemia en la población, se implementan modelos matemáticos en epidemiología. Estos modelos juegan un rol importante porque permiten realizar proyecciones del comportamiento de la enfermedad a futuro, llevando en cuenta naturalmente márgenes de error y simplificaciones realizadas en ellos.

En estos cinco primeros meses del año han aparecido un sinnúmero de estudios que describen modelos matemáticos epidemiológicos del COVID-19. Estos modelos usan varios enfoques matemáticos como, por ejemplo, determinísticos, probabilísticos, de inteligencia artificial de aprendizaje de máquina o también elementos de Big Data, entre estos estudios referenciamos [4, 5, 6, 7, 8, 9]. En [10] es presentado un punto de vista sobre la importancia y la rigurosidad de los modelos matemáticos como contribución en la toma de decisiones para la reducción de las muertes e infectados de la epidemia. Los autores de [11] hacen una revisión sobre los modelos matemáticos y el COVID-19. En [12] se estudia y compara la dinámica temporal de la epidemia del COVID-19 en China, Italia y Francia. Entre otros estudios, una combinación de métodos bayesianos y de un modelo de meta- población dinámica de la epidemia es realizado en [13].

De la misma forma, encontramos en la literatura científica diferentes estudios que describen el comportamiento epidemiológico del COVID-19 en Colombia, citamos, por ejemplo, [14, 15]. En ambos trabajos se implementó el método SIR de Kermack y Mackendrick [16], para modelar el pronóstico de la pandemia en Colombia.

El propósito principal de este estudio es realizar un análisis comparativo de dos enfoques epidemiológicos basados en modelos matemáticos determinísticos que describen el comportamiento de la curva del número de decesos por el COVID-19 en el departamento del Atlántico- Colombia. Se usaron los datos presentados por el Instituto Nacional de Salud el 26 de mayo de 2020 para Barranquilla y el departamento del Atlántico, [17]; para la obtención de resultados se toman los datos a partir del día 27 de marzo de 2020, que fue el día que se produjo el primer deceso en el departamento del Atlántico. Este estudio aportaría un insumo más de análisis del desarrollo de la pandemia COVID-19, particularmente, en el departamento del Atlántico. Los cálculos numéricos fueron realizados con el software matemático MATLAB.

## Metodología

### Descripción matemática de los modelos

El primer modelo usado en este estudio es un enfoque deducido a partir de valores empíricos propuesto por Tappe [18]. Este modelo es de simple implementación, no conlleva elementos complejos matemáticos, por el contrario, usa apenas elementos propios de un curso de educación media, y que permite su comprensión por parte de cualquier estudiante promedio de pregrado en Ingeniería o Ciencias Básicas.

En [18] el número de muertos es definido como:

$$D(t) = \exp(L(t)), [t_1, \infty). \quad (1)$$

Donde  $L(t): [t_1, \infty) \rightarrow \mathbb{R}^+$  es una función definida a trozos definida en (2).

Sea  $T_1 \in (t_1, \infty)$  el número de días que demora para que se puedan observar los efectos surgidos por las medidas tomadas por el gobierno. En este trabajo, se adopta el valor  $T_1 = 17$ , tal como se hizo en [18]. Básicamente la propuesta de Tappe consiste en calcular los valores  $L(t)$  teniendo en cuenta que a partir del día  $T_1$  la curva de crecimiento del número de muertos pasa de ser convexa a ser cóncava, ver Figura 1. Razonamiento válido, ya que al dar resultados las medidas de restricción gubernamentales la curva de crecimiento de muertos se desacelera.

Para la realización del modelo, se toma un conjunto de valores de los decesos  $(d_1, d_2, \dots, d_n)$  para cada valor del tiempo  $(t_1, t_2, \dots, t_n)$ , y se considera  $l_i$ , como  $l_i = \ln(d_i)$ , para  $i = 1, \dots, n$ . Además,  $t_n \leq T_1$ . En este trabajo, se toma  $n = 14$ . La función  $L(t)$  se define entonces cómo

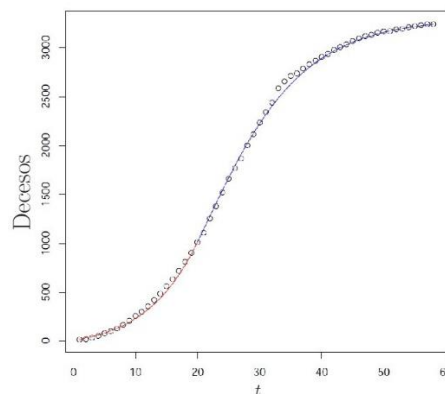
$$L(t) = \begin{cases} l_1 + (l_n - l_1) \left( \frac{t-t_1}{t_n-t_1} \right)^\beta, & \text{si } t \in (t_1, T_1]; \\ L(T_1) + \lambda(1 - \exp(-\nu(t - T_1))), & \text{si } t \in (T_1, \infty), \end{cases} \quad (2)$$

Con,

$$\nu = \frac{\beta}{\lambda} \cdot \frac{l_n - l_1}{t_n - t_1} \left( \frac{T_1 - t_1}{t_n - t_1} \right) \quad (3)$$

Los parámetros  $\beta \in (0,1]$  y  $\lambda > 0$  indican la concavidad de  $L(t)$  y la rigurosidad de las medidas adoptadas por el gobierno, respectivamente. Así, valores pequeños de  $\lambda$  significa que las medidas son más rigurosas, en cambio, valores mayores indican mayor suavización de las medidas adoptadas por el gobierno. Según nuestros cálculos, para que  $D(t)$  sea cóncava, es necesario que se cumpla que  $\lambda$  sea mayor que 1.

**Figura 1.** Número de muertos en China desde el 22 de enero hasta el 19 de marzo del 2020, con la función calculada  $D(t)$



**Fuente:** Adaptado de [18]

En este trabajo realizamos una calibración de los parámetros  $\beta, \lambda$ , por medio de la implementación del método de los mínimos cuadrados con restricciones positivas [19]. Dada la función  $F(D, p)$ , que calcula las soluciones numéricas de la ecuación  $D(t)$  dada por (1), siendo  $p = (\beta, \lambda)$ , y los datos disponibles de los decesos presentados en [17] del 27 de marzo del 2020, fecha del primer deceso, al 26 de mayo de 2020, para Barranquilla y el departamento del Atlántico; la calibración de los parámetros es obtenida al resolver el siguiente problema de minimización.

$$\min_p \frac{1}{2} \|F(D, p) - y\|_2^2 \tag{4}$$

$$\begin{aligned} 0 < \beta &\leq 1 \\ \lambda &> 0 \end{aligned}$$

El segundo modelo matemático es el SIRD, una extensión del modelo SIR, desarrollado por Kermack y Mackendrick [16], en el que la población es dividida en susceptibles, infectados y recuperados (Susceptible, Infected, Recovered). Esta extensión agrega una división más, los muertos (Dead). El modelo es descrito por un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias, dado por:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\alpha}{N}SI, \quad \frac{dI(t)}{dt} = \frac{\alpha}{N}SI - (\gamma_R + \gamma_D)I, \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma_R I, \\ \frac{dD(t)}{dt} &= \gamma_D I, \end{aligned} \tag{5}$$

en el que  $\alpha, \gamma_R, \gamma_D$  son los parámetros que determinan las tasas de infección, recuperación y muertes, respectivamente. El número total de la población, que para el caso del departamento Atlántico es  $N = 2517897$  [17], debe cumplir con la condición  $N = S + I + R + D$ .

Los parámetros  $\alpha, \gamma_R, \gamma_D$  fueron calibrados, de la misma forma como se hizo para el primer modelo, resolviendo un problema no lineal de mínimos cuadrados, i.e.: en el modelo SIRD, es definida la función  $u(t) = (S(t), I(t), R(t), D(t))$  que depende de los parámetros  $q = (\alpha, \gamma_R, \gamma_D)$ , y la matriz  $y$ , en la que cada fila corresponde a los datos disponibles de los susceptibles, infectados, recuperados y muertos del día  $t$ , donde  $t$ , como en el primer modelo, va desde el 27 de marzo del 2020 al 26 de mayo de 2020. Así, dada la función  $F(u, q)$ , que calcula la solución numérica  $u$  del sistema de ecuaciones diferenciales (5), la calibración de los parámetros es obtenida al resolver el problema de minimización.

$$\min_q \frac{1}{2} \|F(u, q) - y\|_2^2 \tag{6}$$

$$q \geq 0$$

Para ambos modelos, el problema de optimización se resuelve con el método denominado trust-region usado en la función de Matlab lsqnonlin. Para mayores detalles del método [19, 20].

## Resultados

Para la solución numérica de ambos modelos fue preciso calibrar los parámetros a partir de los datos presentados en [17] desde el 27 de marzo de 2020 hasta el 26 de mayo de 2020. Se usó el método de los mínimos cuadrados para resolver (4) y (6), para el primer modelo (Tappe) y para el segundo modelo (SIRD), respectivamente. La calibración arrojó los parámetros presentados en la Tabla 1.

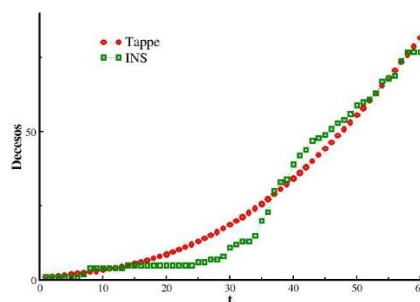
**Tabla 1.** Parámetros calibrados de los modelos de Tappe y SIRD

Tappe		SIRD		
$\beta$	$\lambda$	$\alpha$	$\gamma_R$	$\gamma_D$
0.7778	3.997	0.154	0.083	0.027

**Fuente:** Elaboración propia

A continuación, presentamos los resultados obtenidos con el modelo de Tappe y su comparación con los datos tomados del INS [17]. Anotamos que el número de días en los que se presentaron decesos en el Departamento del Atlántico usado para la implementación de la metodología propuesta por Tappe fue de  $n=14$ , esto debido a que con valores de  $n$  mayores que 14 hasta 17 no observamos diferencias relevantes y para efectos de calibración es más conveniente tomar el menor valor.

**Figura 2.** Número de decesos en el Departamento del Atlántico del 27 de marzo al 26 de mayo, obtenido por la estrategia de Tappe, con calibración de parámetros y comparado con los datos reales del INS



**Fuente:** Elaboración propia

En la Figura 2 se puede observar que la curva aproximada por el modelo de Tappe es consistente y muy próxima de los valores reales. Se esperaba que para  $T_1 = 17$ , es decir, al día 12 de abril, se notara un cambio de concavidad en la curva, lo que no se evidencia claramente.

En la curva de los datos presentados por el INS observamos que en varios puntos se presentan cambios de concavidad, esto debido al

comportamiento dinámico de la velocidad de propagación del virus. Este comportamiento dinámico puede estar influenciando, junto con que las medidas no fueron lo suficientemente estrictas o no fueron acatadas rigurosamente por la población, en que no observemos de manera clara el cambio de concavidad en la curva obtenida con Tappe cuando  $T_1 = 17$ . Por otro lado, se debe tener en cuenta que, en el departamento Atlántico, y en general en Colombia, las medidas más estrictas fueron impuestas el 25 de marzo, día en el que aún no se presentaban fallecidos en el departamento y que cuando la primera cuarentena acabó, las medidas fueron flexibilizadas, lo que puede explicar que la curva de decesos haya mantenido su crecimiento, en especial después del 29 de Abril, cuando  $t = 34$  (17 días después del último día de medida estricta).

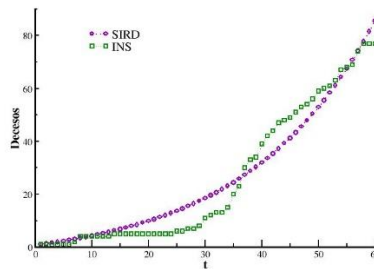
Los resultados del modelo SIRD, con los parámetros dados en la Tabla 1, se observan en la Figura 3. Al comparar con los datos presentados por el INS, se observa consistencia en el comportamiento del crecimiento de la curva.

La formulación como un sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIRD es más completa, debido a que esta consiste en cuatro ecuaciones con cuatro incógnitas dependientes del tiempo, que se utilizan para describir el comportamiento del número de susceptibles, infectados activos, recuperados y decesos; y que estas ecuaciones son parametrizadas por las tasas de infección, recuperación y mortalidad, lo que implica la calibración de más parámetros; en cambio el modelo de Tappe, es una única ecuación con una única variable y dos parámetros que describe la curva de decesos a partir de medidas tomadas por los entes gubernamentales.

En la Figura 4, se observa el comparativo entre los dos modelos y los datos presentados por el INS. En esta figura observamos que con los dos modelos la aproximación es buena. Ambas curvas de los modelos estudiados son muy próximas la una de la otra.

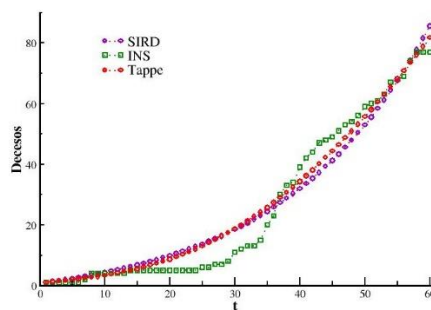
En la Figura 5, con una proyección de 30 días después del último día en que se hace la aproximación, se observa que la curva de los decesos por el modelo SIRD crece mucho más rápido que con el modelo de Tappe, tomando características de crecimiento exponencial. Cabe resaltar, que la proyección con el modelo de Tappe es basada sólo en el comportamiento que ha tenido la cantidad de decesos, sin embargo, la proyección con el modelo SIRD se fundamenta, además del comportamiento los decesos, en el comportamiento de la cantidad de infectados y recuperados. Lo que agrega más insumos para la obtención de resultados más confiables. De hecho, según los datos presentados el 14 de junio de 2020, día 80, por el INS [11], el número de decesos en Barranquilla y el departamento del Atlántico ascendió a 397 (valor que cambia en los datos presentados posteriormente a 440), siendo mayor a las proyecciones obtenidas con ambos modelos, y más próxima de la obtenida con el modelo SIRD.

**Figura 3.** Número de decesos en el Departamento del Atlántico del 27 de marzo al 26 de mayo, obtenido por el modelo SIRD con calibración de parámetros y comparado con los datos reales del INS



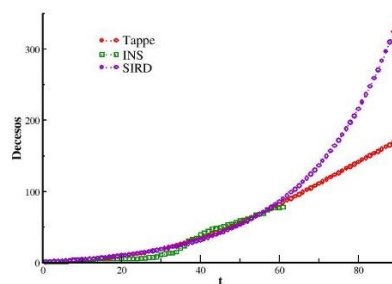
**Fuente:** Elaboración propia

**Figura 4.** Comparación del número de decesos en el Departamento del Atlántico del 27 de marzo al 26 de mayo entre los modelos Tappe, SIRD y los datos reales del INS



**Fuente:** Elaboración propia

**Figura 5.** Proyección en el número de decesos para los próximos 30 días a partir del día 26 de mayo



**Fuente:** Elaboración propia



Que la curva de decesos presente un cambio de concavidad, es decir, una disminución del crecimiento del número de decesos, depende mayoritariamente de las medidas de distanciamiento social, así como de la introducción de medidas más rigurosas de cuarentena y sobre todo del acatamiento de éstas por parte de la comunidad.

En la Tabla 2 presentamos los valores de los decesos en la proyección de los 30 días siguientes después del 26 de mayo por los métodos de Tappe y SIRD, así como los datos reales en esas fechas presentados por el INS en su informe del día 22 de julio. Notamos que, a medida que aumentamos en los días nos alejamos más de los valores proyectados, lo que claramente refleja un cambio en los parámetros obtenidos y una aceleración en la propagación del virus.

## Conclusiones

En este artículo se presentó un análisis del número de decesos en el departamento del Atlántico con dos modelos matemáticos epidemiológicos: el presentado por Tappe y el modelo SIRD, extensión del modelo SIR. La simulación de los dos modelos fue realizada entre el 27 de marzo y el 26 de mayo. Los resultados mostraron que, comparados con los datos reales obtenidos por el INS, ambos modelos describen comportamientos muy parecidos entre esas fechas. Pero al analizar una proyección realizada para noventa días, treinta días después de la fecha final de análisis, el 26 de mayo, se observa que el modelo SIRD describe una curva de crecimiento más acelerada que la del modelo Tappe. A lo que se concluye que el modelo SIRD, incorpora más información al modelo, tres incógnitas más: susceptibles, infectados y recuperados, que influyen en el desarrollo de la curva de decesos, por lo tanto, es más completo al describir el comportamiento de la epidemia. Podría pensarse que para la proyección del número de muertos sólo bastaría implementar el modelo empírico de Tappe, cuya simplicidad matemática es notoria, evitando la complejidad de resolver sistemas de ecuaciones diferenciales. Pero cabe recordar que este modelo no incluye el comportamiento del resto de la población, comportamiento que influye en el desarrollo de la epidemia.

**Tabla 2.** Números de decesos en las proyecciones hechas con Tappe, SIRD y los datos disponibles en el INS

Fecha	Tappe	SIRD	INS	Fecha	Tappe	SIRD	INS	Fecha	Tappe	SIRD	INS
27/05	87	94	83	06/06	117	149	231	16/06	147	236	508
28/05	90	98	92	07/06	120	156	255	17/06	150	247	541
29/05	93	103	98	08/06	123	163	274	18/06	153	259	580
30/05	96	108	111	09/06	126	171	302	19/06	156	271	611
31/05	99	113	120	10/06	129	180	324	20/06	159	283	643
01/06	102	119	134	11/06	132	188	353	21/06	162	296	675
02/06	105	124	151	12/06	135	197	381	22/06	165	309	710
03/06	108	130	179	13/06	138	206	407	23/06	168	324	748
04/06	111	136	193	14/06	141	216	440	24/06	171	339	781
05/06	114	142	212	15/06	144	226	468	25/06	174	355	818

**Fuente:** Elaboración propia

Como adición a este análisis resaltamos que en los datos que arrojan ambas simulaciones el cambio de concavidad no es apreciado, probablemente, debido al comportamiento dinámico de la velocidad de propagación del virus, así como, a una implementación temprana de unas medidas como cuarentena, restricciones de movilidad y de comercio entre otras, antes del surgimiento de los decesos por causa de la enfermedad y que adicionalmente tal vez no fueron acatadas rigurosamente por la población. La suavización de las medidas con el paso del tiempo, sumado a una indisciplina social conllevó al crecimiento de los contagios y por ende al de los decesos.

Notamos que, a medida que aumentamos en los días nos alejamos más de los valores proyectados, lo que claramente refleja un cambio en los parámetros obtenidos y una aceleración en la propagación del virus

Observamos, al comparar las proyecciones de ambas metodologías con los datos presentados por el INS, que a medida que aumentan los días estas quedan más alejadas, lo que nos permite concluir que las proyecciones obtenidas con los parámetros calibrados son confiables para una cantidad pequeña de días, nuevamente, debido al comportamiento dinámico de la propagación del virus.

Concluimos resaltando que la velocidad de propagación del virus y por ende el crecimiento de la curva de decesos dependen directamente de las medidas tomadas; es necesario que estas sean más drásticas y que se dé un cumplimiento estricto de la cuarentena y al distanciamiento físico, además de crear una mayor conciencia en las medidas de cuidado para evitar el contagio.

## Referencias bibliográficas

1. Panamerican Health Organization, [www.pho.com](http://www.pho.com)
2. Corona Virus Resource Center, Johns Hopkins University & Medicine. Disponible en: <https://coronavirus.jhu.edu/>
3. E.M.L. Aquino, I.H. Silveira, J.M. Pescarini, R. Aquino., and J.A. Souza-Filho, "Social distancing measures to control the COVID-19 pandemic: potential impacts and challenges in Brazil. Social distancing measures to control the COVID-19 pandemic: potential impacts and challenges in Brazil", *Ciência & Saúde Coletiva*, vol .25, pp. 2423-2446. DOI: <https://dx.doi.org/10.1590/1413-81232020256.1.10502020>
4. J. Jia, J. Ding, S. Liu, G. Liaq, J. Li, B. Duan, G. Wang., and R. Zhang, "Modeling the control of COVID-19: Impact of policy interventions and meteorological factors," *arXiv*, 2020.
5. W. C. Roda, M.B. Varughese, D. H. Michael and Y. Li, "Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic?", *Infectious Disease Modell*, vol. 5, pp. 271 – 281, 2020, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.03.001>
6. E.L. Piccolomini and F. Zama, "Preliminary analysis of COVID-19 spread in Italy with an adaptive SEIRD model," *arXiv*, 2020.
7. S. Tuli, S. Tuli, R. Tuli., and S. Singh Gill, (2020, may), "Predicting the growth and trend of COVID-19 pandemic using machine learning and cloud computing", *Internet of Things*, vol. 11, pp. 1-16, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.iot.2020.100222>
8. M. Niazkar., and H.R. Niazkar, "COVID-19 Outbreak: Application of Multi-gene Genetic Programming to Country-based Prediction Models", *Electron J. Gen. Med*, vol 17, n°. 5., pp. 1 –7, 2020. DOI: <https://doi.org/10.29333/ejgm/8232>
9. G.R Shinde, A.B Kalamkar, P.N. Mahalle, N. Dey, J. Chaki & A.E. Hassanien, "Forecasting Models for Coronavirus Disease (COVID-19): A Survey of the State-of-the-Art", *SN COMPUT. SCI.* 1, 197, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42979-020-00209-9>
10. NP. Jewell, JA. Lewnard., and BL. Jewell. "Predictive Mathematical Models of the COVID-19 Pandemic: Underlying Principles and Value of Projections", *JAMA*, vol. 323, n°.19, pp. 1893–1894, 2020. DOI. <https://doi:10.1001/jama.2020.6585>
11. A.E.K. Grillo, T.J. Santaella, R. Guerrero. L.E. Bravo, "Modelos matemáticos y el COVID-19", *Colomb.Med*, vol. 51, n°. 2. 2020; DOI: <https://doi.org/10.25100/cm.v51.i2.4277>

12. D. Fanelli, F. Piazza, "Analysis and forecast of COVID-19 spreading in China, Italy and France", *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 134, pp. 1 – 5. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109761>.
13. R. Li, S. Pei, B. Chen, Y. Song, T. Zhang, W. Yang, J. Shaman, "Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV2)", *Science*, vol. 368, n°. 6490, pp. 489-493. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.abb3221>
14. C. De Castro. "SIR model for COVID-19 calibrated with existing data and projected for Colombia," *arXiv*, 2020.
15. F.G. Manrique-Abril, C.A. Agudelo-Calderon, V.M. González-Chordá, O. Gutiérrez-Lesmes, C. F. Téllez-Piñerez y G. Herrera-Amaya, "Modelo SIR de la pandemia de Covid-19 en Colombia", *Rev. Salud Pública*, vol. 22, pp. 1- 9, 2020. DOI: <https://doi.org/10.15446/rsap.V22.85977>
16. W. O. Kermack, A. G. McKendrick and Gilbert Thomas Walker, "A contribution to the mathematical theory of epidemics", *Proc. R. Soc. Lond.* 1927. DOI: <http://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
17. Coronavirus (COVID-2019) en Colombia. Instituto Nacional de Salud (INS), <https://www.ins.gov.co/Noticias/Paginas/Coronavirus.aspx>
18. S. Tappe, "A simple mathematical model for the evolution of the corona virus," *arXiv*, 2020.
19. F. Zama, D. Frascari, D. Pinelli, A. E. M. Bacca, "Parameter estimation algorithms for kinetic modeling from noisy data", *System Modeling and Optimization, Springer International Publishing*, pp. 517–527, 2016.
20. B. Morini, M. Porcelli, "TRESNEI, a Matlab trust-region solver for systems of non linear equalities and inequalities", *Comput. Optim. Appl.* vol. 51, pp. 27–49 ,2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10589-010-9327-5>