

INSTITUTO TECNOLÓGICO DE TIJUANA

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO E INVESTIGACIÓN



DESARROLLO DE MODELOS HÍBRIDOS INTELIGENTES PARA CLASIFICACIÓN, AGRUPACIÓN Y PREDICCIÓN EN APLICACIONES MÉDICAS USANDO REDES NEURONALES Y LÓGICA DIFUSA

TRABAJO DE TESIS

Presentado por:

JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO

Para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN COMPUTACIÓN

Director de Tesis:

DRA. ELBA PATRICIA MELIN OLMEDA

Co-Director de Tesis:

DRA. DANIELA ADRIANA SÁNCHEZ VIZCARRA

TIJUANA, B.C., FEBRERO 2021



Instituto Tecnológico de Tijuana

Tijuana, Baja California,

12/febrero/2021

OFICIO No. 017/DEPI/2021

Asunto: Autorización de Impresión de Tesis

MARIBEL GUERRERO LUIS
JEFA DEL DEPARTAMENTO DE SERVICIOS ESCOLARES
PRESENTE

En lo referente al trabajo de tesis, "Desarrollo de modelos híbridos inteligentes para clasificación, agrupación y predicción en aplicaciones médicas usando redes neuronales y lógica difusa". Presentado por C. **Julio Cesar Mónica Temixqueño**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M1921005**; informo a usted que, a solicitud del comité de tutorial, tengo a bien **Autorizar la impresión de Tesis**, atendiendo las disposiciones de los Lineamientos para la Operación de Estudios de Posgrado del Tecnológico Nacional de México.

Sin más por el momento le envío un cordial saludo.

ATENTAMENTE

Excelencia en Educación Tecnológica
Por una juventud integrada al desarrollo de México



INSTITUTO TECNOLÓGICO DE TIJUANA

**DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO
E INVESTIGACIÓN**

YAZMIN MALDONADO ROBLES
JEFA DE DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO E INVESTIGACIÓN

ccp. Archivo
YMR/lap



Calzada del Tecnológico S/N Esq. Av. Castillo de Chapultepec
y calle Cuauhtemotzin, Fracc. Tomás Aquino C.P. 22414,
Tijuana, Baja California.

(664) 6078400 Ext. 101 / e-mail: dir_tijuana@tecnm.mx

tecnm.mx | tijuana.tecnm.mx





Asunto: Se autoriza impresión de Trabajo de Tesis

Tijuana, B.C., 10 de Febrero del 2021

C. DRA. YAZMIN MALDONADO ROBLES

Jefe de la Div. de Posgrado e Investigación
Presente.

En lo referente al trabajo de tesis escrito, con título "**Desarrollo de modelos híbridos inteligentes para clasificación, agrupación y predicción en aplicaciones médicas usando redes neuronales y lógica difusa**", presentado por el **C. JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M1921005**, informamos a usted que se autoriza el escrito de tesis y se aprueba en todas sus partes, en virtud de reunir los requisitos de un trabajo de grado de maestría y a la vez se autoriza a la interesado para que proceda de inmediato a la impresión del mismo y a presentar su examen de grado, ya que cumple con todos los requisitos.

ATENTAMENTE

DRA. ELBA PATRICIA MELIN OLMEDA
PRESIDENTE

DRA. DANIELA ADRIANA SANCHEZ VIZCARRA
SECRETARIO

DR. OSCAR CASTILLO LOPEZ
VOCAL

c.c.p. Oficina de Titulación
c.c.p. División de Estudios de Posgrado e Investigación
c.c.p. Expediente
c.c.p. Interesado

EPMO/*inf





**INSTITUTO TECNOLÓGICO DE TIJUANA
POSGRADO EN COMPUTACION**

Asunto: Se autoriza impresión de Trabajo de Tesis

Tijuana, B.C., 10 de Febrero del 2021

C. M.C. MARIBEL GUERRERO LUIS
Jefe del Depto. de Servicios Escolares
Presente.

En lo referente al trabajo de tesis escrito, con título "**Desarrollo de modelos híbridos inteligentes para clasificación, agrupación y predicción en aplicaciones médicas usando redes neuronales y lógica difusa**", presentado por el **C. JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M1921005**, informamos a usted que después de una minuciosa revisión, de acuerdo con lo establecido en el reglamento vigente para este caso, nuestro dictamen es: Se aprueba en todas sus partes, en virtud de reunir los requisitos de un trabajo de grado de Maestría y a la vez se autoriza al interesado para que proceda de inmediato a la impresión del mismo.

ATENTAMENTE

DRA. ELBA PATRICIA MELIN OLMEDA
PRESIDENTE

DRA. DANIELA ADRIANA SANCHEZ VIZCARRA
SECRETARIO

DR. OSCAR CASTILLO LOPEZ
VOCAL

- c.c.p. Oficina de Titulación
- c.c.p. División de Estudios de Posgrado e Investigación
- c.c.p. Expediente
- c.c.p. Interesado

EPMO/*inf



CARTA DECLARACIÓN DE PROPIEDAD INTELECTUAL

Tijuana, BC a 10 de febrero del 2021

Yo **JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO** reconozco que el Trabajo de Tesis de Maestría que realice durante mis estudios en la Maestría en Ciencias de la Computación del Instituto Tecnológico de Tijuana fue parte del Proyecto de Investigación Titulado: **DESARROLLO DE MODELOS HÍBRIDOS INTELIGENTES PARA CLASIFICACIÓN, AGRUPACIÓN Y PREDICCIÓN EN APLICACIONES MÉDICAS USANDO REDES NEURONALES Y LÓGICA DIFUSA No.952025** que desarrolla mi directora de tesis la **Dra. Elba Patricia Melin Olmeda** y del cual es responsable del proyecto de investigación. Por esta razón, los métodos, modelos, algoritmos, y software realizados, así como datos y resultados obtenidos durante el desarrollo de mi tesis de maestría son propiedad intelectual de mi Director de Tesis, del Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Tijuana y del Conacyt, y No podré utilizarlos por mi cuenta durante, Ni después de terminar mi beca o estudios, excepto a solicitud escrita para poder utilizarlos bajo una colaboración directa con mi directora de tesis la cual es responsable del proyecto de investigación. Por tanto, estoy de acuerdo en que No podre utilizar ni tomar modelos, ni datos utilizados en este proyecto de investigación y en el desarrollo de tesis para: presentaciones, publicaciones ni desarrollo de mi propia investigación que pudiera desarrollar una vez concluidos mis estudios.

Atentamente



JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO

Estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Tijuana, BC., 10 de febrero del 2021,

Yo, **JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO**, estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación, en mi calidad de autor manifiesto que este documento de tesis es producto de mi trabajo original y que no infringe los derechos de terceros, tales como derechos de publicación, derechos de autor, patente y similaridad. Por lo tanto, la obra realizada es de mi exclusiva autoría y no infringí en copiar el texto o imágenes, de fuentes de información por lo cual soy responsable del escrito que aquí se presenta.

Así mismo, declaro que en las citas textuales que he incluido (las cuales aparecen entre comillas) y en los resúmenes que he realizado de publicaciones ajenas, indico explícitamente los datos de los autores y las publicaciones.

En caso de presentarse cualquier reclamación o acción por parte de terceros en cuanto a los derechos de autor sobre la obra en cuestión, acepto toda la responsabilidad de tal infracción y relevo de esta a mi director de tesis, así como al Tecnológico Nacional de México, al Instituto Tecnológico de Tijuana y a sus respectivas autoridades.



JULIO CÉSAR MÓNICA TEMIXQUEÑO

Nombre completo del estudiante y firma autógrafa
Estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación

Resumen

En la presente tesis, se describe el diseño de modelos híbridos inteligentes para la agrupación, clasificación, y predicción utilizando redes neuronales modulares y sistemas difusos tipo-1 y el uso de algoritmos genéticos para la optimización de las técnicas antes mencionadas.

Para el módulo de clasificación el método consiste en optimizar los parámetros de las funciones de membresía entradas y salidas de un sistema difuso tipo-1 utilizando un algoritmo genético.

En el método de agrupación se utilizan los mapas autoorganizados de Kohonen para formar 4 agrupaciones según la gravedad de los casos detectados de COVID-19, diabetes e hipertensión y son mostrados en un mapa mundial al usar datos de diferentes países y en un mapa de México al usar datos de México y sus estados.

En el módulo para la predicción se utilizan redes neuronales modulares, con un integrador de valor mínimo, y un integrador difuso tipo-1, y un algoritmo genético para la optimización del número de neuronas de dos capas ocultas y se realizan pruebas estadísticas para comprobar si el método optimizado es mejor que el no optimizado.

Abstract

In this thesis, the design of intelligent hybrid models for grouping, classification, and prediction using modular neural networks and fuzzy type-1 systems and the use of genetic algorithms for the optimization of the aforementioned techniques is described.

For the classification module, the method consists of optimizing the parameters of the membership functions inputs and outputs of a type-1 fuzzy system using a genetic algorithm.

In the clustering method, Kohonen's self-organizing maps are used to form 4 classes according to the severity of the detected cases of COVID-19, diabetes and hypertension and are shown on a world map while using data from different countries and on a map of Mexico when using data from the Mexican states.

In the module for prediction, modular neural networks are used, with a minimum value integrator, and a type-1 fuzzy integrator, and a genetic algorithm for optimizing the number of neurons in two hidden layers and statistical tests are performed to verify if the optimized method is better than the non-optimized one.

Dedicatoria

Dedico esta tesis a mi esposa, a mis padres, hermana y hermanos que siempre están apoyándome en todo momento.

Agradecimientos

Agradecido con Dios por cuidarme en todo momento, por darme la oportunidad de cumplir otra meta y por darme la motivación de seguir adelante luchando para obtener excelentes resultados.

A mi esposa, a mis padres, a mis hermanos y hermana, a toda mi familia, por apoyarme siempre en todo momento y alentarme a seguir preparándome profesionalmente. Por guiarme en todo momento a ser mejor persona y luchar por mis sueños sin darme por vencido.

A mis amigos, por apoyarme en los distintos momentos de esta investigación.

A mis directores de tesis, a la Dra. Patricia Melin y a la Dra. Daniela Sánchez por brindarme de su conocimiento, por el apoyo y por guiarme en esta investigación. Estoy muy agradecido por la confianza y el apoyo que recibí en todo momento.

A mis maestros, que me han brindado de sus conocimientos y experiencias, las cuales me han ayudado mucho.

A CONACYT, por la beca número 952025 la cual fue parte fundamental para poder realizar esta maestría.

Índice General

Resumen	I
Abstract.....	II
Dedicatoria.....	III
Agradecimientos	IV
Índice General.....	V
Índice de Figuras	X
Índice de Tablas.....	XIII
1. Introducción	1
1.1 Objetivos	1
1.1.1 General	1
1.1.2 Específicos	1
1.2 Antecedentes	2
1.2.1 Antecedentes en relación al COVID-19.....	2
1.2.2 Antecedentes en relación a la Diabetes e Hipertensión.....	2
2 Marco teórico	5
2.1 Redes neuronales	5
2.1.1 La neurona biológica.....	5
2.1.2 Estructura básica de una red neuronal artificial.....	6
2.1.2.1 Función de entrada	7
2.1.2.2 Función de activación.....	8
2.1.2.3 Función de salida.....	9
2.1.3 Entrenamiento	9

2.1.3.1	Aprendizaje supervisado	9
2.1.3.1.1	Red neuronal autorregresiva no lineal	9
2.1.3.1.2	Red neuronal fitnet	10
2.1.3.2	Aprendizaje no supervisado	11
2.1.3.2.1	Mapas autoorganizados de Kohonen	11
2.2	Lógica difusa.....	13
2.2.1	Conjuntos difusos.....	13
2.2.2	Funciones de membresía	13
2.2.3	Operaciones básicas entre conjuntos difusos	14
2.2.3.1	Complemento.....	14
2.2.3.2	Unión	15
2.2.3.3	Intersección.....	15
2.2.4	Sistema de inferencia difusa.....	16
2.2.5	Tipos de sistemas difusos	16
2.2.6	Fuzificación	16
2.2.7	Defuzificación	17
2.3	Algoritmos genéticos	17
2.3.1	Operadores genéticos	17
2.3.1.1	Operador de selección	17
2.3.1.2	Operador de cruce.....	18
2.3.1.3	Operador de mutación	18
2.3.1.4	Condiciones de parada.....	19
3	Desarrollo.....	20
3.1	Base de datos.....	21
3.1.1	Base de datos COVID-19.....	21
3.1.2	Base de datos de Diabetes e Hipertensión.....	22
3.1.3	Base de datos de Diabetes (PIMA Indian Diabetes)	23
3.2	Arquitecturas.....	24

3.2.1	Arquitectura para el módulo de clasificación.....	24
3.2.2	Arquitectura para el módulo de agrupación	28
3.2.3	Arquitectura para el módulo de predicción	30
4	Resultados	36
4.1	Resultados de la clasificación	36
4.1.1	Método usando un sistema difuso y un algoritmo genético	36
4.1.1.1	Clasificación usando los datos de Diabetes PIMA	36
4.1.1.1.1	Usando 6 reglas difusas	36
4.1.1.1.2	Usando 13 reglas difusas	38
4.1.1.1.3	Comparación del método propuesto usando 6 y 13 reglas difusas	40
4.2	Resultados de la agrupación.....	41
4.2.1	Método de mapas autoorganizados de Kohonen.....	41
4.2.1.1	Caso 1 para datos de COVID-19	41
4.2.1.1.1	Casos confirmados de COVID-19 en los países	41
4.2.1.1.2	Casos recuperados de COVID-19 en los países.....	43
4.2.1.1.3	Casos de muertes por COVID-19 en los países	43
4.2.1.1.4	Casos confirmados de COVID-19 en los estados de México	44
4.2.1.1.5	Casos de muertes por COVID-19 en los estados de México	45
4.2.1.2	Caso 2 para datos de Hipertensión en los estados de México	46
4.2.1.3	Caso 3 para datos de Diabetes en los estados de México	47
4.3	Resultados de la predicción	48
4.3.1	Método de red neuronal autorregresiva no lineal modular	48
4.3.1.1	Casos confirmados de COVID-19 en los países	49
4.3.1.2	Casos recuperados de COVID-19 en los países.....	50
4.3.1.3	Casos de muertes por COVID-19 en los países	51
4.3.1.4	Comparación de resultados del método optimizado y no optimizado	52
4.3.2	Método usando un integrador difuso para la red neuronal modular	54
4.3.2.1	Casos confirmados de COVID-19 en los estados de México	54

4.3.2.2 Casos de muertes por COVID-19 en los estados de México	55
4.4 Prueba estadística.....	56
4.4.1 Prueba estadística para la red neuronal autorregresiva no lineal modular	56
4.4.1.1 Prueba estadística para los casos confirmados de COVID-19 en los países...57	
4.4.1.2 Prueba estadística para los casos recuperados de COVID-19 en los países ...59	
4.4.1.3 Prueba estadística para los casos de muertes de COVID-19 en los países	60
4.4.2 Prueba estadística para la red neuronal modular con integrador difuso.....	61
4.4.2.1 Prueba estadística para los casos confirmados de COVID-19 en los estados.61	
4.4.2.2 Prueba estadística para los casos de muertes por COVID-19 en los estados..	62
4.5 Análisis de los resultados obtenidos	63
4.5.1 Análisis de los resultados obtenidos del método de clasificación.....	64
4.5.2 Análisis de los resultados obtenidos del método de agrupación	64
4.5.3 Análisis de los resultados obtenidos del método de predicción	64
4.5.4 Análisis de los resultados obtenidos las pruebas estadísticas	65
5 Descripción del Sistema computacional desarrollado.....	67
5.1 Menú principal del sistema	67
5.1.1 Sección de resultados para la clasificación.....	67
5.1.2 Sección de resultados para la agrupación	68
5.1.3 Sección de resultados para la predicción	69
6 Conclusiones	70
Referencias	72
Anexos	78
A1: Tablas de evoluciones de los países de casos confirmados de COVID-19.....	78
A2: Tablas de evoluciones de los países de casos recuperados de COVID-19	90
A3: Tablas de evoluciones de los países en casos de muertes por COVID-19.....	102

B1: Tablas de evoluciones de los estados de México de casos confirmados de COVID-19
..... 113

B2: Tablas de evoluciones de los estados de México de casos de muertes por COVID-19 127

Índice de Figuras

Figura 2.1 Red neuronal biológica	6
Figura 2.2 Arquitectura de una red neuronal artificial (RNA)	6
Figura 2.3 Arquitectura de una neuronal artificial	7
Figura 2.4 Ejemplo de la arquitectura básica de una red neuronal artificial	8
Figura 2.5 Arquitectura de una red neuronal NAR	10
Figura 2.6 Arquitectura general de una red neuronal artificial de tipo FITNET.....	11
Figura 2.7 Ejemplo de la arquitectura de una red neuronal SOM	12
Figura 2.8 Ejemplo de las funciones de membresía más utilizadas	14
Figura 2.9 Ejemplo del complemento de un conjunto difuso.....	15
Figura 2.10 Ejemplo de la unión de un conjunto difuso.....	15
Figura 2.11 Ejemplo de la intersección de un conjunto difuso	16
Figura 2.12 Ejemplo de mutación de un punto.....	18
Figura 3.1 Arquitectura general del sistema híbrido inteligente	20
Figura 3.2 Arquitectura del módulo para la clasificación	25
Figura 3.3 Sistema difuso tipo Mamdani utilizado con 5 entradas y una salida	26
Figura 3.4 El cromosoma usado para la optimización de los valores en los parámetros	27
Figura 3.5 Arquitectura del módulo para la agrupación de los estados de México.....	29
Figura 3.6 Arquitectura del módulo para la agrupación de los países.....	30
Figura 3.7 Arquitectura del módulo para la predicción.....	31
Figura 3.8 Arquitectura para la optimización de módulos usando un algoritmo genético.....	31
Figura 3.9 Cromosoma del algoritmo genético para la optimización del número de neuronas en las capas ocultas.....	32
Figura 3.10 Arquitectura del módulo para la predicción de COVID-19 de los estados de México	32
Figura 3.11 Arquitectura para optimizar con integrador difuso para predicción de COVID-19 de los estados de México	33
Figura 3.12 Arquitectura del Integrador difuso con funciones de membresía Gaussiana.....	33
Figura 3.13 Las entradas difusas para e_1 , e_2 y e_3 con funciones de membresía Gaussiana...	34

Figura 3.14 Las salidas difusas para w_1 , w_2 y w_3 con funciones de membresía Gaussiana .	34
Figura 4.1 El mejor sistema difuso obtenido usando 6 reglas difusas.....	37
Figura 4.2 El mejor sistema difuso obtenido usando 13 reglas difusas.....	39
Figura 4.3 Agrupación de los países de acuerdo a los casos confirmados de Covid-19	42
Figura 4.4 Agrupación de los países de acuerdo a los casos recuperados de Covid-19.....	43
Figura 4.5 Agrupación de los países de acuerdo a los casos de muertes por Covid-19	43
Figura 4.6 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos confirmados de Covid-19	44
Figura 4.7 Agrupación de los países de acuerdo a los casos de muertes por Covid-19	46
Figura 4.8 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos de hipertensión del 2000 al 2018	47
Figura 4.9 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos de diabetes del 2000 al 2018	48
Figura 4.10 Distribución de errores de predicción en casos de confirmados con respecto a los países.	49
Figura 4.11 Distribución de errores de predicción de casos recuperados con respecto a los países.	51
Figura 4.12 Distribución de errores de predicción en casos de muertes con respecto a los países.	52
Figura 4.13 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de Bélgica.....	58
Figura 4.14 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de México.....	58
Figura 4.15 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de Estados Unidos.	58
Figura 4.14 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de México.....	61
Figura 5.1 Menú principal del sistema de usuario.....	67
Figura 5.2 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para clasificación.....	68
Figura 5.3 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para agrupación	68

Figura 5.4 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para predicción69

Índice de Tablas

Tabla 3.1 Muestra de la base de datos de casos confirmados de COVID-19 en los países.....	22
Tabla 3.2 Muestra de la base de datos de casos de muertes por COVID-19 en los países.....	22
Tabla 3.3 Muestra de la base de datos de diabetes	23
Tabla 3.4 Muestra de la base de datos de hipertensión.....	23
Tabla 3.5 La base de datos PIMA (Indian Diabetes) con 768 registros	24
Tabla 3.6 La base de datos PIMA (Indian Diabetes) con 336 registros	24
Tabla 3.7 Ejemplo de los registros de la base de datos PIMA (Indian Diabetes).....	24
Tabla 3.8 Valores para el algoritmo genético.....	28
Tabla 4.1 Resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso usando 70% de los datos y 6 reglas difusas	38
Tabla 4.2 Resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso usando 70% de los datos y 13 reglas difusas	40
Tabla 4.3 Comparación de los resultados de las 6 y 13 reglas difusas usando el 30% de datos para prueba	41
Tabla 4.4 Resultados de la agrupación para los casos confirmados de COVID-19 en los países	42
Tabla 4.5 Resultados de la agrupación de los casos confirmados de COVID-19 en los estados de México	45
Tabla 4.6 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados de COVID-19	49
Tabla 4.7 Comparación de datos de casos confirmados de COVID-19 México.....	50
Tabla 4.8 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos recuperados de COVID-19	50
Tabla 4.9 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos de muertes por COVID-19	51
Tabla 4.10 Comparación de datos de casos de muertes por COVID-19 México.....	52
Tabla 4.11 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos confirmados de COVID-19	53

Tabla 4.12 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos recuperados de COVID-19	53
Tabla 4.13 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos de muertes de COVID-19	54
Tabla 4.14 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados de COVID-19	54
Tabla 4.15 Comparación de los datos reales y los datos obtenido para los casos confirmados de COVID-19	55
Tabla 4.16 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos de muertes por COVID-19	55
Tabla 4.17 Comparación de los datos reales y los datos obtenido para los casos de muertes por COVID-19	56
Tabla 4.18 Resultados de la prueba estadística de casos confirmados de COVID-19	57
Tabla 4.19 Resultados de la prueba estadística de casos recuperados de COVID-19.....	59
Tabla 4.20 Resultados de la prueba estadística de casos de muertes de COVID-19.....	60
Tabla 4.21 Resultados de la prueba estadística de casos confirmados de COVID-19	62
Tabla 4.22 Resultados de la prueba estadística de casos de muertes por COVID-19	63
Tabla 4.23 Comparación de los resultados de las 6 y 13 reglas difusas	64
Tabla 4.24 MSE del método optimizado y no optimizado de casos confirmados de COVID-19.	65
Tabla 4.25 Países que no pasaron la prueba estadística de casos de COVID-19 en la optimización	66

1. Introducción

La utilización de sistemas de clasificación, agrupación y predicción en el campo de la medicina para procesar datos ha ido incrementando en décadas recientes. La certeza en los resultados de los sistemas híbridos ha ido mejorando constantemente, aunque no hay duda de que los especialistas tienen mucha experiencia y conocimiento, los sistemas inteligentes pueden ayudar a realizar clasificaciones con certeza y de una manera más fácil en un corto tiempo.

Existen muchas enfermedades las cuales son causas de mortalidad en México de acuerdo a datos estadísticos del Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS). Muchas personas desconocen que tienen dicha enfermedad y el tiempo que requiere un especialista para dar un resultado certero en ocasiones toma mucho tiempo, es por eso que en la actualidad la utilización de sistemas computarizados se ha estado utilizando en diferentes áreas médicas, en particular los sistemas híbridos inteligentes pueden servir de apoyo y nos permiten disminuir el tiempo y minimizar el riesgo de errores para el diagnóstico en enfermedades.

1.1 Objetivos

A continuación, se describen los objetivos que se plantearon para la elaboración de este trabajo de tesis.

1.1.1 General

Diseñar modelos híbridos inteligentes para clasificación, agrupación y predicción aplicado en medicina.

1.1.2 Específicos

- Diseñar un sistema híbrido inteligente.
- Desarrollar el modelo para la clasificación, agrupación y predicción utilizando redes neuronales y lógica difusa.
- Desarrollar el método para el procesamiento de datos.
- Efectuar pruebas con el método y realizar pruebas estadísticas para la comparación con métodos tradicionales y otros métodos similares.

1.2 Antecedentes

A continuación, se mencionan antecedentes de trabajos de clasificación, agrupación y predicción realizados en relación a este trabajo.

1.2.1 Antecedentes en relación al COVID-19

La enfermedad por COVID-19 es una infección viral altamente transmitible causada por el síndrome agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2). Los síntomas más notables en los pacientes (según los datos experimentales recopilados) son tos seca, disnea, fiebre, e infiltrados pulmonares bilaterales observados en las imágenes [1].

Recientemente se han realizado varios estudios con el objetivo de comprender los patrones del COVID-19, algunos de ellos son: utilizando un conjunto de datos de imágenes médicas de rayos X de pacientes con neumonía bacteriana común confirmada con enfermedad COVID-19 para posibles patrones que puedan conducir al diagnóstico automático de la enfermedad mediante redes neuronales convolucionales, los resultados demuestran que el método utilizado tiene efectos en la detección y el diagnóstico automático de COVID-19 [2].

En trabajos previos se han descrito pronósticos en tiempo real de la epidemia del COVID-19 en China desde el 5 de febrero del 2020 hasta el 24 de febrero del 2020 con buenos resultados [3]. Otros casos son: La predicción de medicamentos antivirales disponibles comercialmente que pueden actuar sobre el nuevo coronavirus utilizando un modelo de aprendizaje profundo [4], también la distribución espacio-temporal de COVID-19 y su predicción fueron descritos [5], así como la descripción del análisis de propagación y la predicción de la serie de tiempo real de COVID-19 [6]. Se ha analizado que más se podría hacer para controlar los brotes de COVID-19 además de las medidas habituales de aislamiento y rastreo de contactos [7]. En otros trabajos también se ha discutido a detalle del porque es difícil predecir con precisión la epidemia del COVID-19 [8].

1.2.2 Antecedentes en relación a la Diabetes e Hipertensión

Se sabe que la diabetes es una de las enfermedades crónicas más letales y cuando no se trata ni se identifica, provoca muchas complicaciones [9]. Existen diversos trabajos realizados, algunos de ellos son: se diseñó un clasificador difuso que utiliza colonia de abejas artificiales para mejorar el rendimiento del diagnóstico de la enfermedad diabética [10], también se propuso

el uso de la selección de características y la máquina de vectores de soporte difuso para la clasificar y para la detección temprana de diabetes mellitus [11].

La presión arterial es la fuerza que se ejerce contra las paredes de las arterias cuando el corazón bombea sangre, que es necesaria para que la sangre circule por los vasos sanguíneos y proporcione el oxígeno y los nutrientes necesarios a todos los órganos para que el cuerpo pueda funcionar correctamente. Y la presión arterial alta o hipertensión, es la elevación de la presión arterial por encima de los valores normales considerados, lo que significa es que cuando la presión sistólica es igual o superior a 140 mm de Hg se dice que se tiene hipertensión, o cuando una presión arterial diastólica es igual o mayor a 90 mm de Hg [12]. Algunos trabajos relacionados son: diseño óptimo de sistemas difusos de tipo 1 y e intervalo de tipo 2 para la clasificación del nivel de presión arterial [13], se ha utilizado la inteligencia artificial para la predicción temprana de hipertensión pulmonar mediante la electrocardiografía [14], también para la predicción temprana de hipertensión durante el embarazo en un entorno de bajos recursos [15].

Las aportaciones generadas al realizar este presente trabajo son los siguientes artículos: se realizó un artículo de revista donde se describió un análisis de la evolución espacial de la pandemia de COVID-19 en todo el mundo mediante el uso de un tipo particular de red neuronal no supervisada llamada mapas autoorganizados de Kohonen [16], se realizó un artículo de revista donde se realizó un modelo de red neuronal de ensemble múltiple con un integrador difuso de tipo-1 para predecir series de tiempo de casos de COVID-19 de todo el país de México y sus estados [17], se realizó un modelo de red neuronal modular que combina múltiples redes neuronales autorregresivas no lineales en el cual se utilizó un integrador de valor mínimo para un artículo de revista [18], se realizó un artículo para capítulo de libro donde se utilizó un algoritmo genético para la optimización del número de neuronas en las capas ocultas de la arquitectura ensemble de redes neuronales para la predicción de series de tiempo de COVID-19. También se realizó un artículo para un congreso internacional donde se utilizó un algoritmo genético de codificación real para optimizar los valores de los parámetros de las funciones de membresía de las entradas y salida de un sistema de inferencia difusa tipo-1 para la clasificación de la diabetes el cual fue presentado en el 20th International Conference on Hybrid Intelligent Systems (HIS 2020).

Esta tesis está organizada de la siguiente manera: En el capítulo 2 se da el marco teórico de este trabajo, en el capítulo 3 se muestra detalladamente el desarrollo de la tesis, en el capítulo 4 se muestra los resultados obtenidos de los experimentos, en el capítulo 5 se presentan la descripción del sistema computacional desarrollado y en el capítulo 6 se presenta la conclusión y trabajos futuros que pueden realizarse de este trabajo de tesis.

2 Marco teórico

En esta sección se presenta teoría relacionada con el área de redes neuronales, sus características, su estructura básica y su funcionamiento. Se presenta teoría de la lógica difusa, conceptos relacionados, funciones de membresía, tipos de sistemas difusos y características generales de esta área y también se presenta información de los algoritmos genéticos y sus operadores genéticos más utilizados.

2.1 Redes neuronales

Las redes neuronales artificiales (RNA), estas son las que emulan aquel comportamiento que las redes neuronales biológicas utilizan para aprender las estrategias de solución las cuales están basadas en algunos ejemplos del comportamiento típico de patrones. Lo cual significa que estos sistemas tienen la ventaja de que no requieren que el trabajo a ejecutarse se programe, lo que ellos hacen es generalizar y aprender de la experiencia.

2.1.1 La neurona biológica

La neurona es la célula fundamental del sistema nervioso que se especializa en procesar la información, la neurona recibe señales y produce una respuesta. La neurona transmite información mediante señales eléctricas. El proceso de esta información implica una combinación de procesos eléctricos y químicos, cuando un impulso eléctrico llega a una sinapsis, implica un proceso bioquímico que activa la transmisión de una señal a lo largo de la dendrita hasta el cuerpo celular. Las señales de muchas dendritas se acumulan en el cuerpo celular y si la señal combinada es lo suficiente fuerte hace que la neuronal se dispare produciendo un potencial de acción como señal de salida en el axón. En la Figura 2.1 se puede observar un ejemplo de una red neuronal biológica [19].

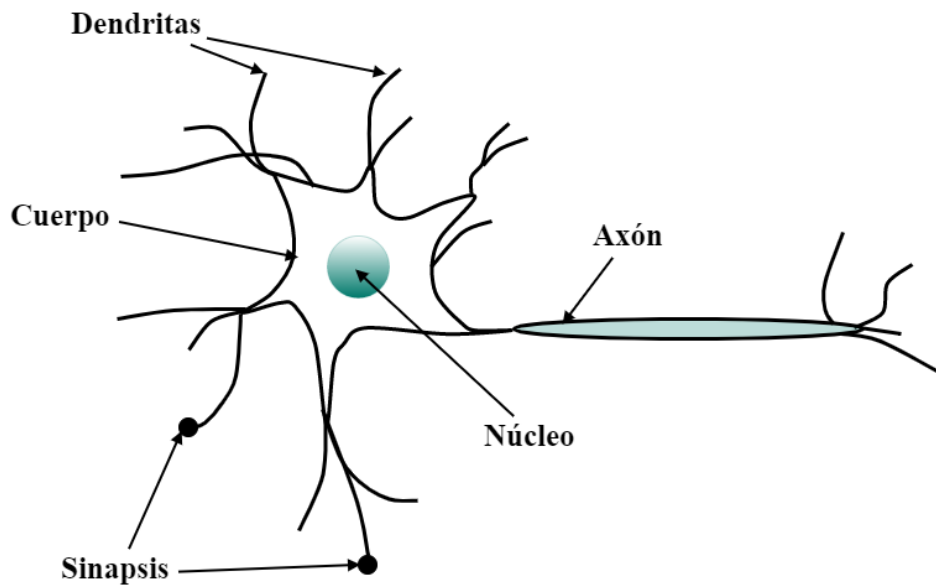


Figura 2.1 Red neuronal biológica

2.1.2 Estructura básica de una red neuronal artificial

La red neuronal artificial es una estructura de procesamiento paralelo distribuido, constituida por neuronas interconectadas, en la Figura 2.2 de puede observar en ejemplo de una red neuronal artificial con capa de entrada, capa de oculta la cual puede estar constituida por una o más capas y la capa de salida.

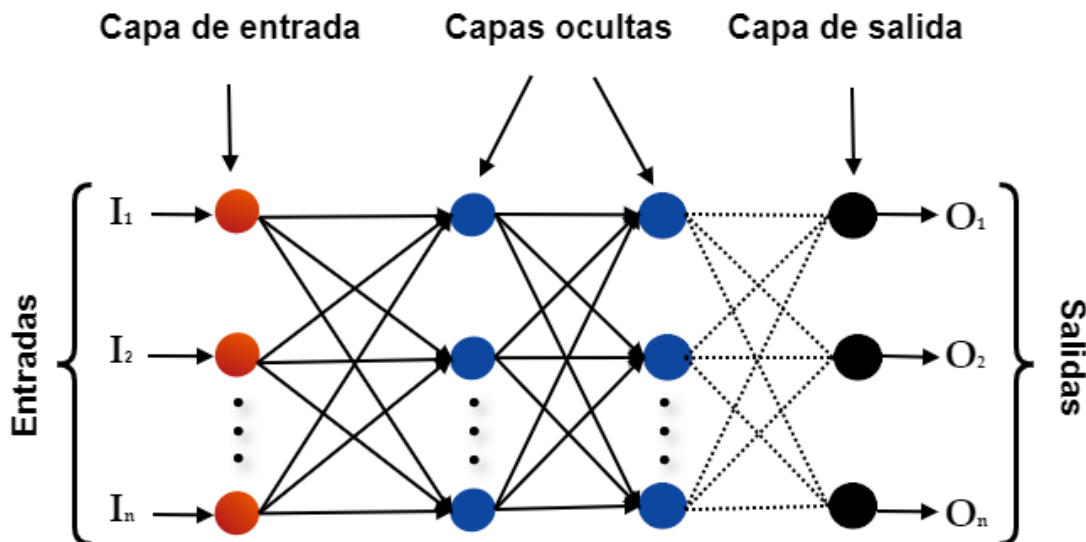


Figura 2.2 Arquitectura de una red neuronal artificial (RNA)

A partir de la idea de una neuronal biológica se plantea una neuronal artificial para imitar el comportamiento. La neurona artificial está constituida de entradas que reciben información del entorno externo parecido a las dendritas de la neurona biológica, también usan pesos los cuales representan la intensidad que la sinapsis hace al conectar dos neuronas. Esta información llevada al cuerpo de al igual que en una neurona bilógica y finalmente la salida de todo el procesamiento similar al del axón de una neurona biológica. En la Figura 2.3 se puede observar un ejemplo de una neurona artificial [20].

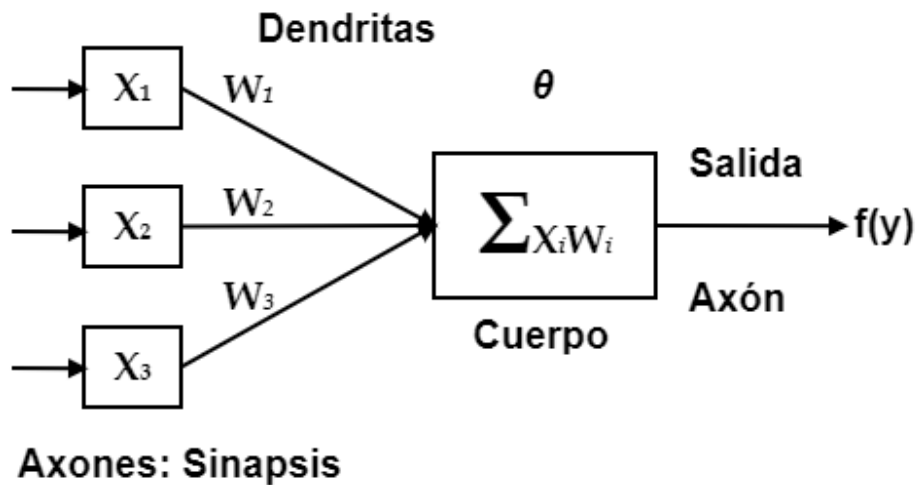


Figura 2.3 Arquitectura de una neuronal artificial

2.1.2.1 Función de entrada

La función de entrada combina entradas dentro de la entrada global, la función de entrada puede realizarse utilizando la ecuación 2.1 que se muestra a continuación:

$$input_i = (in_{i1}w) * (in_{i2}w_{i2}) * \dots (in_{in}w_{in}) \quad (2.1)$$

Donde: * representa el operador utilizado (sumatoria, productoria, etc.), n al número de entradas de la neurona N_i y w_i al peso.

Los valores de las entradas de una neurona artificial se multiplican por los pesos que por lo general no están restringidos y cambian la medida de influencia que tienen los valores de la entrada. En la Figura 2.4 podemos observar un ejemplo básico de la arquitectura de una red neuronal artificial que contiene la capa de entrada, la capa oculta y la capa de salida y los pesos.

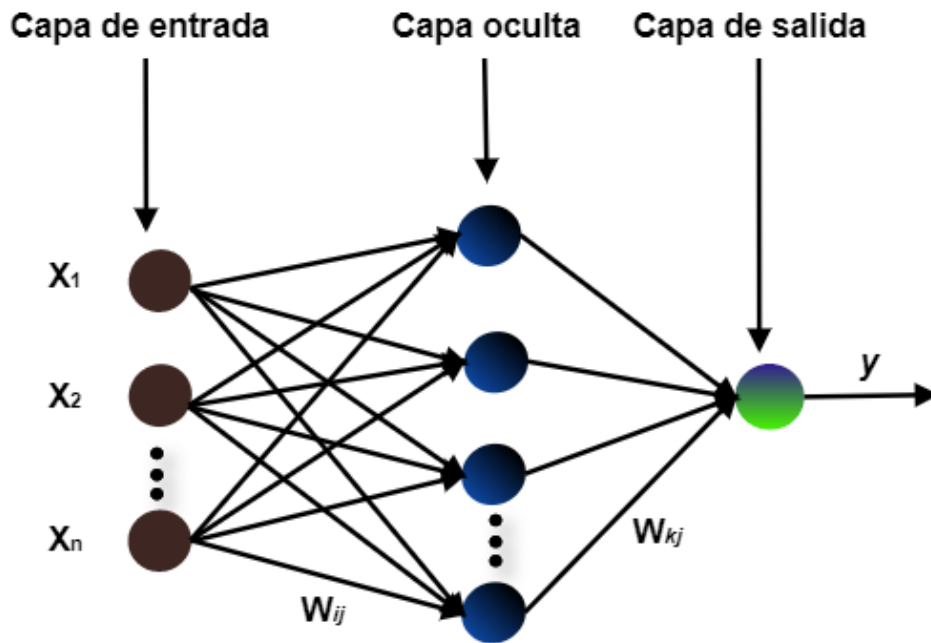


Figura 2.4 Ejemplo de la arquitectura básica de una red neuronal artificial

Donde: X_1 , X_2 y X_n representa a las variables de entrada, n es el número de neuronas, W_{ij} , W_{kj} , son los pesos y la salida está representada por la variable y [21].

2.1.2.2 Función de activación

Las neuronas biológicas pueden estar activas o inactivas y las neuronas artificiales tienen diferentes estados, algunas pueden tomar cualquier valor dentro de un conjunto determinado. La función de activación se utiliza para calcular el estado de una neurona; de esta manera transforma la entrada global (menos el umbral, θ_i) en un valor de activación, del cual el rango generalmente va de (0 a 1) o de (-1 a 1). Debido a que una neurona puede estar totalmente inactiva (0 a -1) o activa (1).

Algunas de las funciones de activación comúnmente utilizadas se muestran a continuación:

- 1) Función lineal: Los valores de salida obtenidos por medio de esta función de activación serán: $a \cdot (\text{gini} - \theta_i)$, cuando el argumento de $(\text{gini} - \theta_i)$ esté comprendido dentro del rango $(-1/a, 1/a)$. Por encima o por debajo de esta zona se fija la salida en 1 o -1, respectivamente. Cuando $a = 1$ (siendo que la misma afecta la pendiente de la gráfica), la salida es igual a la entrada.

- 2) Función sigmoidea: Los valores de salida que proporciona esta función están comprendidos dentro de un rango que va de 0 a 1. Al modificar el valor de g se ve afectada la pendiente de la función de activación.
- 3) Función tangente hiperbólica: Los valores de salida de la función tangente hiperbólica están comprendidos dentro de un rango que va de -1 a 1. Al modificar el valor de g se ve afectada la pendiente de la función de activación.

2.1.2.3 Función de salida

La función de salida es el último componente que una neurona necesita. El valor resultante de esta función es la salida de la neurona i (*out_i*); esto quiere decir que la función de salida es la que determina el valor que se transfiere a cada una de las neuronas que están vinculadas. Cuando la función de activación está por debajo de algún umbral determinado, no hay salida que pase a la neurona subsiguiente. Generalmente, no cualquier valor es permitido para ser una entrada de una neurona, por lo tanto, los rangos de los valores de salida son de [0, 1] o [-1, 1]. Estos mismos valores de salida también pueden ser binarios {0, 1} o {-1, 1}.

Dos funciones de salida más que se utilizan comúnmente se muestran a continuación [22]:

- Ninguna: Tipo de función más sencilla, ya que la salida es la misma que la entrada. También es conocida como función identidad.
- Binaria $\begin{cases} 1 \\ 0 \end{cases}$ si $act_i \geq \xi_i$, de lo contrario, donde ξ es el umbral.

2.1.3 Entrenamiento

El entrenamiento consiste en determinar en los pesos los valores precisos para todas sus conexiones ya que esto capacita la resolución eficiente de un problema.

2.1.3.1 Aprendizaje supervisado

En el aprendizaje supervisado, el proceso de aprendizaje hace la comparación entre la respuesta deseada y la salida que se ha calculado en la red neuronal artificial, eso generando un error, el cual se utiliza para cambiar parámetros de la red (pesos) para que resulte en un mejor rendimiento [23].

2.1.3.1.1 Red neuronal autorregresiva no lineal

La red neuronal autorregresiva no lineal (denominada en inglés Nonlinear autoregressive neural network, NAR) utiliza valores pasados de la serie de tiempo para predecir valores futuros.

El modelo de red neuronal NAR consta de una capa de entrada, también tiene una o más capas ocultas y una capa de salida. NAR es una red dinámica y recurrente con conexiones de retroalimentación. En la predicción de series de tiempo, NAR es utilizada en un paso adelante o en varios pases adelante [24] [21]. En la siguiente ecuación 2.2 podemos ver como se expresa el modelo NAR matemáticamente.

$$y(t) = F(y(t - 1), y(t - 2), \dots, y(t - d)) \quad (2.2)$$

Donde $y(t)$ es el valor de salida de la serie de tiempo considerada en y en un tiempo t , y d es el tiempo de retraso y F denota la función de transferencia [25] [26]. En la Figura 2.5, la arquitectura de una red neuronal NAR es mostrada.

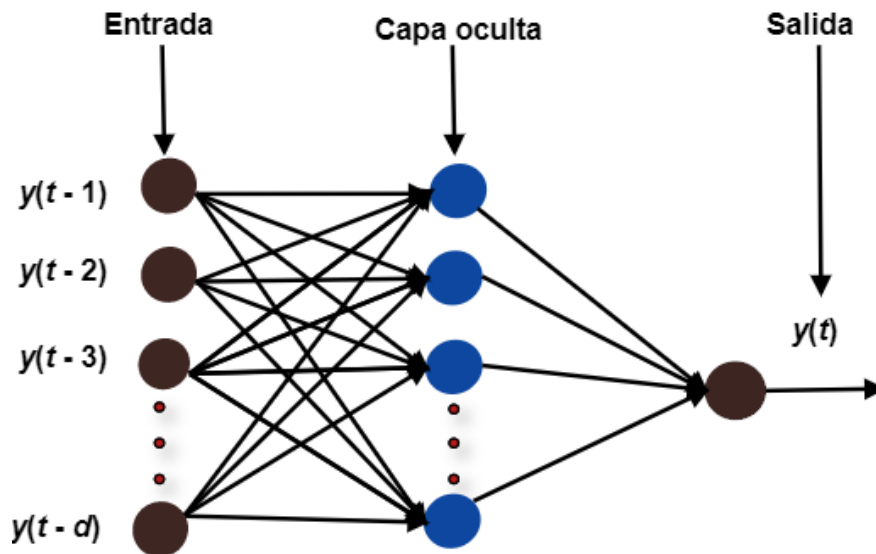


Figura 2.5 Arquitectura de una red neuronal NAR

2.1.3.1.2 Red neuronal fitnet

La red neuronal FITNET (denominada en inglés function fitting neural network) es un perceptrón multicapa de uso común (MLP) o una clase de red neuronal artificial feedforward que contiene una capa oculta. Una red neuronal feedforward con una capa oculta y suficientes neuronas en las capas ocultas puede adaptarse a cualquier problema de mapeo de entrada-salida finito. El modelo FITNET utiliza en el proceso de entrenamiento de una red neuronal en un conjunto de entradas para producir un conjunto asociado de salidas objetivo. La red neuronal

FITNET se utiliza para ajuste de curvas y regresión. En la Figura 2.6, la arquitectura general de una red neuronal de tipo FITNET.

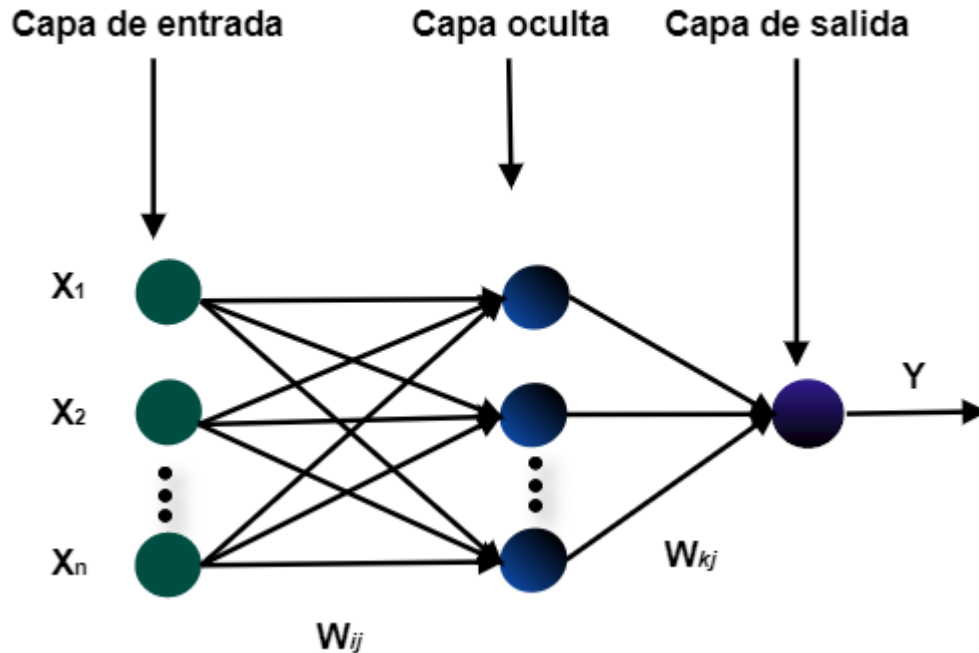


Figura 2.6 Arquitectura general de una red neuronal artificial de tipo FITNET

Donde X_n es la neurona de entrada, W_{ij} y W_{kj} son los pesos, n representa en número de neuronas en la capa oculta y Y representa la neurona de salida [27] [28] [29].

2.1.3.2 Aprendizaje no supervisado

A diferencia del aprendizaje supervisado, la aplicación de un método basado en aprendizaje no supervisado no requiere el conocimiento de la salida deseada, aunque la red necesita autoorganizarse cuando hay particularidades existentes en los elementos que componen el conjunto de datos, identificando subconjuntos o agrupaciones donde se presentan similitudes.

En este método no supervisado al diseñar la red neuronal se puede especificar la cantidad máxima de posibles agrupaciones dependiendo del problema con el que se está trabajando [23].

2.1.3.2.1 Mapas autoorganizados de Kohonen

En 1982 T. Kohonen fue quien presentó un modelo de una red denominado mapas autoorganizados o SOM (Self-Organizing Maps), basado en evidencias descubiertas a nivel

cerebral. Donde no existe ningún maestro externo para poder indicar si la red neuronal está trabajando de manera correcta o incorrectamente debido a que no se dispone de ninguna salida objetivo a la cual la red neuronal artificial deba tender. En este modelo las neuronas compiten por activarse, y al final queda una como neurona vencedora de la cual se actualizan los pesos [30]. El objetivo de esta red neuronal es transferir todos los objetos de datos de entrada con n atributos (n dimensiones) a la salida de manera que los objetos estén relacionados entre sí.

El SOM se basa en un entrenamiento no supervisado donde no hay un objetivo de salida dado, el objetivo del algoritmo es encontrar el conjunto de centroides (neuronas) para representar el grupo, pero con restricciones topológicas. La topología se refiere a una disposición de centroides en la cuadrícula de salida, las cuadrículas de topología utilizadas más comúnmente son la hexagonal y la rectangular. Cada uno de todos los objetos de datos en el conjunto de datos se asigna a cada centroide. Cada neurona en la cuadrícula SOM está estrechamente relacionada entre sí y cada una de las entradas está conectada a cada uno de los nodos de salida por medio de un peso de conexión. Los pesos de los nodos de entrada N a los nodos de salida M se inicializan en valores pequeños al azar [31]. En la Figura 2.7 se puede observar un ejemplo de la arquitectura del mapa autoorganizado de Kohonen.

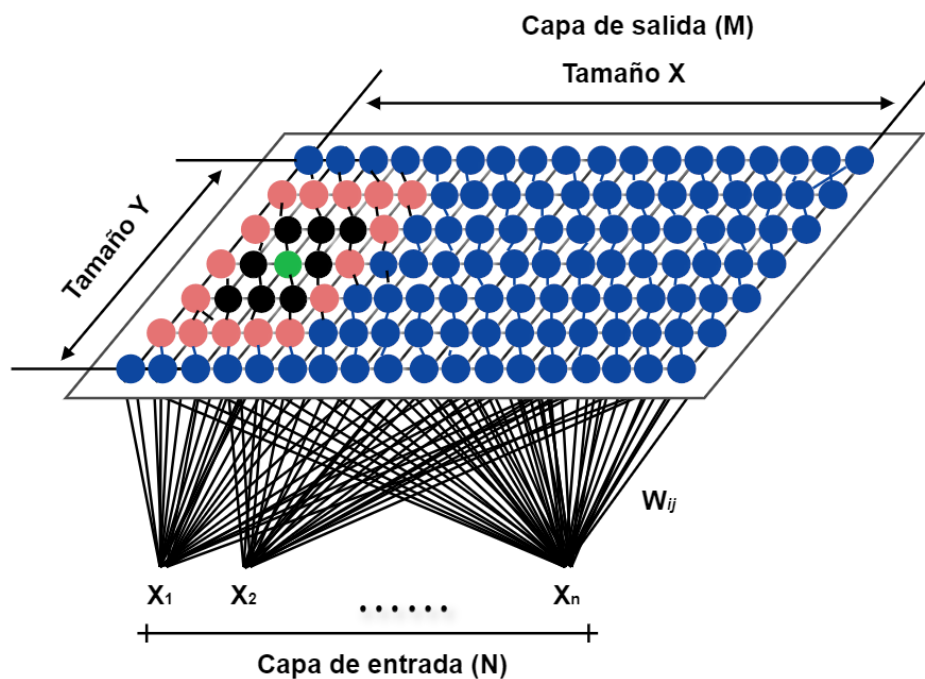


Figura 2.7 Ejemplo de la arquitectura de una red neuronal SOM

Donde X_n representa la neurona de entrada, W_{ij} son los pesos, n representa en número de neuronas [32].

2.2 Lógica difusa

La lógica difusa, esta teoría propuesta por el matemático de la Universidad de California, Berkeley, el profesor Lotfi Zadeh. En el concepto de lógica difusa, los valores reales de cada variable pueden caer en el rango de 0 y 1, esto es diferente al concepto de lógica booleana donde todos los valores de las variables son 0 (representando falso) o 1 (representando verdadero). Es una teoría sobre conjuntos difusos, el cual denomino lógica difusa definiéndolo como un intento de formalización o mecanismo de dos importantes capacidades del ser humano. Primeramente, la capacidad de razonar, conversar y tomar decisiones racionales en un ambiente de imprecisión o con información incompleta. Seguido por la capacidad de formular una amplia variedad de tareas mentales y físicas sin realizar mediciones y sin computadores [33]. Cabe mencionar que los sistemas de inferencia difusa carecen de la capacidad de aprendizaje [34].

2.2.1 Conjuntos difusos

Un conjunto difuso es la clasificación de objetos con un grado de pertenencia, definida como un número real entre 0 y 1. Por ejemplo, se puede considerar que las personas que son altas pertenecen a un conjunto difuso, debido a que no está claro a partir de qué medida se establece que una persona es alta o no lo es. Por lo tanto, ya que ese límite es difuso, el conjunto que lo limita también lo será. Un conjunto difuso A sobre un universo de discurso U (dominio ordenado) es un conjunto de pares dado por:

$$A = \left\{ \frac{\mu_A(u)}{u} : u \in U, \mu_A(u) \in [0,1] \right\} \quad (2.3)$$

Donde, μ es la llamada función de pertenencia y $\mu_A(u)$ es el grado de pertenencia del elemento u al conjunto difuso A . $\mu_A(u) = 0$, indica que u no pertenece en absoluto al conjunto difuso A . $\mu_A(u) = 1$, indica que u pertenece totalmente al conjunto difuso A [35].

2.2.2 Funciones de membresía

Las funciones de membresía o funciones de pertenencia constituyen un método utilizado para la representación de conjuntos difusos, esto quiere decir que a cada punto en el espacio se le es asignado un valor o grado de pertenencia. Una función de pertenencia generalmente está restringida a una determinada clase de funciones que se pueden especificar con solo unos pocos

parámetros. En la Figura 2.8, se pueden observar las funciones de membresía más utilizadas, las cuales son: funciones Triangulares, funciones Trapezoidales y las funciones Gaussianas [36] [37].

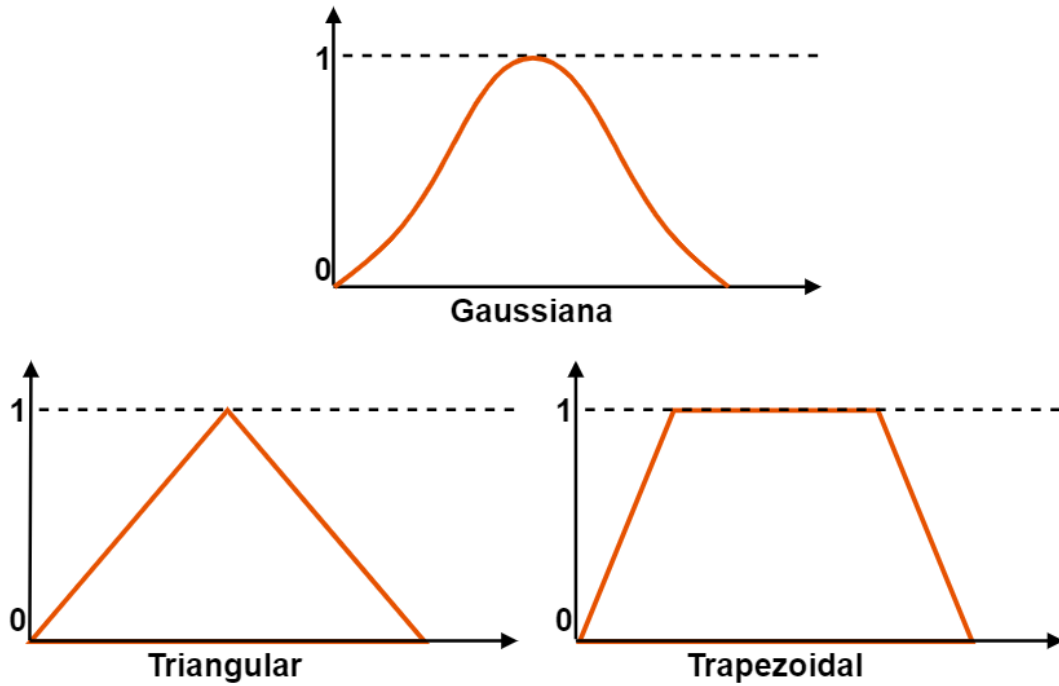


Figura 2.8 Ejemplo de las funciones de membresía más utilizadas

2.2.3 Operaciones básicas entre conjuntos difusos

2.2.3.1 Complemento

El complemento de algún difuso A es el conjunto \bar{A} el cual tiene el valor de pertenencia que es definido como:

$$\mu_{\bar{A}}(X) = 1 - \mu_A(X) \quad (2.4)$$

Un ejemplo de la representación gráfica de esta operación se muestra a continuación en la Figura 2.9.

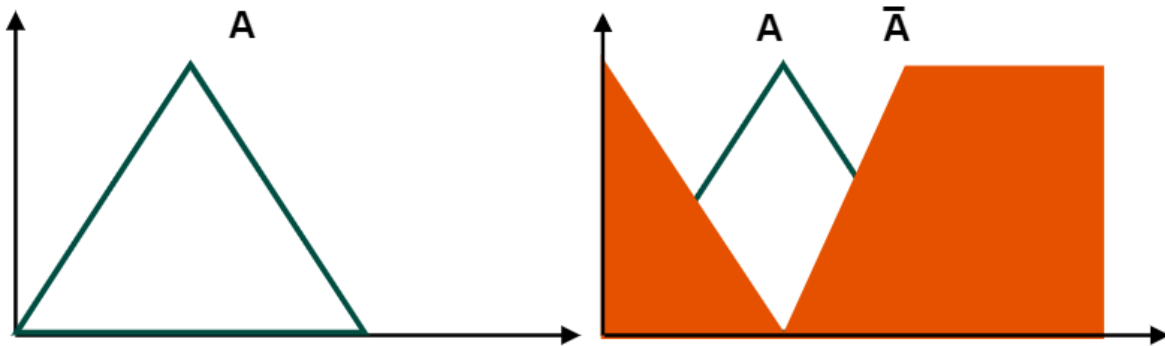


Figura 2.9 Ejemplo del complemento de un conjunto difuso

2.2.3.2 Unión

La unión de dos conjuntos difusos A y B ($A \cup B$) es el conjunto difuso que contiene todos los elementos de A y B . Esta función de membresía de $A \cup B$ está definida por la siguiente ecuación:

$$\mu_{A \cup B}(X) = \max(\mu_A(X), \mu_B(X)), x \in X \quad (2.5)$$

Donde $\max(a, b) = a$ si $a \geq b$, y $\max(a, b) = b$ si $a \leq b$. Un ejemplo de la representación gráfica de esta operación se muestra a continuación en la Figura 2.10.

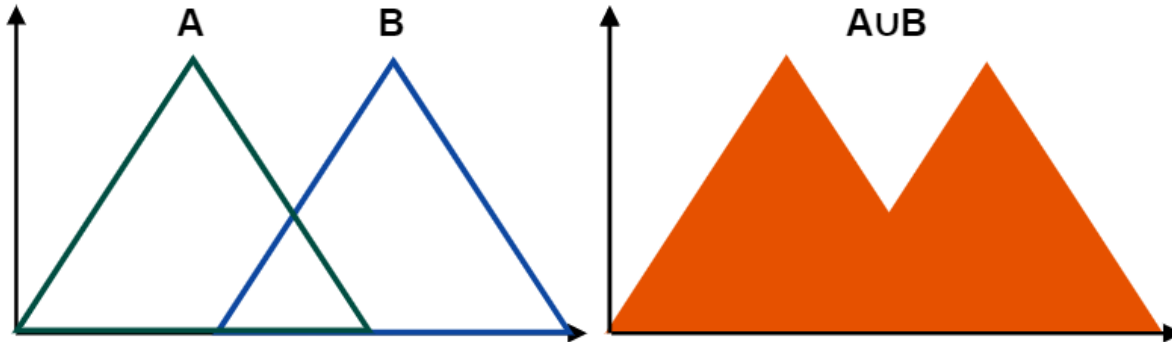


Figura 2.10 Ejemplo de la unión de un conjunto difuso

2.2.3.3 Intersección

La intersección de dos conjuntos difusos A y B ($A \cap B$) se puede ver representado en la función de membresía de $A \cap B$ que está definida por la siguiente ecuación:

$$\mu_{A \cap B}(X) = \min(\mu_A(X), \mu_B(X)), x \in X \quad (2.6)$$

Donde $\min(a, b) = a$ si $a \leq b$, y $\min(a, b) = b$ si $a \geq b$. Un ejemplo de la representación gráfica de esta operación se muestra a continuación en la Figura 2.11.

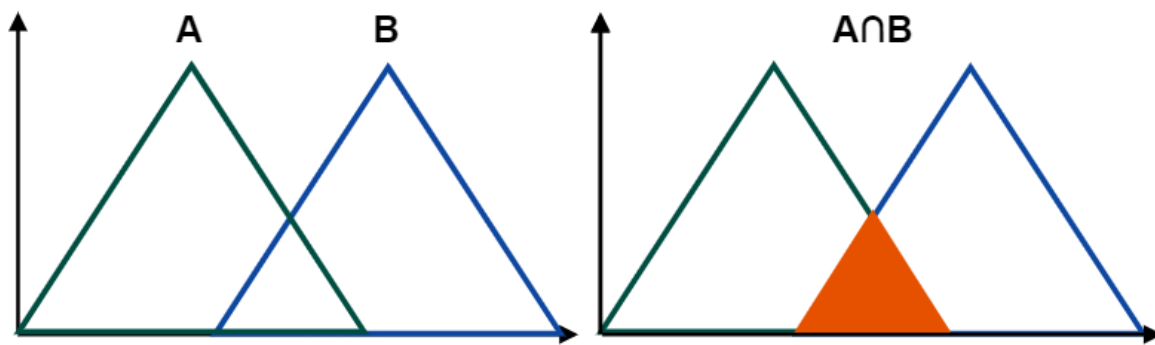


Figura 2.11 Ejemplo de la intersección de un conjunto difuso

2.2.4 Sistema de inferencia difusa

Un sistema de inferencia difusa tiene tres secciones principales, difusor, base de datos difusa y defuzzificador. La primera sección convierte la información de entrada en datos difusos, lo que se realiza mediante funciones de pertenencia. El valor de la cantidad precisa se convierte en valores difusos por las funciones de pertenencia en esta sección. La segunda sección, base de datos difusa, consta de dos subsecciones. La primera subsección es la base de reglas difusas donde se describen las reglas relacionadas con las proposiciones difusas y la segunda subsección es el motor de inferencia donde se aplica la operación de análisis. Los valores de salida se ingresan en la sección del defuzzificador donde los valores difusos se convierten en valores de salida nítidos [38].

2.2.5 Tipos de sistemas difusos

El desarrollo de lógica difusa posee varios métodos. Los métodos difusos más conocidos son Mamdani, Sugeno y Tsukamoto. Se han utilizado con éxito muchos estudios basados en estos métodos.

2.2.6 Fuzificación

El proceso de transformar los valores numéricos de la entrada en valores lingüísticos se llama fuzificación e involucra dos procesos. Primero, los valores de entrada se traducen en conceptos lingüísticos representados por conjuntos difusos. Luego se aplican las funciones de pertenencia a las mediciones y se determina el grado de verdad en cada premisa. Los valores de entrada se examinan para determinar el grado en que pertenecen a cada uno de los conjuntos difusos apropiados mediante funciones de pertenencia. La tarea principal en el enfoque de lógica difusa consiste en definir las funciones de pertenencia para cada variable de entrada, ya que la

eficiencia y precisión de los sistemas de lógica difusa dependen de la precisión de las funciones de pertenencia.

2.2.7 Defuzzificación

El conjunto difuso agregado abarca un rango de valores de salida, por lo que debe ser defuzzificado en un valor de salida único (nítido) para la toma de decisiones. La entrada para el proceso de defuzzificación es el conjunto difuso agregado y la salida es un número único (nítido). Hay varios métodos de defuzzificación que incluyen, pero no se limitan a: centroide promedio, bisector, media del máximo, menor del máximo y mayor del máximo. La defuzzificación del centroide devuelve el centro del área bajo la curva de la función de pertenencia agregada y a lo largo del eje x alrededor del cual se equilibraría esta forma. El centro del área definida por la función de pertenencia truncada es fácil de calcular cuando se utilizan funciones triangulares y trapezoidales [38] [39].

2.3 Algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos (AGs) son métodos que se adaptan para resolver problemas que están relacionados a la búsqueda y optimización, la cual se basa en la teoría de Darwin y su inspiración por la evolución natural, la supervivencia del más apto, lo cual se mide mediante una función de evaluación llamada función de aptitud [40] [41]. La forma adecuada de la función de aptitud garantizará que las soluciones con mayor aptitud se seleccionen de manera eficiente. Una mala función de aptitud puede resultar en soluciones incorrectas o sin sentido [42].

2.3.1 Operadores genéticos

Para el paso de una generación a otra se aplican una serie de operadores genéticos. Los más empleados son los operadores de selección, cruce y mutación [43] [44]. A continuación, serán detallados.

2.3.1.1 Operador de selección

La selección es un proceso basado en el cálculo de una función de aptitud para cada cromosoma que elige los cromosomas que generarán descendencia. Ejemplos comunes de selección de cromosomas son la rueda de la ruleta y la selección aleatoria, selección por torneo, entre otras.

En este trabajo se usó la selección por torneo: que técnicamente decide sobre un individuo de una población de cromosomas. La dedicación de un torneo, en consecuencia,

consiste en realizar numerosos “torneos” entre unos pocos individuos elegidos arbitrariamente de la población. Se elige lo mejor de cada torneo, que es el que tiene la mejor función de evaluación, para el crossover. En esta circunstancia, la compresión selectiva es una medida probabilística de la posibilidad de que un cromosoma participe en el evento. Prácticamente, se basa absolutamente en el tamaño del grupo de participantes. Por lo tanto, se modifica sin esfuerzo alterando el tamaño del torneo.

2.3.1.2 Operador de cruce

El operador de cruce permite intercambiar partes de la solución con otras en los cromosomas o representaciones de soluciones. El papel principal es proporcionar mezcla de soluciones y convergencia en un subespacio. Algunos de los operadores de cruce son; cruce de un punto, cruce de n puntos y el utilizado en este trabajo es el cruce uniforme. El cruce uniforme para cada ubicación de la descendencia, un componente se deriva de uno u otro padre. En otras palabras, genera una máscara de cruce aleatorio, que se conoce como cruce uniforme.

2.3.1.3 Operador de mutación

La mutación considerada un operador básico que realiza una corrección aleatoria dentro de la composición genética. En la naturaleza, las mutaciones son cambios arbitrarios en componentes genéticos que se atribuyen a compuestos químicos peligrosos o radiación. Es muy beneficioso en los algoritmos genéticos introducir nuevos rasgos en una población de soluciones, algo que actualmente no se logra solo a través del cruce. El operador de mutación selecciona un gen en un cromosoma al azar y modifica su tasa actual a una distintiva. Para los cromosomas de cadena de bits, esta modificación se cuantifica cambiando un bit 0 a un 1 o viceversa. En la Figura 2.12 se puede observar un ejemplo del concepto de mutación.

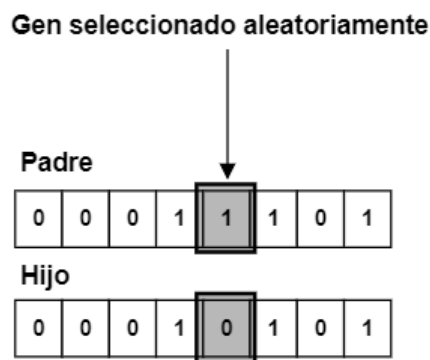


Figura 2.12 Ejemplo de mutación de un punto

2.3.1.4 Condiciones de parada

Las condiciones de parada, vienen generalmente determinadas por criterios sencillos, por ejemplo; si se supera el máximo número de generaciones, o si se inicia una o más soluciones aceptables en una generación existente, o si a cierto número de iteración no se nota ningún cambio, siendo por lo general una condición mixta lo más utilizado, lo recomendable es limitar el tiempo de ejecución a un número de iteraciones y al mismo tiempo tener en cuenta algún indicador del estado de la población para considerar si se obtuvo alguna solución aceptable o si se llegó a tal limitación [45].

3 Desarrollo

En esta sección se presenta el desarrollo del presente trabajo de investigación. El diseño de la arquitectura general del sistema híbrido inteligente para la clasificación, agrupación y predicción utilizando redes neuronales modulares, sistemas difusos tipo-1 y el uso de algoritmos genéticos para la optimización se puede observar en la Figura 3.1.

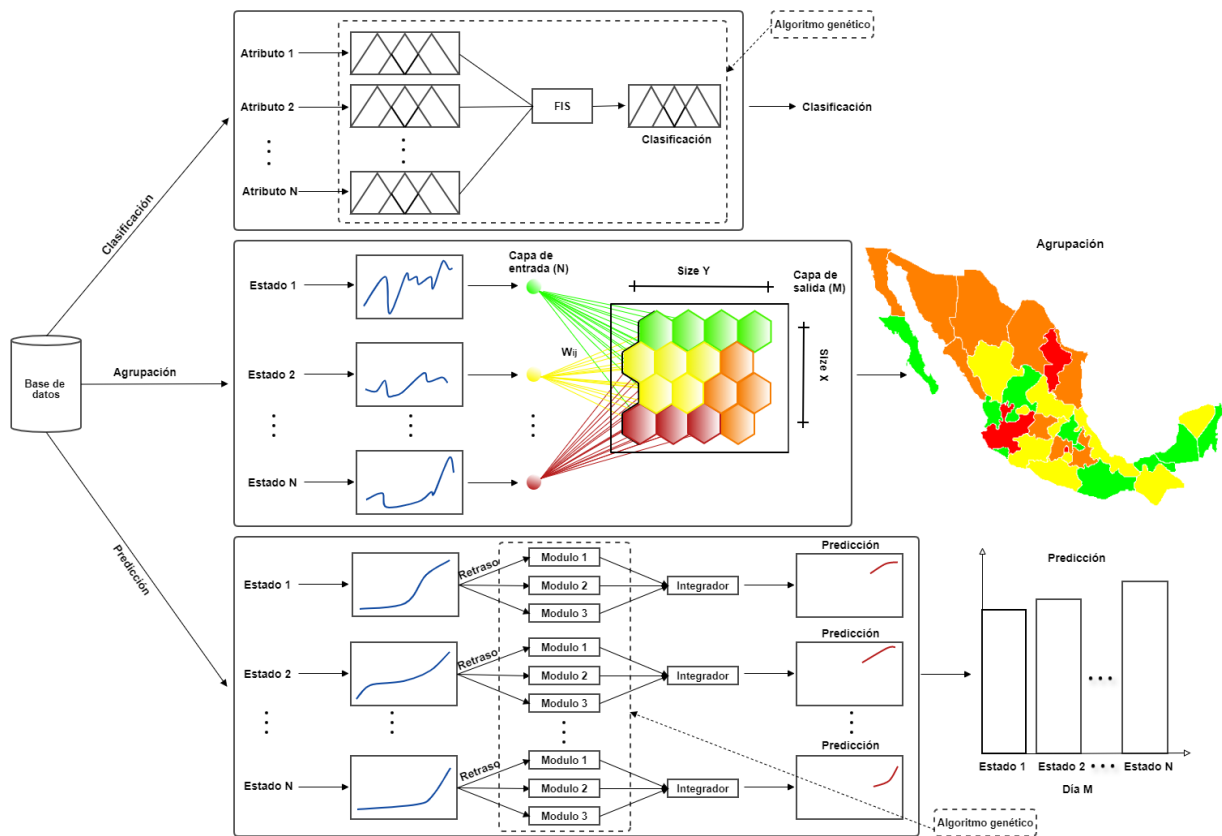


Figura 3.1 Arquitectura general del sistema híbrido inteligente

En el módulo de clasificación se trabajó utilizando un algoritmo genético para optimizar los valores de los parámetros de las entradas y salidas de un sistema difuso tipo-1, se utilizaron dos métodos, el primer método se usaron 6 reglas difusas y en el segundo método se utilizaron 13 reglas difusas para la clasificación. En el módulo para la agrupación se utilizaron mapas autoorganizados de Kohonen para obtener 4 clases de conjuntos de agrupaciones de los datos

utilizados, los cuales incluyen datos de pacientes con diabetes, hipertensión y COVID-19 de los países y también de México y sus estados. Y para el módulo de predicción se utilizaron dos métodos, el primer método fue utilizando redes neuronales modulares autorregresivas no lineales con un integrador de valor mínimo, y el en segundo método se utilizó un integrador difuso tipo-1, y un algoritmo genético para la optimización del número de neuronas para las dos capas ocultas utilizadas.

A continuación, se describirán las bases de datos que fueron utilizadas para probar los métodos desarrollados, así como también se mostraran las arquitecturas desarrolladas para cada método del modelo híbrido inteligente detalladamente.

3.1 Base de datos

Se utilizaron datos del COVID-19 para el método de agrupación correspondientes a diferentes países y a estados de México, también se utilizaron datos de Diabetes e Hipertensión para agrupación de los estados de México. Para el método de predicción, la base de datos utilizada fue la del COVID-19 para diferentes países incluyendo México y sus estados. En el método de clasificación se utilizó la base de datos de diabetes de mujeres estadounidenses del grupo étnico PIMA, la cual contiene datos de mujeres de 21 años en adelante. Esta base de datos PIMA Indian Diabetes Dataset (PIDD) es originalmente del National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases.

3.1.1 Base de datos COVID-19

La base de datos del COVID-19 de los países que fue utilizada para los experimentos se obtuvo de Humanitarian Data Exchange (HDX) [46] y para los estados de México se obtuvo del sitio web del Gobierno de México [47], estas bases de datos de los países incluyen los datos donde se han producido casos de COVID-19, los datos utilizados para el método de agrupación fueron desde el 22 de enero del 2020 al 13 de mayo del 2020.

Los conjuntos de datos consultados fueron los siguientes: `time_series_covid19_confirmed_global`, `time_series_covid19_recovered_global` y `time_series_covid19_deaths_global`. Los datos incluyen los casos confirmados, recuperados y fallecidos de los países, respectivamente. Para el módulo de predicción se utilizaron los datos del 22 de enero del 2020 al 01 de noviembre del 2020. En la Tabla 3.1, se puede observar un

ejemplo de la información que contiene los casos confirmados y en la Tabla 3.2, se muestra un ejemplo de los datos de casos de muertes de los países.

Tabla 3.1 Muestra de la base de datos de casos confirmados de COVID-19 en los países

Provincia /Estado	País/Región	Lat	Long	1/22/2020	...	11/01/2020
	Afghanistan	33.93911	67.709953	0	...	41501
	Albania	41.1533	20.1683	0	...	21202
	Algeria	28.0339	1.6596	0	...	58272

	Western Sahara	24.2155	-12.8858	0	...	10
	Yemen	15.552727	48.516388	0	...	2063
	Zambia	-13.133897	27.849332	0	...	16480
	Zimbabwe	-19.015438	29.154857	0	...	8374

Tabla 3.2 Muestra de la base de datos de casos de muertes por COVID-19 en los países

Provincia /Estado	País/Región	Lat	Long	1/22/2020	...	11/01/2020
	Afghanistan	33.93911	67.709953	0	...	1536
	Albania	41.1533	20.1683	0	...	518
	Algeria	28.0339	1.6596	0	...	1973

	Western Sahara	24.2155	-12.8858	0	...	1
	Yemen	15.552727	48.516388	0	...	600
	Zambia	-13.133897	27.849332	0	...	349
	Zimbabwe	-19.015438	29.154857	0	...	243

3.1.2 Base de datos de Diabetes e Hipertensión

Se utilizó el conjunto de datos de los 32 estados de México para ilustrar la agrupación en función de los patrones de similitud para hacer la comparación de los estados afectados de dichas enfermedades; la base de datos que se utilizó se obtuvo del conjunto de datos mexicano en el sitio web del Gobierno de México [48], son datos de personas las cuales tiene la enfermedad de Diabetes y de personas que tienen Hipertensión de los años 2000 al 2018. En la Tabla 3.3, se muestra un ejemplo de los datos de personas con diabetes que se utilizaron para realizar la agrupación de dicha enfermedad por estados y en la Tabla 3.4, se muestran los datos de personas con hipertensión que se utilizaron para realizar la agrupación por estados.

Tabla 3.3 Muestra de la base de datos de diabetes

Detección de padecimientos. Diabetes. Delegaciones	2000	2001	...	2018
Aguascalientes	67543	76375	...	194442
Baja California	122240	123325	...	581767
Baja California Sur	29843	34749	...	106368
Campeche	41807	41366	...	72631
...
Tlaxcala	41538	45091	...	99386
Veracruz	321658	285734	...	705789
Yucatán	115214	119281	...	217296
Zacatecas	46175	49549	...	74776

Tabla 3.4 Muestra de la base de datos de hipertensión

Detección de padecimientos. Hipertensión arterial. Delegaciones	2000	2001	...	2018
Aguascalientes	86115	86470	...	185357
Baja California	177741	190507	...	512157
Baja California Sur	33129	38349	...	105735
Campeche	41887	44928	...	79592
...
Tlaxcala	51328	58139	...	89937
Veracruz	405723	357408	...	683102
Yucatán	140416	142265	...	231902
Zacatecas	73859	73999	...	66356

3.1.3 Base de datos de Diabetes (PIMA Indian Diabetes)

La base de datos PIMA (Indian Diabetes) se obtuvo del sitio web Kaggle [49], el cual consta de 8 atributos, 768 registros con valores faltantes. De esta base de datos se eliminaron registros que contenían valores faltantes y se eliminaron atributos para poder tener una base de datos que nos sirva en la clasificación tanto para hombres como mujeres, la cual termino quedando con 336 registros y se utilizaron 5 atributos. En la Tabla 3.5, se muestra los atributos y descripción de la base de datos PIMA (Indian Diabetes) completa, en la Tabla 3.6, se muestra la base de datos después de eliminar los registros con valores faltantes y reducir el número de atributos y en la Tabla 3.7, se muestra un ejemplo de los registros en la base de datos.

Tabla 3.5 La base de datos PIMA (Indian Diabetes) con 768 registros

No	Atributos	Descripción	Parámetros
1	Pregnancies	Número de veces embarazada	[0-17]
2	Glucose	Concentración de glucosa en plasma en 2 horas	[0-199]
3	BloodPressure	Presión arterial diastólica	[0-122]
4	SkinThickness	Espesor del pliegue cutáneo del tríceps	[0-99]
5	Insulin	Insulina sérica de 2 horas	[0-846]
6	BMI	Índice de masa corporal (IMC)	[0-67.1]
7	DPF	Función de pedigrí de diabetes (FPD)	[0.078-2.42]
8	Age	Edad	[21-81]
9	Class	Donde 1 se representa como resultado positivo en la prueba y 0 como resultado negativo.	[0-1]

Tabla 3.6 La base de datos PIMA (Indian Diabetes) con 336 registros

No	Atributos	Descripción	Parámetros
1	Glucose	Concentración de glucosa en plasma en 2 horas	[56-197]
2	BloodPressure	Presión arterial diastólica	[24-110]
3	BMI	Índice de masa corporal (IMC)	[18.2-57.3]
4	DPF	Función de pedigrí de diabetes (FPD)	[0.085-2.329]
5	Age	Edad	[21-81]
6	Class	Donde 1 se representa como resultado positivo en la prueba y 0 como resultado negativo.	[0-1]

Tabla 3.7 Ejemplo de los registros de la base de datos PIMA (Indian Diabetes)

Pregnancies	Glucose	BloodPressure	...	BMI	DPF	Age	Outcome
3	78	50	...	31	0.248	26	1
3	141	0	...	30	0.761	27	1
1	103	30	...	43.3	0.183	33	0
3	116	0	...	23.5	0.187	23	0

3.2 Arquitecturas

A continuación, se muestra la arquitectura de cada método y la arquitectura general de todo el sistema híbrido inteligente.

3.2.1 Arquitectura para el módulo de clasificación

En la Figura 3.2, se muestra la arquitectura del módulo para la clasificación utilizando un sistema difuso tipo Mamdani con funciones de membresía triangulares utilizando lógica

difusa tipo-1 y un algoritmo genético para la optimización de los parámetros de las entradas y salidas de las funciones de membresía del sistema difuso.

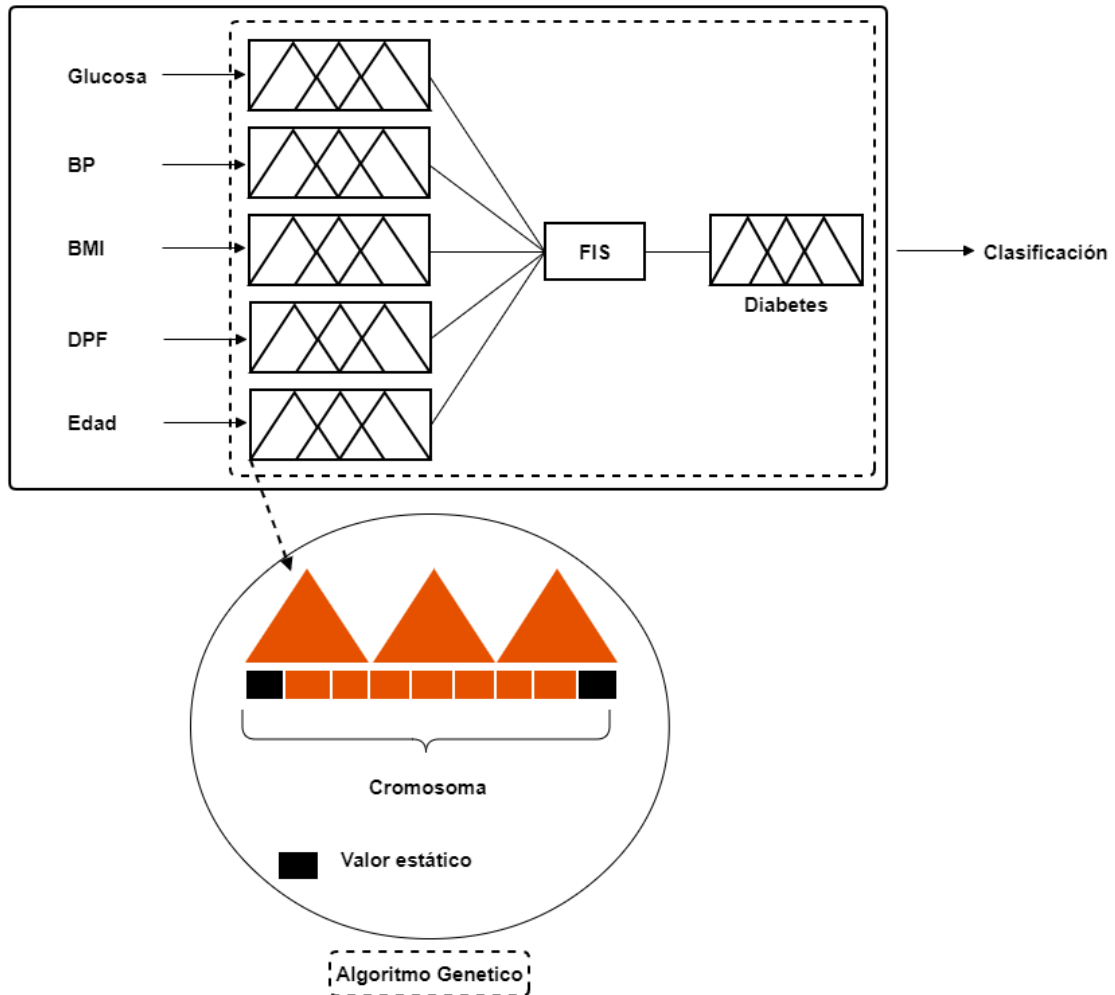


Figura 3.2 Arquitectura del módulo para la clasificación

La base de datos utilizada fue de diabetes PIMA (Indian Diabetes), con 336 registros y 5 atributos para realizar los experimentos. Se utilizó el sistema difuso que se puede observar en la Figura 3.3. El sistema difuso contiene 5 entradas y una salida.

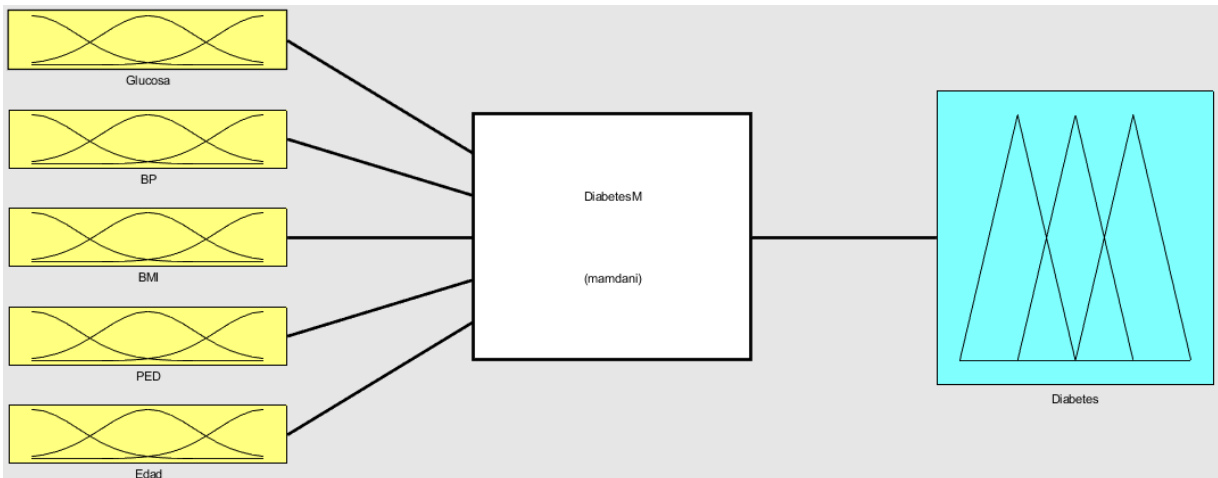


Figura 3.3 Sistema difuso tipo Mamdani utilizado con 5 entradas y una salida

Se utilizaron 6 y 13 reglas difusas, la manera que tiene el sistema difuso de guardar el conocimiento lingüístico que le permite resolver el problema para el cual ha sido diseñado es a base de reglas. Esta base de conocimiento tiene dos partes, el antecedente y la conclusión. Estas reglas son del tipo Si-Entonces las cuales se muestran a continuación.

Las 6 reglas difusas son las siguientes:

1. Si (*Glucosa* es Low) o (*BP* es Low) o (*BMI* es Low) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Low).
2. Si (*Glucosa* es Low) o (*BP* es Low) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Low).
3. Si (*Glucosa* es Low) o (*BP* es Low) o (*BMI* es High) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Medium).
4. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es High) o (*BMI* es High) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).
5. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es High) o (*PED* es High) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es High).
6. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es High) o (*BMI* es High) o (*PED* es High) o (*Edad* es High) entonces (*Diabetes* es High).

Las 13 reglas difusas son las siguientes:

1. Si (*Glucosa* es Low) o (*BP* es Low) o (*BMI* es Low) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Low).
2. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).

3. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es High) o (*BMI* es High) o (*PED* es High) o (*Edad* es High) entonces (*Diabetes* es High).
4. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es High) o (*PED* es High) o (*Edad* es High) entonces (*Diabetes* es High).
5. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es High) o (*BMI* es High) o (*PED* es High) o (*Edad* es High) entonces (*Diabetes* es High).
6. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es High) o (*BMI* es Low) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Medium).
7. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es Low) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Low).
8. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es High) o (*BMI* es Low) o (*PED* es Low) o (*Edad* es Low) entonces (*Diabetes* es Low).
9. Si (*Glucosa* es High) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).
10. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es High) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).
11. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es High) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es High).
12. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es High) o (*Age* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).
13. Si (*Glucosa* es Medium) o (*BP* es Medium) o (*BMI* es Medium) o (*PED* es Medium) o (*Edad* es Medium) entonces (*Diabetes* es Medium).

Se utilizo un algoritmo genético para la optimización de los valores en los parámetros de las entradas y salidas de las funciones de membresía como se puede observar el cromosoma en la Figura 3.4 y en la

Tabla 3.8, se pueden observar los valores usados para el algoritmo genético.

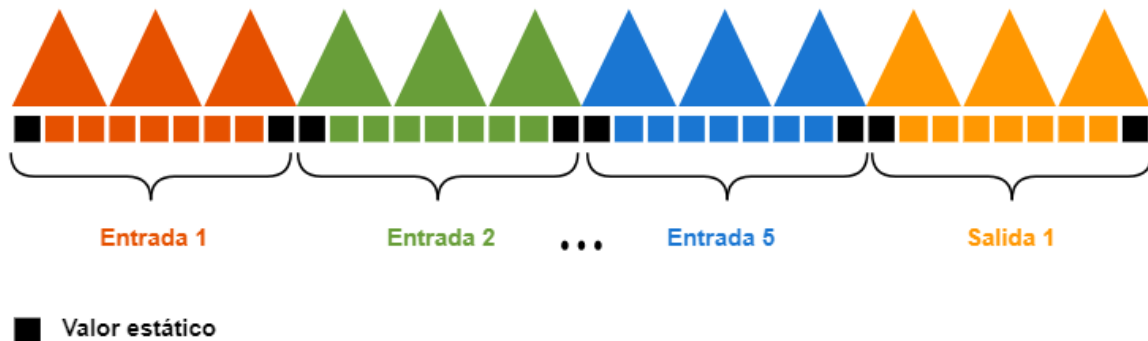


Figura 3.4 El cromosoma usado para la optimización de los valores en los parámetros

Tabla 3.8 Valores para el algoritmo genético

Parámetros del AG	Valores
Individuos	30
Generaciones	1000
Selección	Torneo
Mutación	0.3
Cruce	Uniforme

Para el proceso de la optimización primeramente se genera una población aleatoria y después de se hace una evaluación basados en la función fitness que en este caso es el error medio cuadrático el cual es utilizado para dicha evaluación, después que los individuos son clasificados para evitar modificaciones el mejor fitness es guardado, este proceso es conocido como elitismo, después continuamos con la selección torneo donde se continua con el emparejamiento de dos cromosomas o individuos conocidos como padres, después se realiza el cruce uniforme donde se obtienen los hijos y la mutación se utiliza para actualizar la población de soluciones, la intención de este proceso es obtener mejores padres para obtener mejores resultados en la optimización. Se utilizo la fórmula de la exactitud que nos ayuda a obtener el porcentaje de lo bien que hizo la clasificación nuestro sistema difuso el cual se puede observar en la ecuación 3.1 que se muestra a continuación.

$$Exactitud = \left(\frac{VP+VN}{VP+FP+VN+FN} \right) * 100 \quad (3.1)$$

Donde los valores de *VP* son Verdaderos Positivos, *VN* son Verdaderos Negativos, *FP* son Falsos Positivos y *FN* son Falsos Negativos [50].

3.2.2 Arquitectura para el módulo de agrupación

En la Figura 3.5, se muestra la arquitectura usando los mapas autoorganizados de Kohonen para el módulo de agrupación de los estados de México, la cual cuenta con cuatro clases que nos ayuda para agrupar los datos conforme al índice de casos; muy alto la cual está representado por el coló rojo, alto la cual está representada por el color naranja, medio la cual está representada por el coló amarillo y bajo la cual esta representada por el coló verde para

poder distinguir y agrupar los datos de mejor manera y mostrarlos en un mapa de México y sus estados para su visualización.

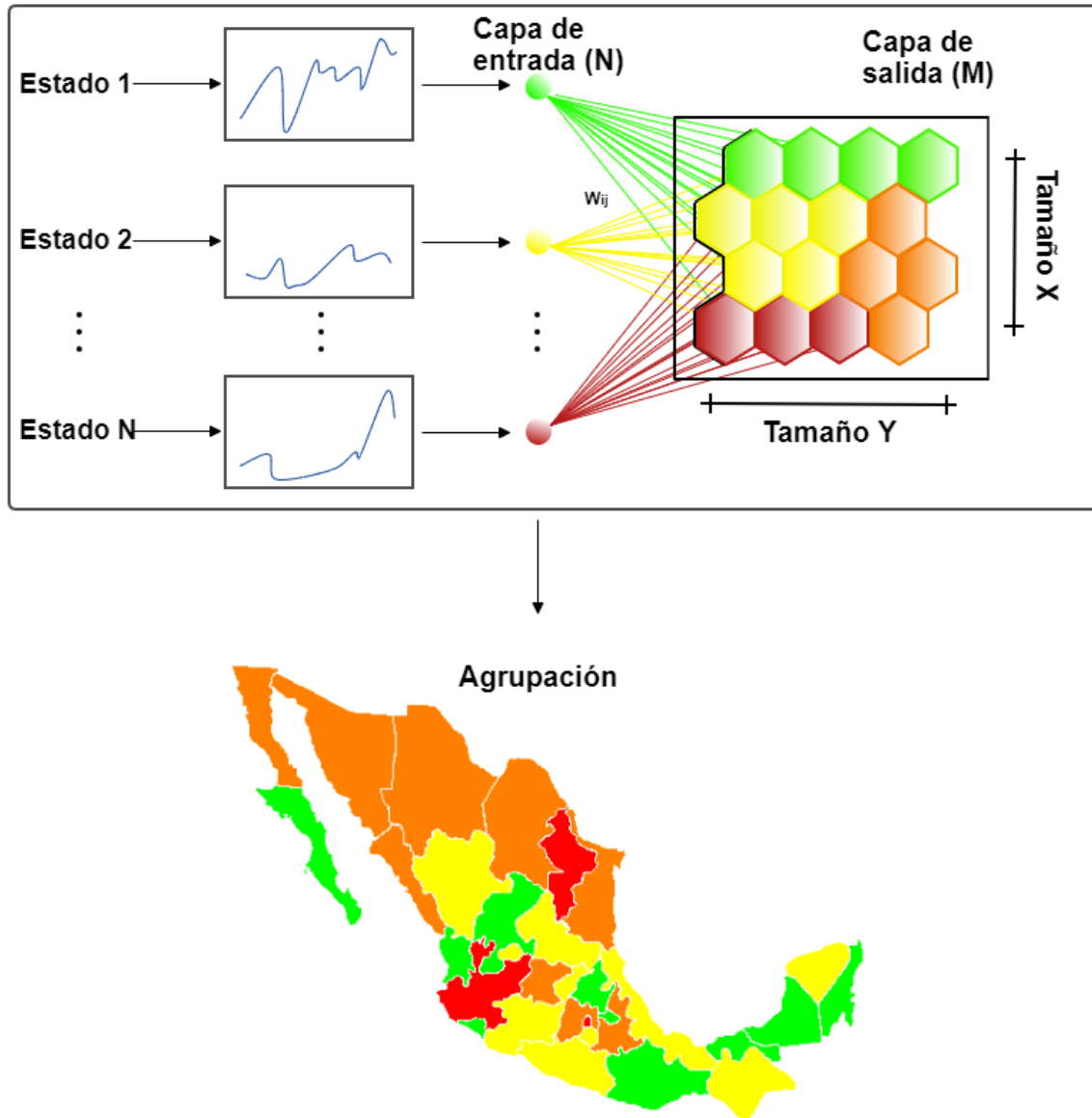


Figura 3.5 Arquitectura del módulo para la agrupación de los estados de México

Y en la Figura 3.6, se muestra la arquitectura para el módulo de agrupación para los países la cual también cuenta con cuatro clases y un mapa mundial para poder mostrar las clases

una vez agrupadas con sus respectivos colores los cuales, con rojo para muy alto, naranja para alto, amarillo para medio y verde para bajo.

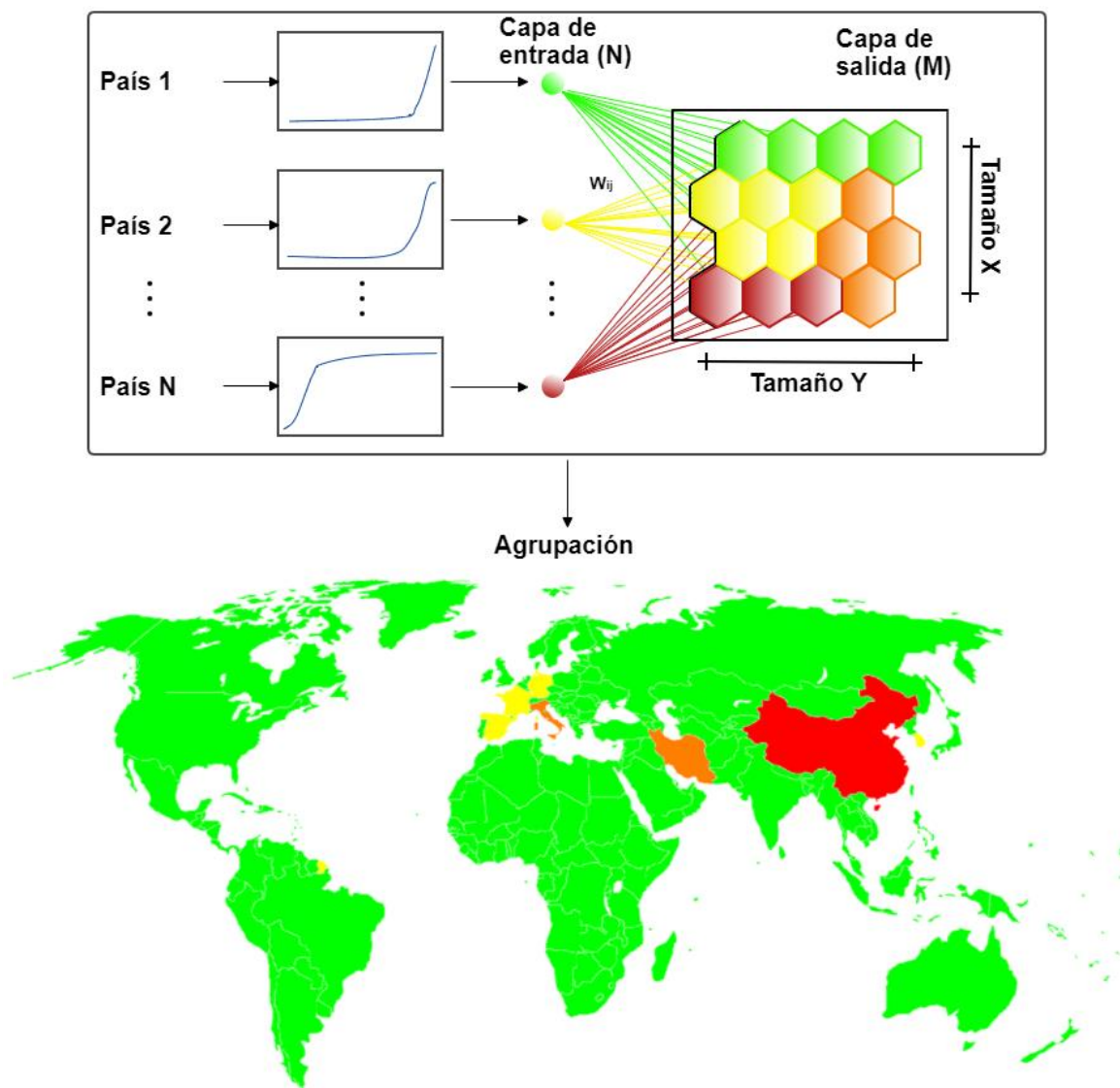


Figura 3.6 Arquitectura del módulo para la agrupación de los países

3.2.3 Arquitectura para el módulo de predicción

En la Figura 3.7, se muestra la arquitectura de la red neuronal modular autorregresiva no lineal (NAR) donde se utiliza un integrador de valor mínimo para la predicción de casos confirmados, recuperados y muertes de COVID-19 de los países, es decir, para la predicción se elige el valor menor de las tres redes neuronales artificiales NAR al finalizar las pruebas de los experimentos. Los módulos dentro de la arquitectura son modelos tipo ensemble de redes

neuronales, las cuales forman un grupo de redes neuronales artificiales autorregresivas no lineales.

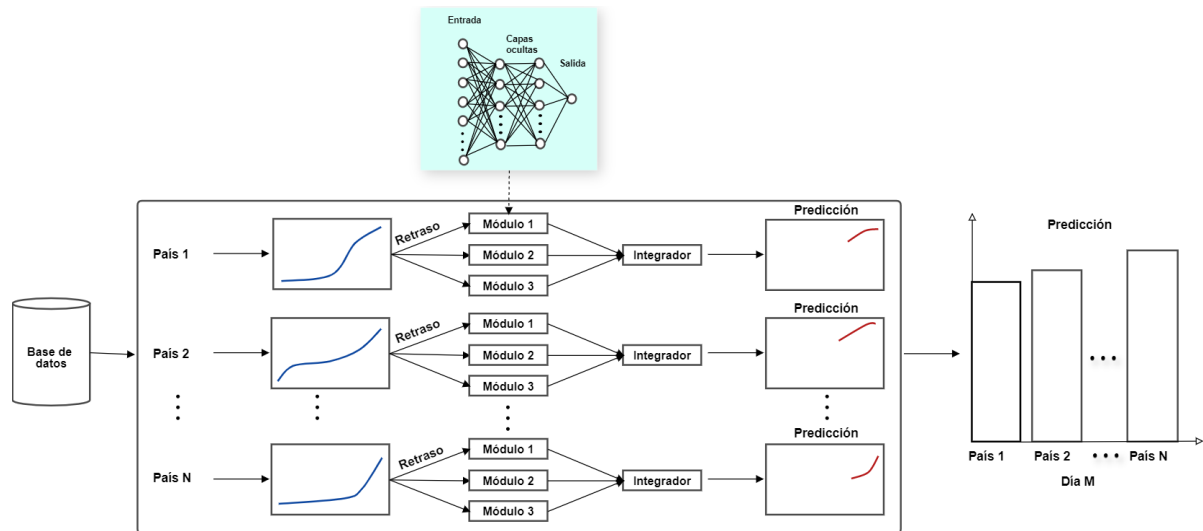


Figura 3.7 Arquitectura del módulo para la predicción

También se realizaron pruebas optimizando el número de neuronas en las capas ocultas de las redes neuronales utilizando un algoritmo genético. La arquitectura para la optimización del número de neuronas se muestra en la siguiente Figura 3.8. El cromosoma utilizado para la optimización del número de neuronas en las capas ocultas para el módulo de la predicción donde se utilizó un integrador de valor mínimo y también para el módulo donde se utilizó un integrador difuso se muestra en la Figura 3.9.

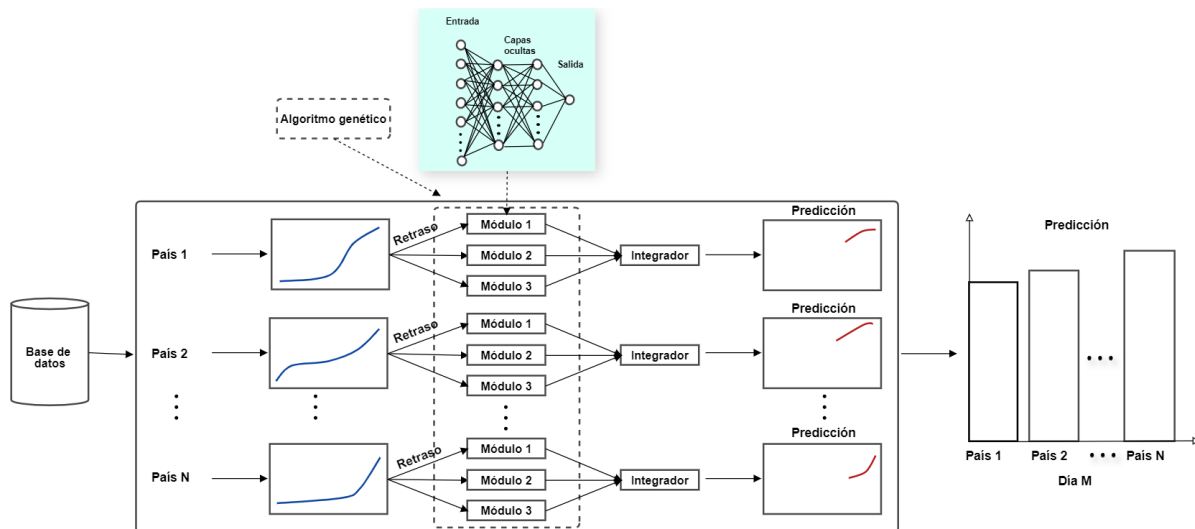


Figura 3.8 Arquitectura para la optimización de módulos usando un algoritmo genético.

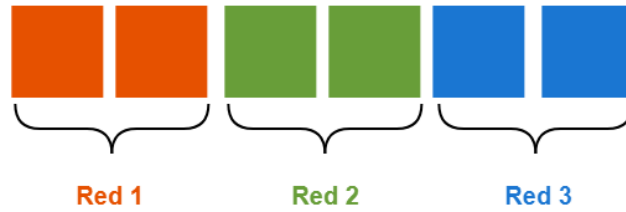


Figura 3.9 Cromosoma del algoritmo genético para la optimización del número de neuronas en las capas ocultas.

Para el módulo de predicción de los estados de México la arquitectura se muestra en la Figura 3.10. También se realizaron pruebas optimizando el número de neuronas en la capa oculta, esta arquitectura se puede observar en la Figura 3.11. En este módulo se utiliza un integrador difuso tipo-1 el cual se puede ver en la Figura 3.12, las entradas difusas, el sistema de inferencia difusa y las salidas difusas. Las entradas e_1 , e_2 y e_3 consiste en el error medio cuadrático normalizado de las tres redes neuronales usadas para la predicción. El sistema de inferencia difuso consiste en tres reglas difusas. Y las 3 salidas w_1 , w_2 y w_3 son la media ponderada.

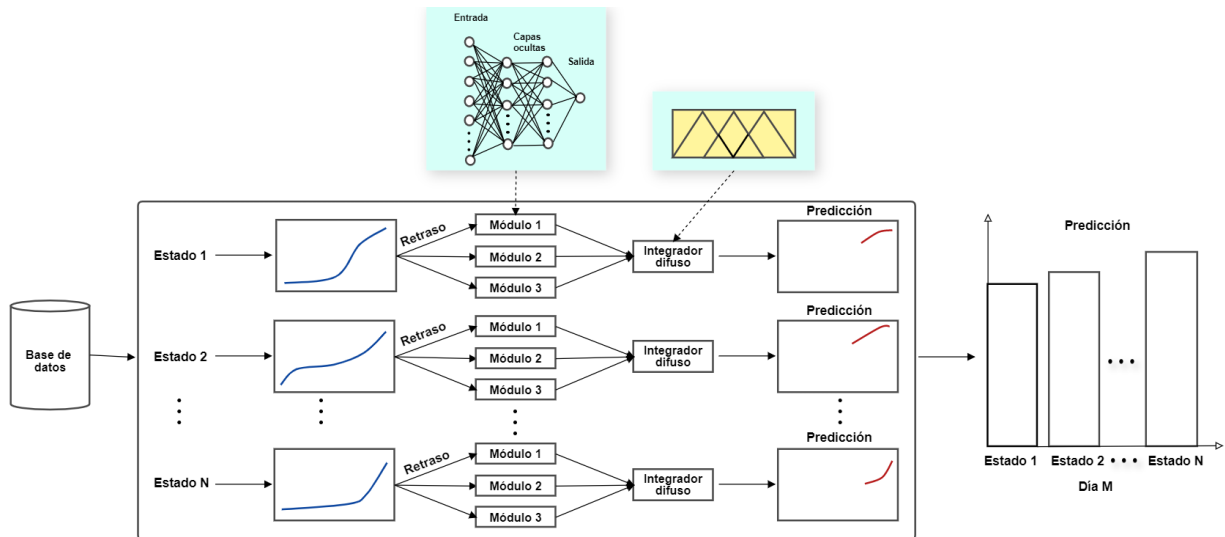


Figura 3.10 Arquitectura del módulo para la predicción de COVID-19 de los estados de México

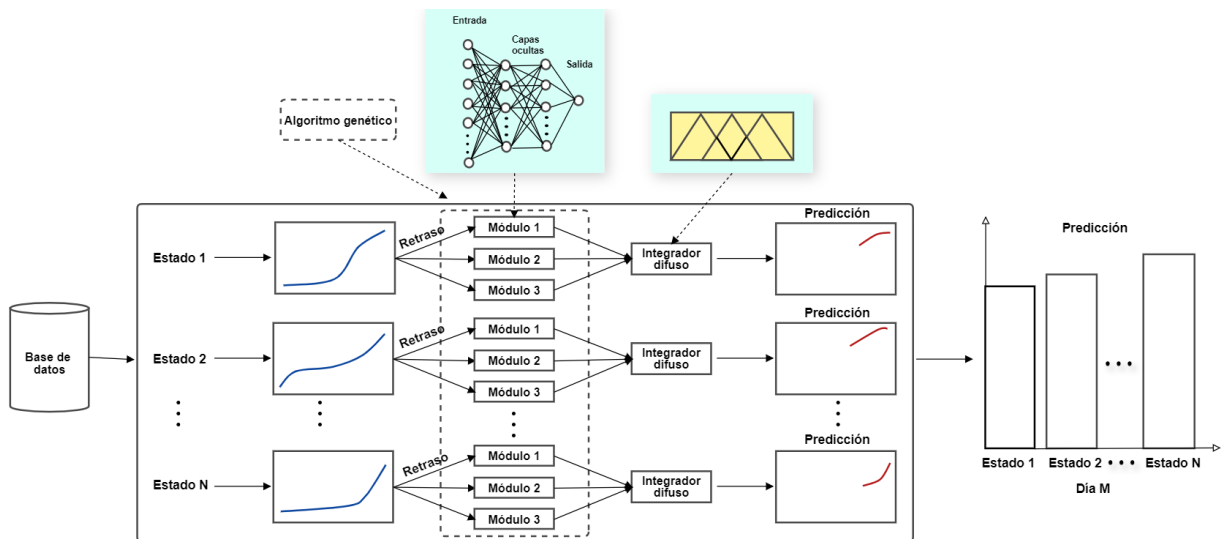


Figura 3.11 Arquitectura para optimizar con integrador difuso para predicción de COVID-19 de los estados de México

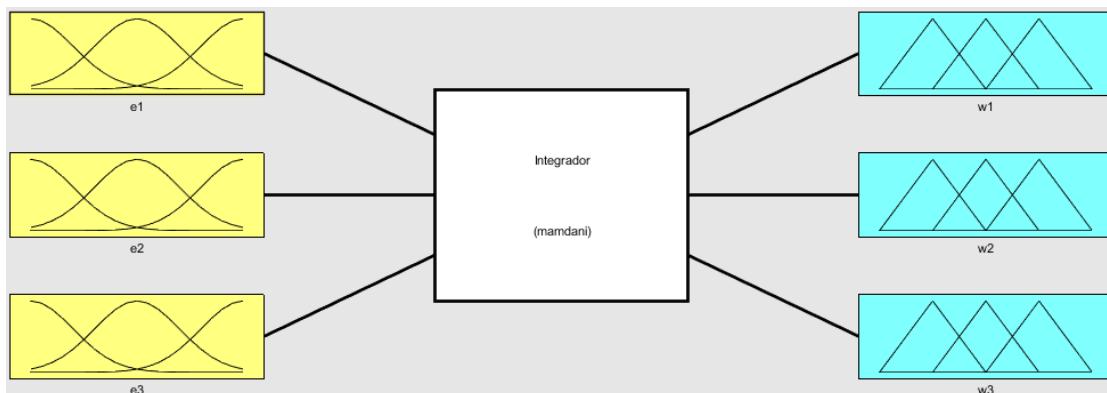


Figura 3.12 Arquitectura del Integrador difuso con funciones de membresía Gaussiana

En la Figura 3.13, se ilustran las entradas difusas de las funciones de membresía e_1 , e_2 y e_3 las cuales son los errores medios cuadráticos normalizados de las redes neuronales en el módulo 1, modulo 2 y módulo 3. Los niveles aplicados son; bajo, medio y alto. Las entradas e_1 , e_2 y e_3 tienen el rango entre 0 y 1.

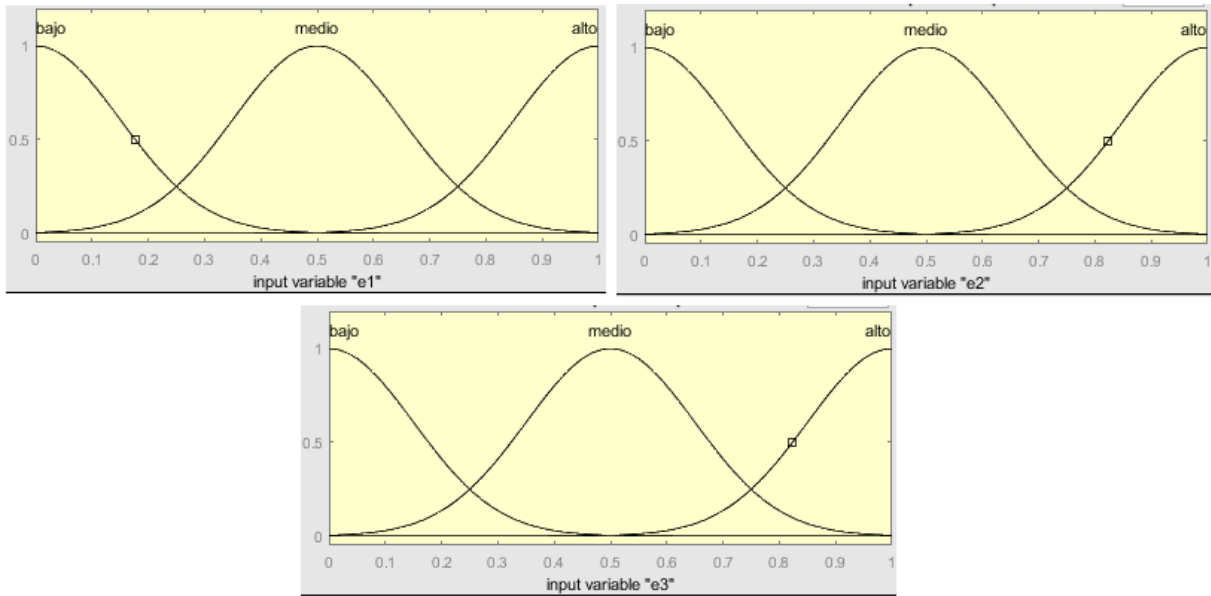


Figura 3.13 Las entradas difusas para e_1 , e_2 y e_3 con funciones de membresía Gaussiana

En la Figura 3.14, se ilustran las salidas difusas de las funciones de membresía w_1 , w_2 y w_3 las cuales son los promedios ponderados de las redes neuronales respectivamente. Los niveles aplicados son; bajo, medio y alto. Las salidas w_1 , w_2 y w_3 tienen el rango entre 0 y 1.

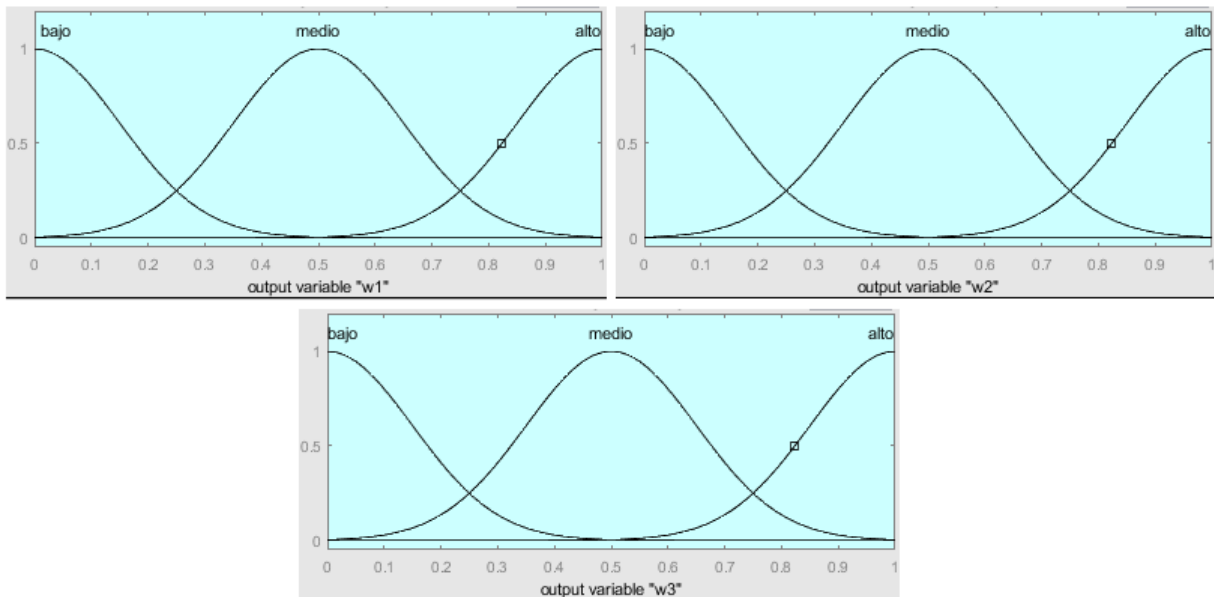


Figura 3.14 Las salidas difusas para w_1 , w_2 y w_3 con funciones de membresía Gaussiana

El sistema de inferencia difusa FIS, por sus siglas en inglés (Fuzzy Inference System) contiene 3 reglas difusas, las cuales se muestran a continuación.

1. Si (e1 es bajo) y (e2 es medio) y (e3 es alto) entonces (w1 es alto) (w2 es medio) (w3 es bajo)
2. Si (e1 es alto) y (e2 es bajo) y (e3 es medio) entonces (w1 es bajo) (w2 es alto) (w3 es medio)
3. Si (e1 es medio) y (e2 es alto) y (e3 es bajo) entonces (w1 es medio) (w2 es bajo) (w3 es alto)

4 Resultados

En esta sección se presentan los resultados obtenidos de los diferentes métodos desarrollados para los módulos de clasificación, agrupación y predicción. Empezando con los resultados de los métodos para el módulo de la clasificación en el cual se utilizó un algoritmo genético para la optimización de los parámetros de las entradas y salida de las funciones de membresía Gaussianas del sistema difuso tipo-1 para el método de 6 reglas difusas y el método de 13 reglas difusas, después se muestran los resultados del módulo para la agrupación, el cual muestra 3 casos, caso 1 es de los datos de COVID-19, el caso 2 es de los datos de hipertensión y el caso 3 es de los datos de diabetes. Y por último se muestran los resultados obtenidos para el módulo de predicción de este presente trabajo de investigación, primeramente, se muestran los resultados donde se utilizó el integrador de valor mínimo para el primer método y después los resultados donde se utilizó un integrador difuso para el segundo método.

4.1 Resultados de la clasificación

A continuación, se muestran los resultados del módulo de clasificación donde se utilizó un algoritmo genético para optimizar los valores de los parámetros de las entradas y salida de un sistema difuso para la clasificación de diabetes.

4.1.1 Método usando un sistema difuso y un algoritmo genético

Los resultados obtenidos que se presentan a continuación son del método para la clasificación utilizando un sistema difuso y un algoritmo genético para su optimización.

4.1.1.1 Clasificación usando los datos de Diabetes PIMA

En esta sección se pueden observar los resultados obtenidos para la clasificación usando la base de datos de diabetes PIMA.

4.1.1.1.1 Usando 6 reglas difusas

En la Figura 4.1, se puede observar el mejor sistema difuso obtenido usando las 6 reglas difusas.

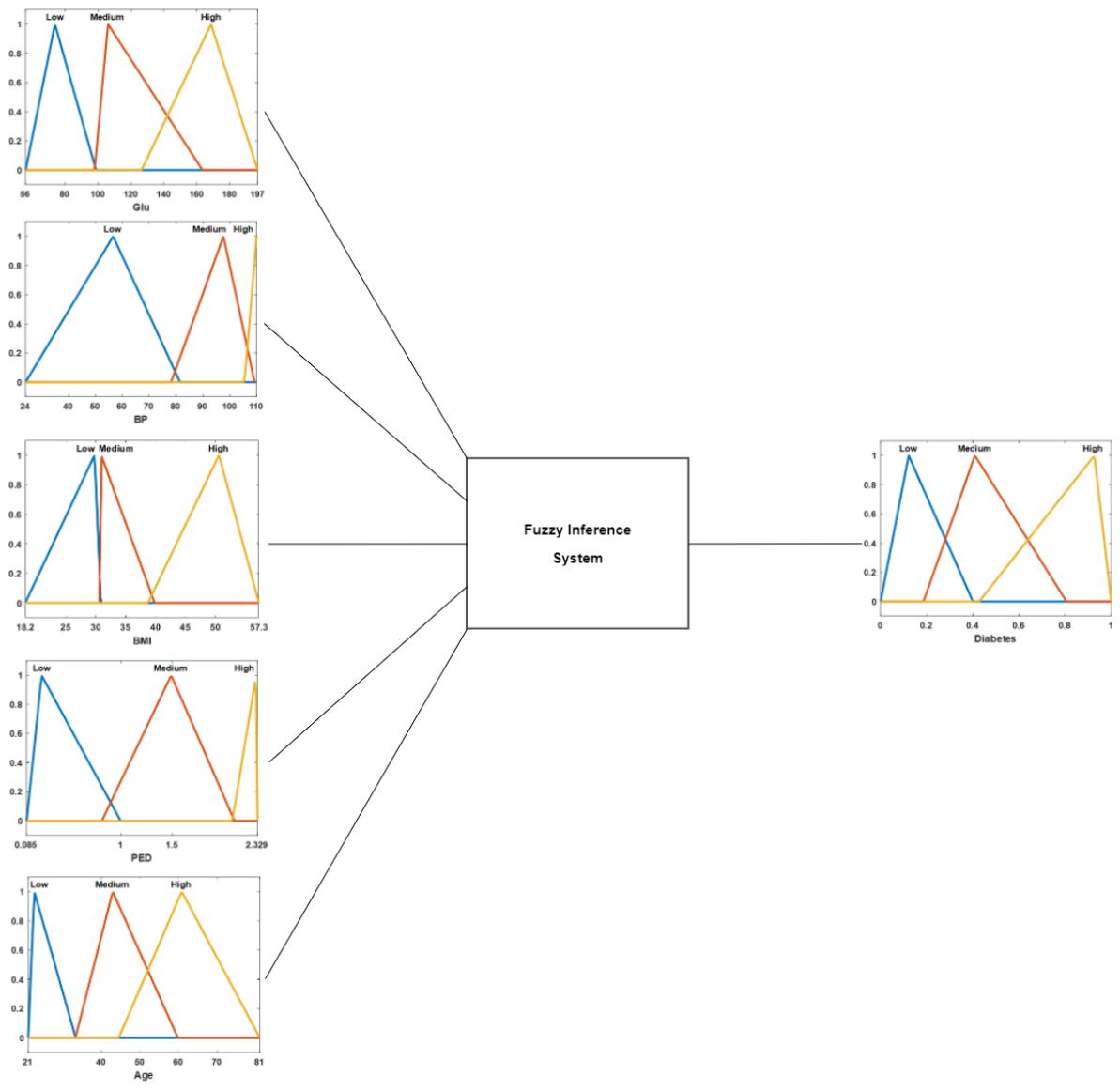


Figura 4.1 El mejor sistema difuso obtenido usando 6 reglas difusas

En la Tabla 4.1, se pueden observar los resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso para la clasificación usando la base de datos de diabetes PIMA con el integrador difuso usando 6 reglas difusas. El MSE por sus siglas en inglés (Mean Squared Error) representa el error cuadrático medio.

Tabla 4.1 Resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso usando 70% de los datos y 6 reglas difusas

Corridas	MSE	Exactitud %
1	0.187234	81.2766
2	0.195745	80.42553
3	0.174468	82.55319
4	0.165957	83.40426
5	0.229787	77.02128
6	0.191489	80.85106
7	0.187234	81.2766
8	0.217021	78.29787
9	0.2	80
10	0.182979	81.70213
11	0.195745	80.42553
12	0.191489	80.85106
13	0.187234	81.2766
14	0.212766	78.7234
15	0.204255	79.57447
16	0.178723	82.12766
17	0.2	80
18	0.187234	81.2766
19	0.2	80
20	0.191489	80.85106
21	0.187234	81.2766
22	0.217021	78.29787
23	0.191489	80.85106
24	0.191489	80.85106
25	0.238298	76.17021
26	0.182979	81.70213
27	0.187234	81.2766
28	0.191489	80.85106
29	0.208511	79.14894
30	0.195745	80.42553
Promedio	0.195745	80.42553
Desviación Estándar	0.015485	1.548456

4.1.1.1.2 Usando 13 reglas difusas

En la Figura 4.2, se puede observar el mejor sistema difuso obtenido usando las 13 reglas difusas.

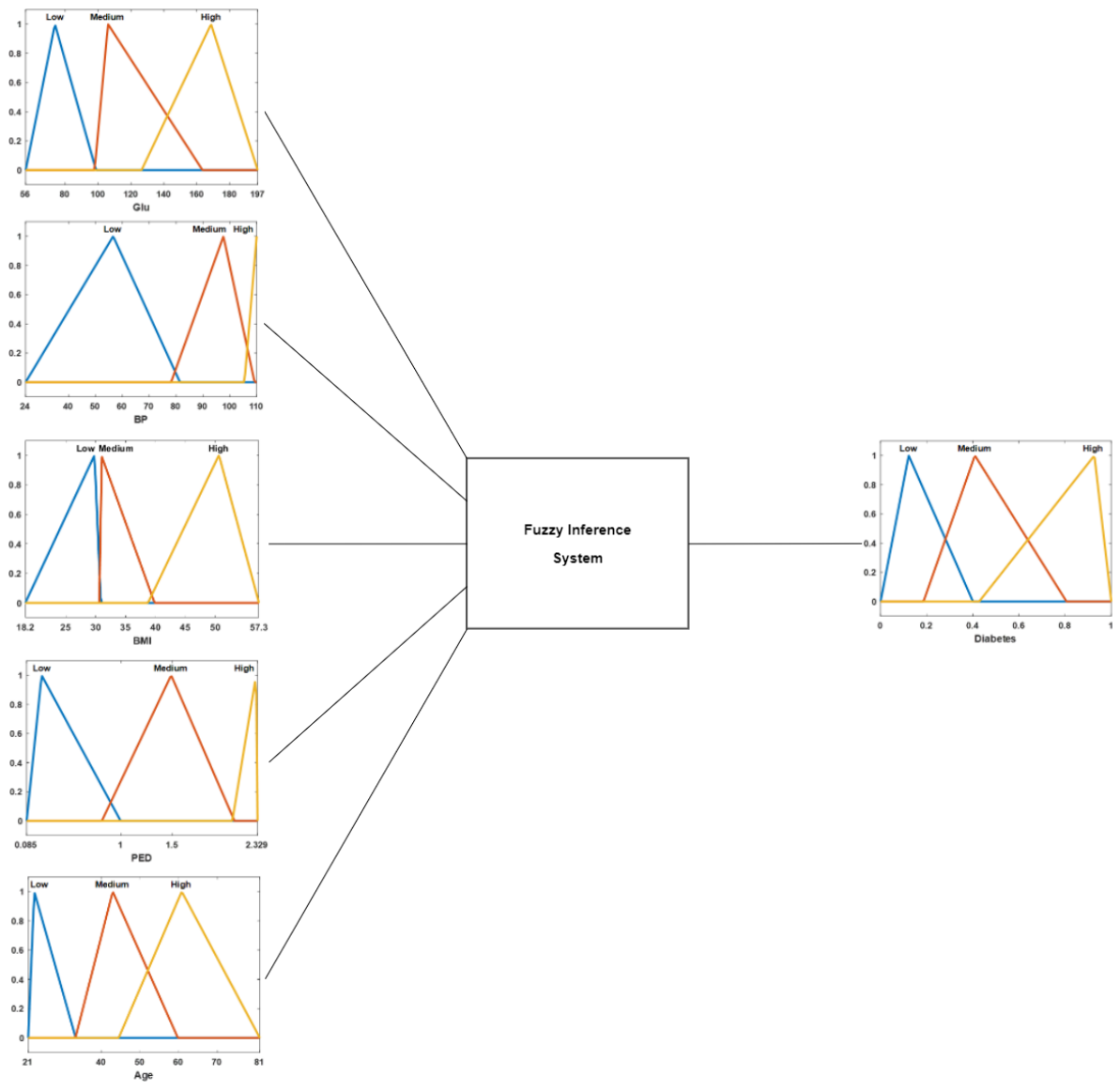


Figura 4.2 El mejor sistema difuso obtenido usando 13 reglas difusas

En la Tabla 4.2, se pueden observar los resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso para la clasificación usando la base de datos de diabetes PIMA con el integrador difuso usando 13 reglas difusas.

Tabla 4.2 Resultados obtenidos de la optimización del sistema difuso usando 70% de los datos y 13 reglas difusas

Corridas	MSE	Exactitud %
1	0.156134	84.38662
2	0.152416	84.75836
3	0.163569	83.64312
4	0.163569	83.64312
5	0.159851	84.01487
6	0.171004	82.89963
7	0.163569	83.64312
8	0.156134	84.38662
9	0.144981	85.50186
10	0.167286	83.27138
11	0.167286	83.27138
12	0.167286	83.27138
13	0.163569	83.64312
14	0.156134	84.38662
15	0.159851	84.01487
16	0.163569	83.64312
17	0.167286	83.27138
18	0.163569	83.64312
19	0.163569	83.64312
20	0.159851	84.01487
21	0.174721	82.52788
22	0.163569	83.64312
23	0.137546	86.24535
24	0.167286	83.27138
25	0.148699	85.13011
26	0.163569	83.64312
27	0.159851	84.01487
28	0.137546	86.24535
29	0.167286	83.27138
30	0.133829	86.6171
Promedio	0.15948	84.05204
Desviación Estándar	0.01002	1.002031

4.1.1.1.3 Comparación del método propuesto usando 6 y 13 reglas difusas

En la Tabla 4.3, se pueden observar los resultados obtenidos de la comparación usando la base de datos de diabetes PIMA con el integrador difuso usando 6 y 13 reglas difusas con la optimización usando un algoritmo genético donde se utilizó el 30% de los datos de los 336 registros para realizar dichas pruebas.

Tabla 4.3 Comparación de los resultados de las 6 y 13 reglas difusas usando el 30% de datos para prueba

Métodos	Comparación				
	Reglas difusas	Corridas	Prueba %	Datos totales	Exactitud
Sistema Difuso AG	6	30	30%	336	78.22
Sistema Difuso AG	13	30	30%	336	79.21

4.2 Resultados de la agrupación

A continuación, se muestran los resultados del módulo de agrupación donde se obtuvieron las 4 clases de agrupaciones de los países y de México y sus estados, las bases de datos utilizadas fueron las de COVID-19, hipertensión y diabetes. Las clases se dividen dependiendo el índice de casos, en color rojo para muy alto, en color naranja para alto, en color amarillo para medio y en color verde para bajo.

4.2.1 Método de mapas autoorganizados de Kohonen

Los resultados obtenidos que se presentan a continuación son de la agrupación utilizando mapas autoorganizados de Kohonen para los casos de COVID-19, hipertensión y diabetes.

4.2.1.1 Caso 1 para datos de COVID-19

En esta sección se pueden observar los resultados obtenidos para la agrupación usando la base de datos COVID-19 para los casos de confirmados, muertes, y recuperados en los países y en los estados de México los casos confirmados y casos de muertes del 22-01-2020 al 13-05-2020.

4.2.1.1.1 Casos confirmados de COVID-19 en los países

En la Figura 4.3 se puede observar el mapa mundial con la agrupación obtenida de los casos confirmados de COVID-19 y en la Tabla 4.4, se pueden observar los datos de la agrupación obtenida de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 en los países del 22-01-2020 al 13-05-2020.

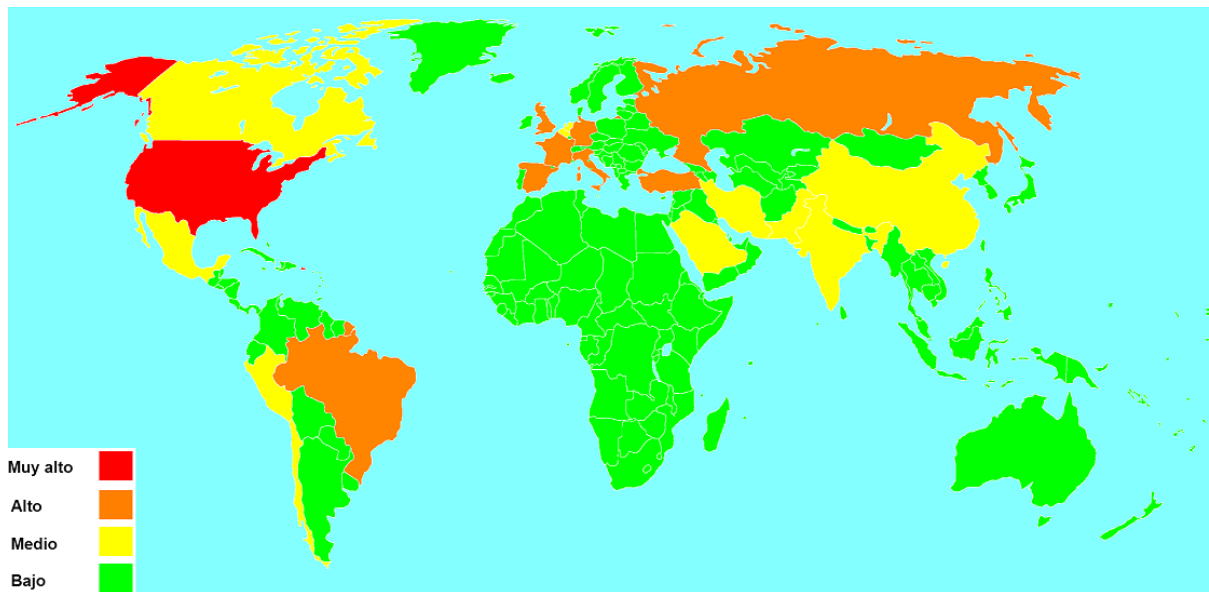


Figura 4.3 Agrupación de los países de acuerdo a los casos confirmados de Covid-19

Tabla 4.4 Resultados de la agrupación para los casos confirmados de COVID-19 en los países

Agrupación	País	Valor
Muy alto	Estados Unidos (EU)	1390361
Alto	Brasil	189157
	Francia	178184
	Alemania	174098
	Italia	222104
	Rusia	242271
	España	228691
	Turquía	143114
	Reino Unido	230986
Medio	Bélgica	53981
	Canadá	73568
	Chile	34381
	China	84024
	India	78055
	Irán	112725
	México	40186
	Países bajos	43410
	Pakistán	35298
	Perú	76306
	Arabia Saudita	44830
	Bajo	Afganistán
...		...

4.2.1.1.2 Casos recuperados de COVID-19 en los países

En la Figura 4.4, se pueden observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos recuperados de COVID-19 en los países del 22-01-2020 al 13-05-2020.

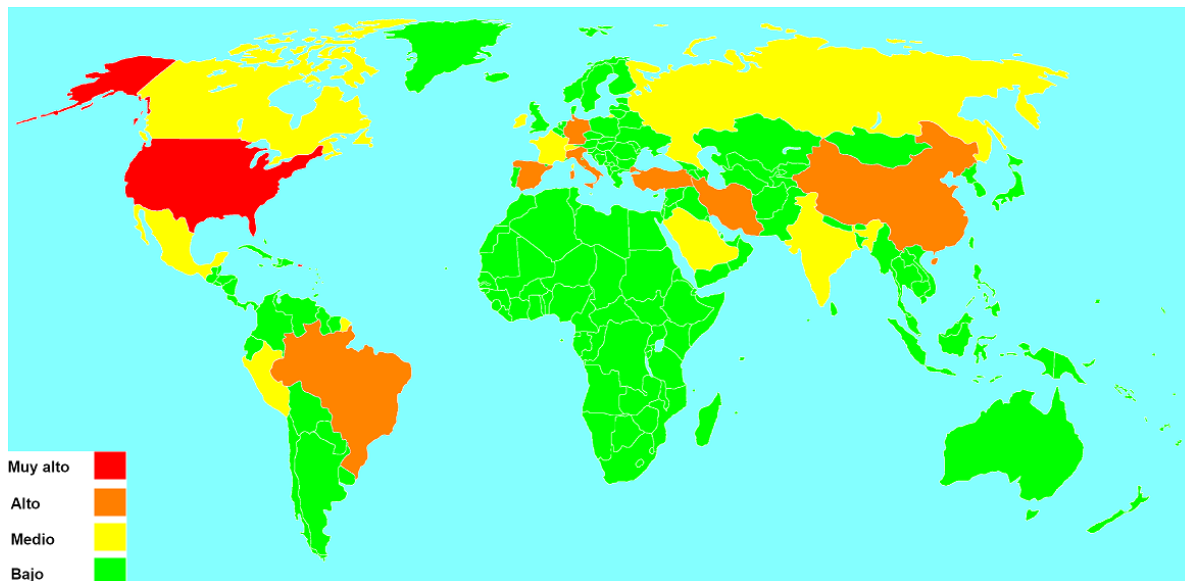


Figura 4.4 Agrupación de los países de acuerdo a los casos recuperados de Covid-19

4.2.1.1.3 Casos de muertes por COVID-19 en los países

En la Figura 4.5, se pueden observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos de muertes por COVID-19 en los países del 22-01-2020 al 13-05-2020.

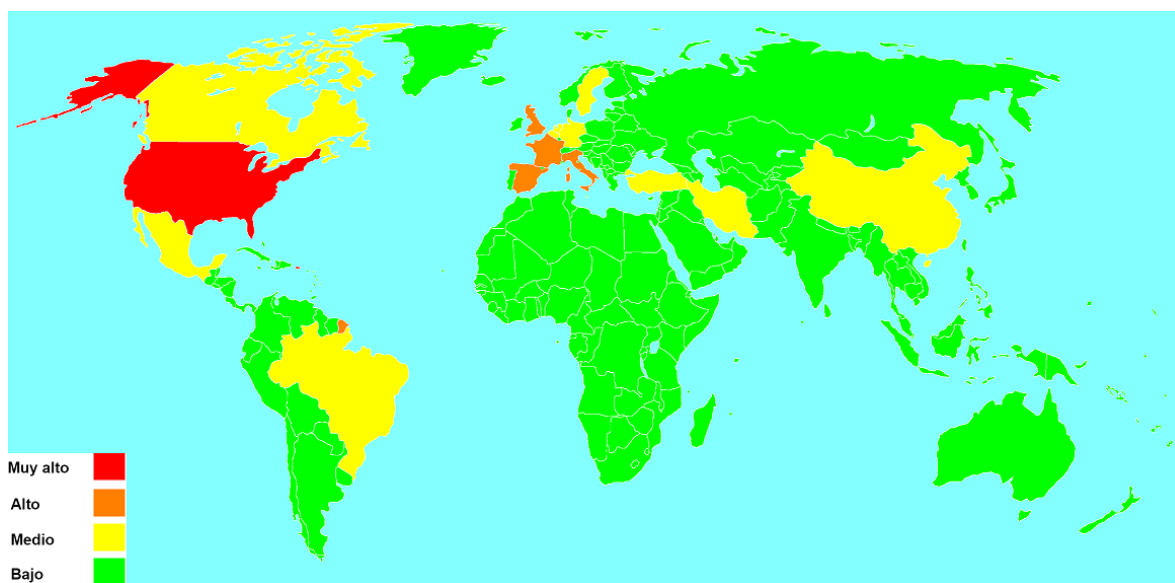


Figura 4.5 Agrupación de los países de acuerdo a los casos de muertes por Covid-19

4.2.1.1.4 Casos confirmados de COVID-19 en los estados de México

En la Figura 4.6, se puede observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 en los estados de México del 22-01-2020 al 13-05-2020.

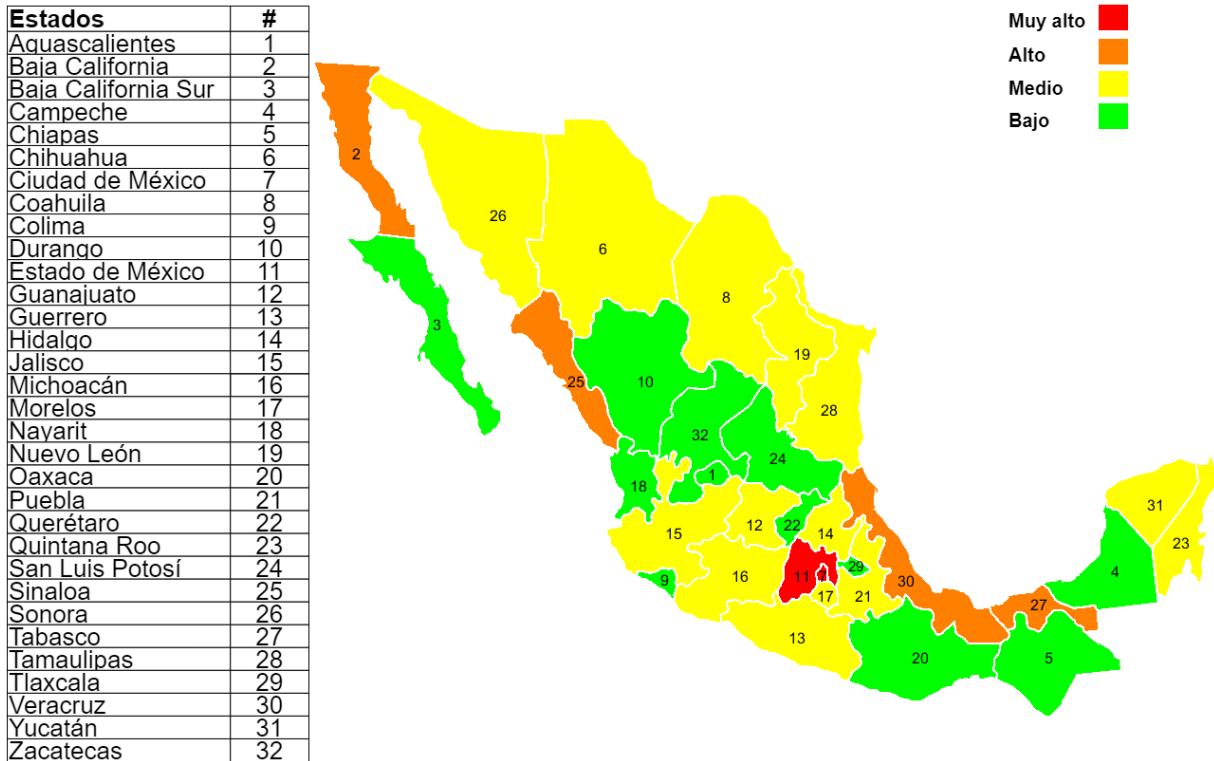


Figura 4.6 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos confirmados de Covid-19

En la Tabla 4.5, se puede observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 en los estados de México del 22-01-2020 al 13-05-2020.

Se puede observar que la Ciudad de México y el Estado de México son los estados con el más alto índice de casos confirmados de COVID-19, seguido por el estado de Baja California, Sinaloa, Tabasco y Veracruz los cuales también son de los estados más afectados. Colima el estado menos afectado por la pandemia en las fechas del 22 de enero del 2020 al 13 de mayo del 2020.

Tabla 4.5 Resultados de la agrupación de los casos confirmados de COVID-19 en los estados de México

Agrupación	Estado	Valor
Muy alto	Ciudad de México	10946
	Estado de México	6813
Alto	Baja California	2764
	Sinaloa	1620
	Tabasco	1976
	Veracruz	1574
Medio	Chihuahua	768
	Coahuila	616
	Guanajuato	580
	Guerrero	670
	Hidalgo	637
	Jalisco	699
	Michoacán	678
	Morelos	915
	Nuevo León	717
	Puebla	1213
	Quintana Roo	1177
	Sonora	642
	Tamaulipas	799
	Yucatán	924
Bajo	Aguascalientes	398
	Baja California Sur	409
	Campeche	226
	Chiapas	450
	Colima	46
	Durango	127
	Nayarit	252
	Oaxaca	291
	Querétaro	315
	San Luis Potosí	338
	Tlaxcala	438

4.2.1.1.5 Casos de muertes por COVID-19 en los estados de México

En la Figura 4.7, se pueden observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos de muertes por COVID-19 en los estados de México del 22-01-2020 al 13-05-2020.

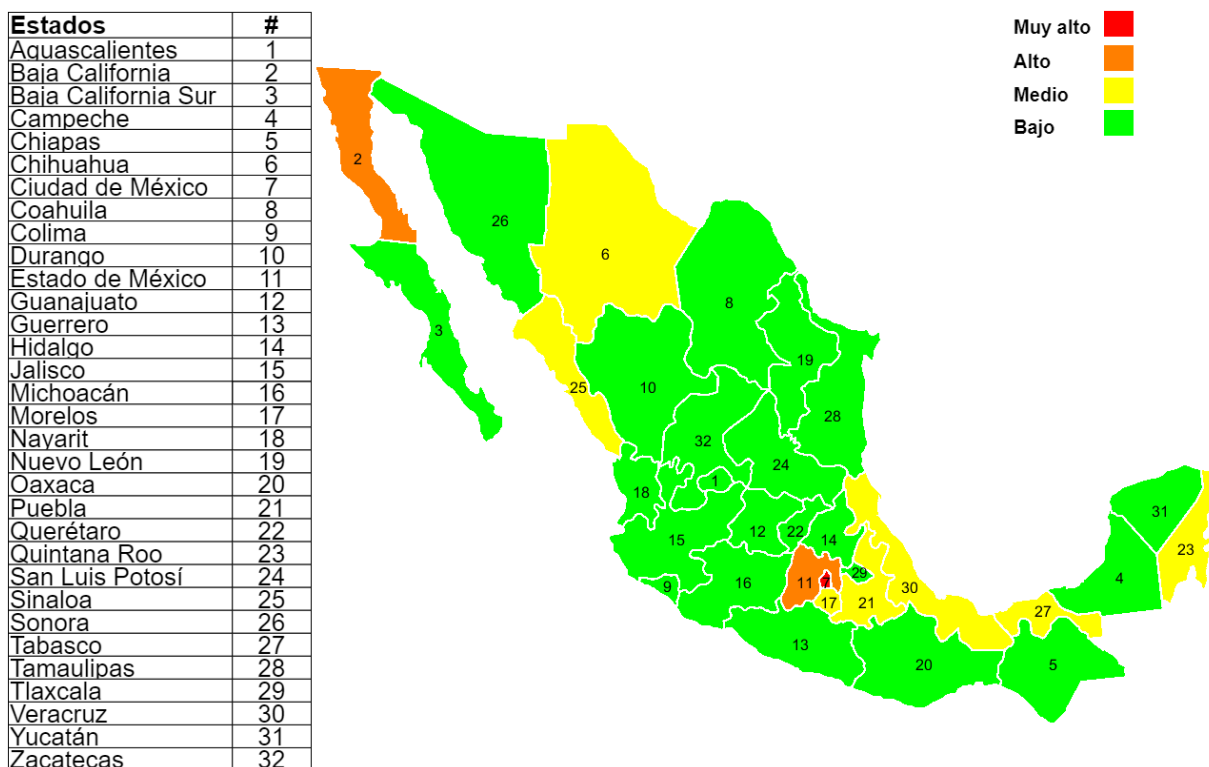


Figura 4.7 Agrupación de los países de acuerdo a los casos de muertes por Covid-19

4.2.1.2 Caso 2 para datos de Hipertensión en los estados de México

En esta sección se pueden observar los resultados obtenidos para la agrupación usando la base de datos de hipertensión para los estados de México del año 2000 al 2018. En la Figura 4.8, se pueden observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos de hipertensión en los estados de México.

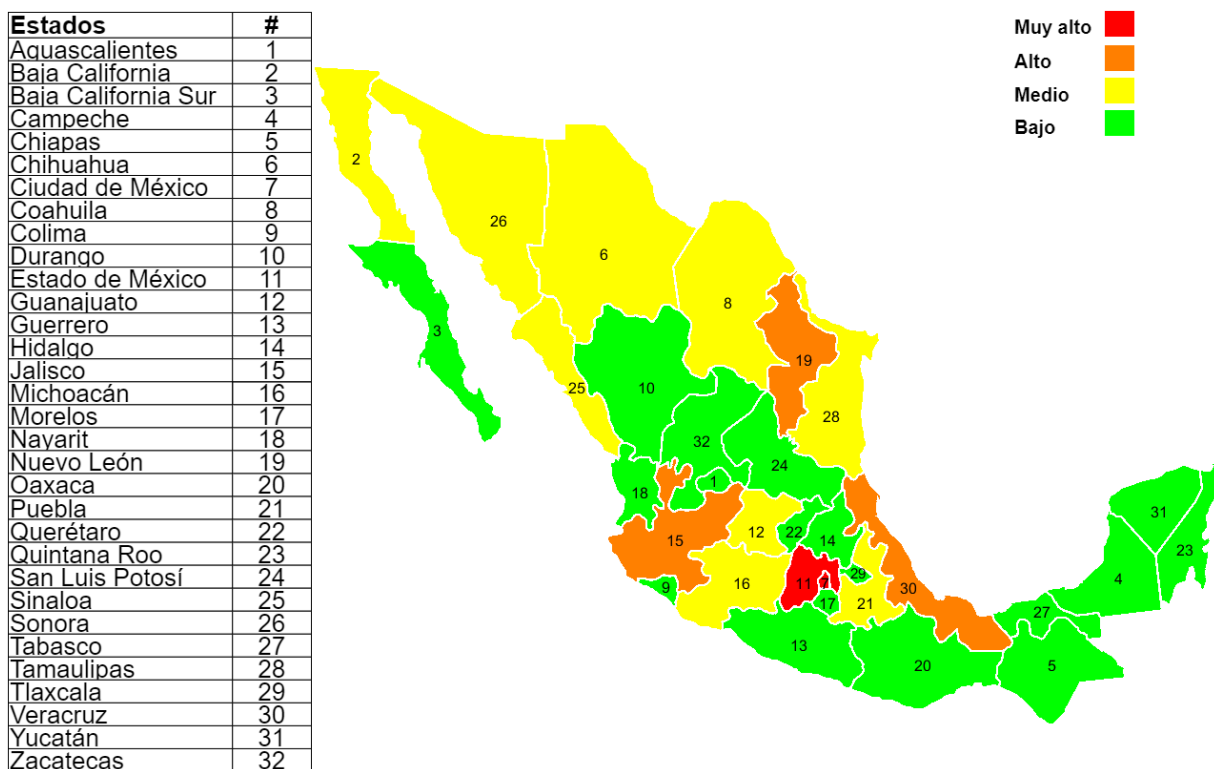


Figura 4.8 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos de hipertensión del 2000 al 2018

4.2.1.3 Caso 3 para datos de Diabetes en los estados de México

En esta sección se pueden observar los resultados obtenidos para la agrupación usando la base de datos de diabetes para los estados de México del año 2000 al 2018. En la Figura 4.9, se pueden observar la agrupación obtenida de acuerdo a los casos de diabetes en los estados de México.

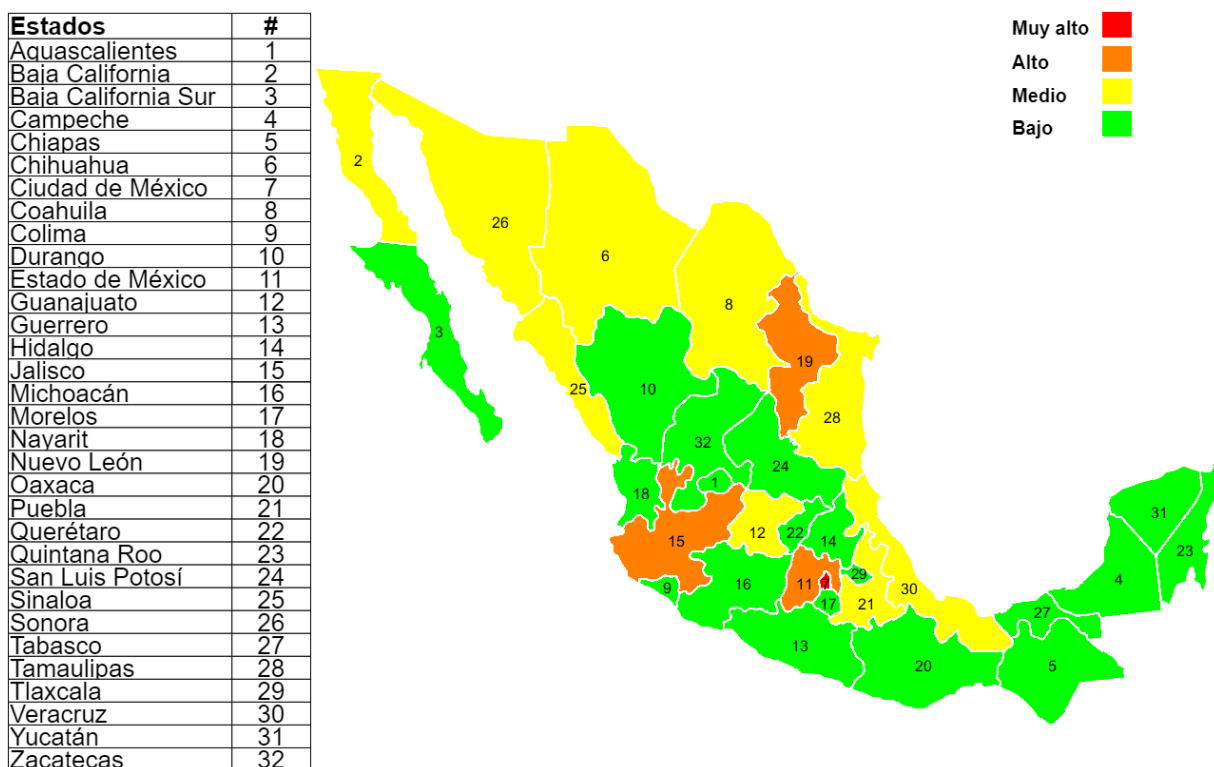


Figura 4.9 Agrupación de los estados de México de acuerdo a los casos de diabetes del 2000 al 2018

4.3 Resultados de la predicción

A continuación, se muestran los resultados del módulo de predicción donde se utilizó un integrador de valor mínimo y un integrador difuso tipo-1 y además un algoritmo genético para optimizar el número de neuronas en las 2 capas ocultas de las redes neuronales modulares utilizadas.

4.3.1 Método de red neuronal autorregresiva no lineal modular

Para la integración de la red modular NAR de cada país se usó un integrador del valor mínimo usando datos de COVID-19 del 22-01-2020 al 01-11-2020. En la siguiente sección se pueden observar los resultados obtenidos en base al % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados y muertes de COVID-19. El RMSE por sus siglas en inglés (Root Mean Square Error) representa a la raíz del error cuadrático medio.

4.3.1.1 Casos confirmados de COVID-19 en los países

En la Tabla 4.6, se puede observar la el % RMSE Relativo obtenido de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 usando un integrados de valor mínimo para la red modular NAR.

Tabla 4.6 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados de COVID-19

País	MSE	RMSE	RMSE Relativo
Bélgica	396511237.8	19912.58993	0.048729979
China	283948.5499	532.8682294	0.005834256
Francia	6830297923	82645.61648	6.03E-02
Alemania	614765917.9	24794.47354	0.047922916
Irán	9851692.611	3138.740609	0.005190053
Italia	512219518.5	22632.2672	0.034896181
México	486129.5785	697.2299323	0.00075904
España	411627290.3	20288.60001	0.01732996
Turquía	535629.8799	731.8673923	1.96E-03
Reino Unido	6664930.316	2581.652633	0.002602706
Estados Unidos	2243571240	47366.35135	5.24E-03
Mundial	28851632755	169857.6838	3.73E-03

En la Figura 4.10, se puede observar la distribución de errores de predicción para los casos confirmados de COVID-19 con respecto a los países.

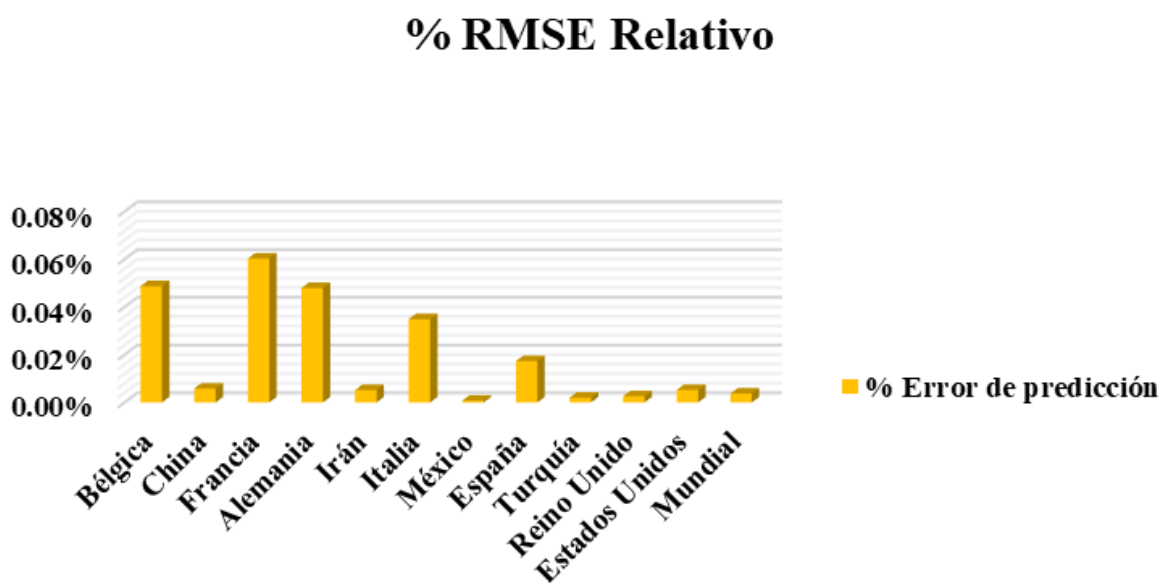


Figura 4.10 Distribución de errores de predicción en casos de confirmados con respecto a los países.

En la Tabla 4.7, se puede observar la comparación de los datos obtenidos de los casos confirmados por COVID-19 en México donde los primeros 5 días de los datos reales fueron utilizados para obtener el % de errores y los otros 5 al momento de los experimentos aún no estaba disponibles, pero se agregan para ver el comportamiento de esos datos predichos.

Tabla 4.7 Comparación de datos de casos confirmados de COVID-19 México

Días predichos	Dato Real	MNAR
1	906863	906653.7292
2	912811	912345.0166
3	918811	918000.1805
4	924962	923737.3167
5	929392	929503.5153
6	933155	935312.8413
7	938405	941155.6451
8	943630	947032.457
9	949197	952940.8349
10	955128	958880.1081

4.3.1.2 Casos recuperados de COVID-19 en los países

En la Tabla 4.8, se puede observar la el % RMSE Relativo obtenido de acuerdo a los casos recuperados de COVID-19 usando un integrados de valor mínimo para la red modular NAR.

Tabla 4.8 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos recuperados de COVID-19

País	MSE	RMSE	RMSE Relativo
Bélgica	4940226.135	2222.661948	0.089116079
China	167839.748	409.6824966	0.004757786
Francia	1609836.693	1268.793401	0.010414988
Alemania	367545018	19171.46364	0.054804547
Irán	4487970.739	2118.483122	0.004438592
Italia	42190143.22	6495.394	0.022870155
México	23634328.84	4861.515076	0.006271969
España	19404.61158	139.3004364	0.000926348
Turquía	314447.4077	560.7561036	0.001739464
Reino Unido	3117.180244	55.83171361	0.01985057
Estados Unidos	79267635	8903.237333	0.002487774
Mundial	1.04154E+11	322729.4545	0.010555758

En la Figura 4.11, se puede observar la distribución de errores de predicción para los casos recuperados por COVID-19 con respecto a los países.

% RMSE Relativo

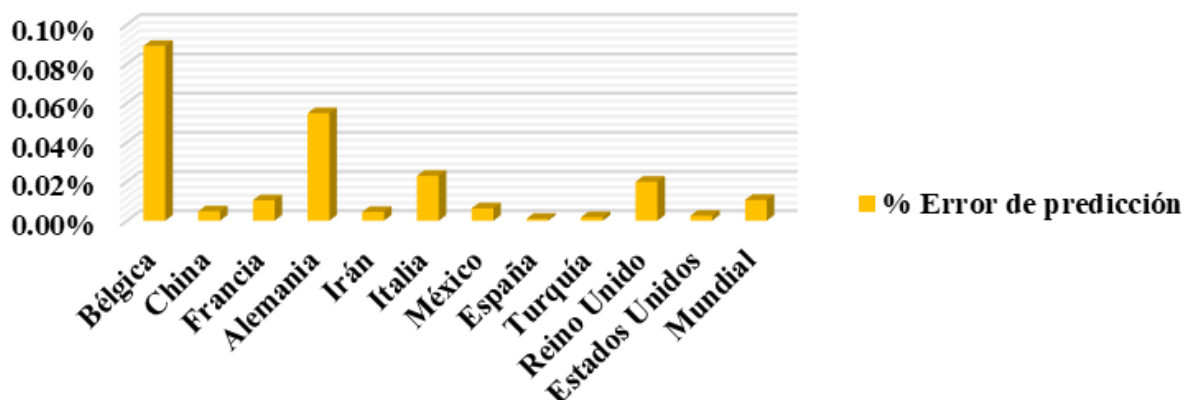


Figura 4.11 Distribución de errores de predicción de casos recuperados con respecto a los países.

4.3.1.3 Casos de muertes por COVID-19 en los países

En la Tabla 4.9, se puede observar el % RMSE Relativo obtenido para los datos de casos de muertes por COVID-19 en los siguientes países.

Tabla 4.9 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos de muertes por COVID-19

País	MSE	RMSE	RMSE Relativo
Bélgica	15375.28103	123.9971009	0.010821502
China	289.77653	17.0228238	0.003592071
Francia	17790.19587	133.3798931	0.003656869
Alemania	47563.06974	218.0895911	0.020978625
Irán	31700.74593	178.0470329	0.005161771
Italia	62775.98057	250.5513532	0.006531851
México	70051.80186	264.6730093	0.002901995
España	268639.7659	518.3047037	0.014498926
Turquía	8.628176015	2.937375702	0.000288652
Reino Unido	41935.71771	204.7821225	0.004421393
Estados Unidos	31264.32086	176.8171962	0.000770398
Mundial	572417.9363	756.5830663	0.000636893

En la Figura 4.12, se puede observar la distribución de errores de predicción para los casos de muertes por COVID-19 con respecto a los países.

% RMSE Relativo

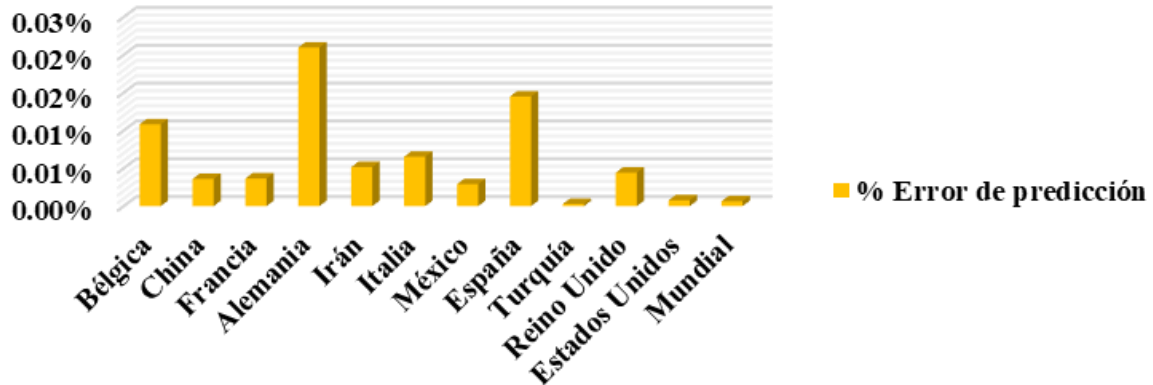


Figura 4.12 Distribución de errores de predicción en casos de muertes con respecto a los países.

En la Tabla 4.10, se puede observar la comparación de los datos obtenidos de los casos de muertes por COVID-19 en México donde los primeros 5 días de los datos reales fueron utilizados para obtener el % de errores y los otros 5 al momento de los experimentos aún no estaba disponibles, pero se agregan para ver el comportamiento de esos datos predichos.

Tabla 4.10 Comparación de datos de casos de muertes por COVID-19 México

Día predicho	Dato Real	MNAR
1	90309	90340.88512
2	90773	90876.75605
3	91289	91400.74067
4	91753	91921.75362
5	91895	92440.44777
6	92100	92958.30201
7	92593	93475.98906
8	93228	93993.9773
9	93772	94512.54425
10	94323	95031.86431

4.3.1.4 Comparación de resultados del método optimizado y no optimizado

En la Tabla 4.11, se puede observar la comparación del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizo el número de neuronas en la capa oculta y el método no

optimizado donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR, la comparación es del promedio obtenido de 30 corridas de cada país para los datos de casos confirmados.

Tabla 4.11 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos confirmados de COVID-19

País	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
Bélgica	164349860.1	470524815.3
China	135.4004683	1307961.727
Francia	2399446455	1.77847E+11
Alemania	245506728.9	864051479.6
Irán	158923.4515	7967632055
Italia	243352028.8	455030462.7
México	235887.8123	55403617762
España	271147689	2.02051E+11
Turquía	7476.608465	526043.8728
Reino Unido	6802259.698	51154303531
Estados Unidos	47971889.4	1.45429E+15
Mundial	10161107738	3.12814E+18

En la Tabla 4.12 se puede observar la comparación del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizo el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR, la comparación es del promedio obtenido de 30 corridas de cada país para los datos de casos de recuperados.

Tabla 4.12 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos recuperados de COVID-19

País	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
Bélgica	3042158.306	4510104.411
China	94.79523539	179064.0241
Francia	661457.6219	1911602.418
Alemania	56199291.97	308130204.2
Irán	15556.23688	3548774729
Italia	828585.7373	36224264.61
México	947399.9661	33724368073
España	0.045235619	181027.6489
Turquía	7249.124436	503334.5367
Reino Unido	961.7138728	4205.002509
Estados Unidos	17845565.36	2.06453E+12
Mundial	1151212399	1.78755E+14

En la Tabla 4.13 se puede observar la comparación de cada país para los datos de casos de muertes.

Tabla 4.13 Comparación del MSE del método optimizado y no optimizado de casos de muertes de COVID-19

País	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
Bélgica	156.5711689	704299.8337
China	0.001742583	516.8875732
Francia	11580.94028	66270.86083
Alemania	8273.589057	52680.98928
Irán	12350.39265	38079.418
Italia	391.7852526	36827.64902
México	15862.48689	201706.7602
España	9409.246975	50464.62987
Turquía	2.211654144	42.71725995
Reino Unido	1338.508649	15072.74258
Estados Unidos	22456.67006	99049.95224
Mundial	1010947.743	1.29159E+11

4.3.2 Método usando un integrador difuso para la red neuronal modular

Para la integración de los módulos de la red neuronal se usaron dos redes neuronales artificiales NAR y una FITNET, también se usó un integrador difuso usando datos de COVID-19 del 12-01-2020 al 08-06-2020. En la siguiente sección se pueden observar los resultados obtenidos en base al % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados y muertes de COVID-19.

4.3.2.1 Casos confirmados de COVID-19 en los estados de México

En la Tabla 4.14, se puede observar la el % RMSE Relativo obtenido de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 usando un integrador difuso para la red modular.

Tabla 4.14 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos confirmados de COVID-19

	Baja California	Cd. de México	Estado de México	Jalisco	Nuevo Leon	Quintana Roo	Sinaloa	México País
MNNF								
MSE	2529.07	1263297.77	41570.11	1055.77	131.86	7513.09	74.22	2415010.11
RMSE	50.29	1123.97	203.89	32.49	11.48	86.68	8.62	1554.03
%RMSE MNNF	0.032	0.22	0.07	0.09	0.03	0.11	0.01	0.08
FITNET								
MSE:	1158.37	1373761.46	235501.92	1122	198.02	8178.04	3994.95	8280063.46
RMSE:	34.03	1172.08	485.29	33.50	14.07	90.43	63.21	2877.51
%RMSE FITNET	0.02	0.23	0.16	0.10	0.04	0.11	0.07	0.15
NAR								
MSE	1463.83	1318844.29	49312.62	706.70	117.46	15407.81	6370.45	5416634.47
RMSE	38.26	1148.41	222.06	26.58	10.84	124.13	79.82	2327.37
%RMSE NAR	0.02	0.22	0.07	0.08	0.03	0.16	0.09	0.12

En la siguiente Tabla 4.15, se puede observar la comparación de los valores predichos conforme a los casos confirmados de COVID-19.

Tabla 4.15 Comparación de los datos reales y los datos obtenido para los casos confirmados de COVID-19

Día predicho	Datos reales	FITNET	NAR	MNNF
1	14230	13988	13988	14035
2	15246	15148	15291	15226
3	16252	16216	16298	16226
4	17301	17279	17301	17241
5	17783	18391	18386	18333
6	18205	18862	18745	18597
7	18850	20045	19678	19391
8	19172	21302	20783.	20221
9	19220	22637	21953	21053
10	19224	24053	23228	21900

4.3.2.2 Casos de muertes por COVID-19 en los estados de México

En la Tabla 4.16, se puede observar la el % RMSE Relativo obtenido de acuerdo a los casos de muertes por COVID-19 usando un integrador difuso para la red modular.

Tabla 4.16 Ejemplo del % RMSE Relativo obtenido para los casos de muertes por COVID-19

	Baja California	Cd. de México	Estado de México	Jalisco	Nuevo Leon	Quintana Roo	Sinaloa	México País
MNNF								
MSE:	1119.39	202.1	2578.22	24.95	2.69	254.18	168.05	28901.55
RMSE:	33.46	14.22	50.78	5	1.64	15.94	12.96	170
% RMSE	0.15	0.04	0.21	0.18	0.11	0.14	0.1	0.09
FITNET								
MSE:	948.19	35.13	2342.79	17.9	9.87	377.98	283.57	31643.9
RMSE:	30.79	5.93	48.40	4.23	3.14	19.44	16.84	177.89
%RMSE	0.14	0.02	0.20	0.15	0.21	0.17	0.12	0.1
NAR								
MSE:	780.64	294.45	3664.5	29.18	1.23	146.11	159.2	26297.28
RMSE:	27.94	17.16	60.54	5.40	1.11	12.09	12.62	162.16
%RMSE	0.13	0.05	0.25	0.19	0.07	0.1	0.1	0.09

En la siguiente Tabla 4.17, se puede observar la comparación de los valores predichos conforme a los casos de muertes por COVID-19.

Tabla 4.17 Comparación de los datos reales y los datos obtenido para los casos de muertes por COVID-19

Día predicho	Datos reales	FITNET	NAR	MNNF
1	1251	1256.14422	1255.71983	1256.63828
2	1347	1339.80171	1339.88456	1340.6627
3	1438	1445.1368	1442.91771	1444.02958
4	1531	1533.02409	1532.79844	1533.68764
5	1625	1628.71662	1627.20689	1628.18016
6	1717	1724.59421	1722.99607	1723.98249
7	1788	1829.92399	1824.7057	1827.52789
8	1837	1941.17027	1930.41912	1935.97883
9	1856	2058.54869	2040.3259	2049.49095
10	1859	2182.306	2154.63482	2168.29111

4.4 Prueba estadística

A continuación, se muestran las pruebas estadísticas para comparar los resultados obtenidos de las redes neuronales modulares usando el integrador de valor mínimo, y también del método con integrador difuso y ver si existe alguna ventaja el uso de la optimización donde se utilizó el algoritmo genético.

4.4.1 Prueba estadística para la red neuronal autorregresiva no lineal modular

Se utilizo el MSE de los resultados obtenidos de las redes neuronales modulares optimizadas y de las no optimizadas para realizar las pruebas estadísticas y comparar cada país y ver si existe evidencia significativa para decir que la optimización obtuvo mejores resultados. Se utiliza la prueba de hipótesis para la diferencia entre dos medias μ_1 y μ_2 , la fórmula utilizada se puede observar en la siguiente ecuación 4.1:

$$Z_c = \frac{(\bar{x}_1 - \bar{x}_2)}{\sqrt{\left(\frac{s^2_1 + s^2_2}{n_1 + n_2}\right)}} \quad (4.1)$$

Donde Z_c nos dará a la Z calculada, \bar{x}_1, \bar{x}_2 son las medias de las muestras, n_1, n_2 son el número de total de muestras de cada método que se utilizan para realizar la prueba estadística, y s^2_1, s^2_2 son las varianzas de las muestras [51].

La prueba de hipótesis es la siguiente, donde μ_1 representa a la media del método optimizado y μ_2 al del método no optimizado de dos muestras de 30 cada una:

$$H_0: \mu_1 \geq \mu_2$$

$$H_a: \mu_1 < \mu_2 \text{ (Afirmación)}$$

95% de nivel de significancia $\alpha = 0.05$, Z crítica (cola izquierda) es $Z_\alpha = -1.6448$

Nuestra regla de decisión: Rechazamos H_0 si $Z_c < Z_\alpha$

4.4.1.1 Prueba estadística para los casos confirmados de COVID-19 en los países

En la Tabla 4.18, se pueden observar los resultados obtenidos de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 de los países de 30 muestras. En la Figura 4.13, se puede observar un ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de Bélgica.

Tabla 4.18 Resultados de la prueba estadística de casos confirmados de COVID-19

	Media	Varianza	Z calculada	Z crítica	Rechazamos H_0
Bélgica					
Optimizado	164349860.1	7.11405E+15	-15.38	-1.6448	Si
No optimizado	470524815.3	4.76779E+15			
China					
Optimizado	135.4004683	53631.55309	-2.63	-1.6448	Si
No optimizado	1307961.727	7.43139E+12			
Francia					
Optimizado	2399446455	2.9016E+18	-2.31	-1.6448	Si
No optimizado	1.77847E+11	1.72569E+23			
Alemania					
Optimizado	245506728.9	2.38296E+16	-7.53	-1.6448	Si
No optimizado	864051479.6	1.78484E+17			
Irán					
Optimizado	158923.4515	3839973398	-1.33	-1.6448	No
No optimizado	7967632055	1.07261E+21			
Italia					
Optimizado	243352028.8	6.63508E+16	-2.87	-1.6448	Si
No optimizado	455030462.7	9.70011E+16			
México					
Optimizado	235887.8123	8226526371	-2.38	-1.6448	Si
No optimizado	55403617762	1.61984E+22			
España					
Optimizado	271147689	2.40423E+16	-2.06	-1.6448	Si
No optimizado	2.02051E+11	2.87261E+23			
Turquía					
Optimizado	7476.608465	9945741.111	-6.27	-1.6448	Si
No optimizado	526043.8728	2.0526E+11			
Reino Unido					
Optimizado	6802259.698	1.94505E+13	-1.80	-1.6448	Si
No optimizado	51154303531	2.43476E+22			
Estados Unidos					
Optimizado	47971889.4	7.72842E+14	-1.004	-1.6448	No
No optimizado	1.45429E+15	6.29693E+31			
Mundial					
Optimizado	12117664734	1.07471E+20	-1.30	-1.6448	No
No optimizado	3.12814E+18	1.73781E+38			

Para el país de Bélgica se rechaza la hipótesis nula ya que hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación.

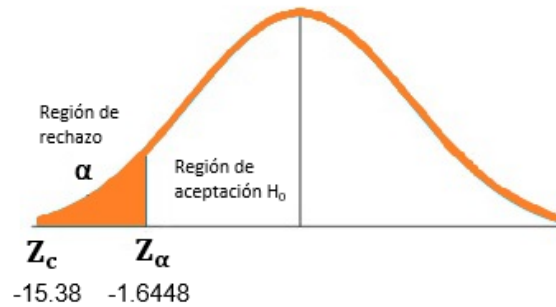


Figura 4.13 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de Bélgica.

En la Figura 4.14, se puede observar que para México se rechaza la hipótesis nula ya que hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación.

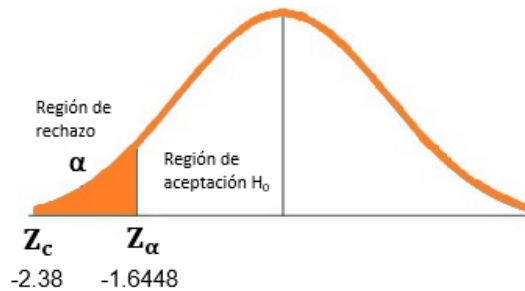


Figura 4.14 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de México.

En la Figura 4.15, se puede observar que para Estados Unidos se acepta la hipótesis nula ya que no hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación.

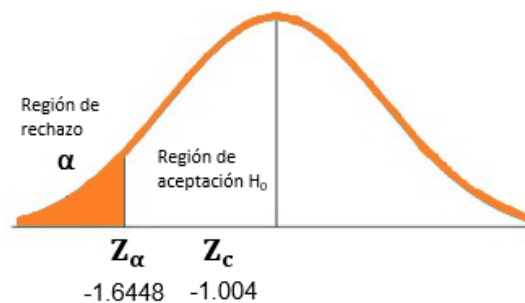


Figura 4.15 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del país de Estados Unidos.

4.4.1.2 Prueba estadística para los casos recuperados de COVID-19 en los países

En la Tabla 4.19, se pueden observar los resultados obtenidos de acuerdo a los casos recuperados de COVID-19 de los países de 30 muestras.

Tabla 4.19 Resultados de la prueba estadística de casos recuperados de COVID-19

	Media	Varianza	Z calculada	Z critica	Rechazamos H_0
Bélgica					
Optimizado	3042158.306	2.67141E+11	-14.40	-1.6448	Si
No optimizado	4510104.411	44457757812			
China					
Optimizado	94.79523539	15643.07777	-2.94	-1.6448	Si
No optimizado	179064.0241	1.11525E+11			
Francia					
Optimizado	661457.6219	1.31448E+11	-4.65	-1.6448	Si
No optimizado	1911602.418	2.73818E+12			
Alemania					
Optimizado	56199291.97	7.04754E+14	-22.91	-1.6448	Si
No optimizado	308130204.2	2.92162E+15			
Irán					
Optimizado	15556.23688	166021017.7	-1.001	-1.6448	No
No optimizado	3548774729	3.76965E+20			
Italia					
Optimizado	828585.7373	2.04649E+11	-25.41	-1.6448	Si
No optimizado	36224264.61	5.8012E+13			
México					
Optimizado	947399.9661	1.97822E+11	-2.11	-1.6448	Si
No optimizado	33724368073	7.66683E+21			
España					
Optimizado	0.045235619	0.008463478	-1.46	-1.6448	No
No optimizado	181027.6489	4.61498E+11			
Turquía					
Optimizado	7249.124436	15176503.82	-8.26	-1.6448	Si
No optimizado	503334.5367	1.08138E+11			
Reino Unido					
Optimizado	961.7138728	163670.6079	-6.53	-1.6448	Si
No optimizado	4205.002509	7228123.491			
Estados Unidos					
Optimizado	17845565.36	1.38059E+13	-3.74	-1.6448	Si
No optimizado	2.06453E+12	9.13424E+24			
Mundial					
Optimizado	1151212399	8.02231E+17	-3.17	-1.6448	Si
No optimizado	1.78755E+14	9.5192E+28			

En las pruebas estadísticas se puede observar que en la mayoría de los países se rechaza la hipótesis nula ya que hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación con excepción de Irán y España.

4.4.1.3 Prueba estadística para los casos de muertes de COVID-19 en los países

En la Tabla 4.20, se pueden observar los resultados obtenidos de acuerdo a los casos de muertes de COVID-19 de los países de 30 muestras.

Tabla 4.20 Resultados de la prueba estadística de casos de muertes de COVID-19

	Media	Varianza	Z calculada	Z critica	Rechazamos H_0
Bélgica					
Optimizado	156.5711689	5135.10508	-1.04	-1.6448	No
No optimizado	704299.8337	1.37525E+13			
China					
Optimizado	0.001742583	8.91305E-06	-2.05	-1.6448	Si
No optimizado	516.8875732	1904685.034			
Francia					
Optimizado	11580.94028	75875823.97	-6.66	-1.6448	Si
No optimizado	66270.86083	1947898865			
Alemania					
Optimizado	8273.589057	12320325.14	-20.82	-1.6448	Si
No optimizado	52680.98928	124179618.4			
Irán					
Optimizado	12350.39265	51043981.32	-12.59	-1.6448	Si
No optimizado	38079.418	74195999.73			
Italia					
Optimizado	391.7852526	3573.890553	-10.88	-1.6448	Si
No optimizado	36827.64902	336694383.4			
México					
Optimizado	15862.48689	23935094.67	-3.41	-1.6448	Si
No optimizado	201706.7602	89024819771			
España					
Optimizado	9409.246975	5866595.581	-2.26	-1.6448	Si
No optimizado	50464.62987	9887496015			
Turquía					
Optimizado	2.211654144	0.866090947	-3.65	-1.6448	Si
No optimizado	42.71725995	3684.451787			
Reino Unido					
Optimizado	1338.508649	296872.4618	-4.12	-1.6448	Si
No optimizado	15072.74258	333499531.3			
Estados Unidos					
Optimizado	22456.67006	41751118.62	-2.61	-1.6448	Si
No optimizado	99049.95224	25709872081			
Mundial					
Optimizado	1010947.743	1.57736E+11	-2.67	-1.6448	Si
No optimizado	1.29159E+11	7.04563E+22			

En las pruebas estadísticas se puede observar que en la mayoría de los países se rechaza la hipótesis nula ya que hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación con excepción de Bélgica.

4.4.2 Prueba estadística para la red neuronal modular con integrador difuso

Se utilizó el MSE de los resultados obtenidos de la red neuronal modular con integrador difuso optimizada con un algoritmo genético y de la red neuronal modular con integrador difuso no optimizada para realizar las pruebas estadísticas y comparar cada estado y ver si existe evidencia significativa para decir que la optimización obtuvo mejores resultados.

La prueba de hipótesis es la siguiente, donde μ_1 representa a la media del método optimizado y μ_2 al del método no optimizado de dos muestras de 30 cada una:

$$H_0: \mu_1 \geq \mu_2$$

$$H_a: \mu_1 < \mu_2 \text{ (Afirmación)}$$

95% de nivel de significancia $\alpha = 0.05$, Z crítica (cola izquierda) es $Z_\alpha = -1.6448$

Nuestra regla de decisión: Rechazamos H_0 si $Z_c < Z_\alpha$

4.4.2.1 Prueba estadística para los casos confirmados de COVID-19 en los estados

En la Figura 4.16, se puede observar que para el estado de Baja California México se rechaza la hipótesis nula ya que hay evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación.

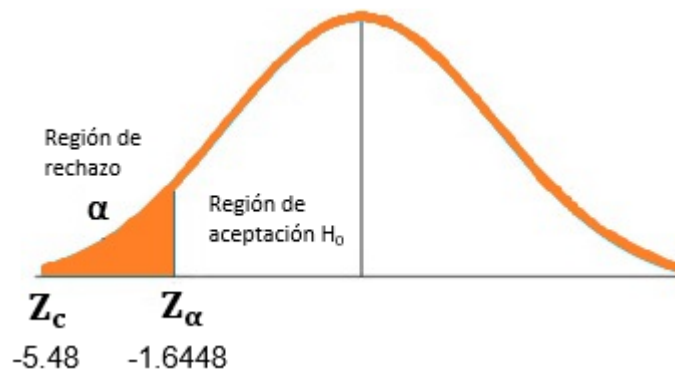


Figura 4.16 Ejemplo de la región de rechazo y aceptación de la hipótesis nula del estado de Baja California.

En la Tabla 4.21, se pueden observar los resultados de las pruebas estadísticas realizadas que fueron obtenidas de acuerdo a los casos confirmados de COVID-19 del país de México y de 12 de sus estados de 30 muestras.

Tabla 4.21 Resultados de la prueba estadística de casos confirmados de COVID-19

	Media	Varianza	Z calculada	Z critica	Rechazamos H ₀
Baja California					
Optimizado	43.02772744	322.4205481	-5.48	-1.6448	Si
No optimizado	3773.995822	13928650.3			
Ciudad de México					
Optimizado	3614.651569	8479285.721	-10.57	-1.6448	Si
No optimizado	909617.644	2.20255E+11			
Coahuila					
Optimizado	48.9885701	208.3661949	-5.72	-1.6448	Si
No optimizado	93.33834674	1595.555477			
Estado de México					
Optimizado	279.2893514	42033.00813	-5.27	-1.6448	Si
No optimizado	189325.3032	38548917916			
Jalisco					
Optimizado	4.995195808	9.463893377	-18.43	-1.6448	Si
No optimizado	1147.277768	115203.6652			
Nuevo León					
Optimizado	35.0774699	243.3350507	-5.39	-1.6448	Si
No optimizado	137.0214908	10474.50218			
Puebla					
Optimizado	18.03714627	130.9761621	-15.73	-1.6448	Si
No optimizado	4980.548935	2985704.292			
Quintana Roo					
Optimizado	69.85875882	1647.729366	-9.32	-1.6448	Si
No optimizado	3809.368856	4831331.816			
Sinaloa					
Optimizado	21.32803583	1219.760599	-4.67	-1.6448	Si
No optimizado	3437.656192	16059310.59			
Tabasco					
Optimizado	98.4855129	6266.006289	-4.37	-1.6448	Si
No optimizado	5761.292854	50468898.83			
Veracruz					
Optimizado	56.92812512	627.1920642	-22.25	-1.6448	Si
No optimizado	12610.55588	9553142.694			
Yucatán					
Optimizado	32.36700573	198.0499374	-16.74	-1.6448	Si
No optimizado	3332.255009	1166226.952			
Nacional					
Optimizado	27687.83161	4462294.338	-7.15	-1.6448	Si
No optimizado	762988233	1.15473E+13			

4.4.2.2 Prueba estadística para los casos de muertes por COVID-19 en los estados

En la Tabla 4.22, se pueden observar los resultados obtenidos de acuerdo a los casos de muertes por COVID-19 de México y 12 de sus estados de 30 muestras.

Tabla 4.22 Resultados de la prueba estadística de casos de muertes por COVID-19

	Media	Varianza	Z calculada	Z critica	Rechazamos H ₀
Baja California					
Optimizado	6.649081399	9.852325435	-9.92	-1.6448	Si
No optimizado	713.5673419	152254.7306			
Ciudad de México					
Optimizado	15.43567346	46.04410392	-10.19	-1.6448	Si
No optimizado	604.298032	100121.9458			
Coahuila					
Optimizado	0.201341163	0.009301677	-13.12	-1.6448	Si
No optimizado	22.90209016	89.8492513			
Estado de México					
Optimizado	5.581565851	15.76793709	-12.42	-1.6448	Si
No optimizado	1539.19889	457303.1251			
Jalisco					
Optimizado	0.305349235	0.041307243	-6.40	-1.6448	Si
No optimizado	21.50895487	329.0733578			
Nuevo León					
Optimizado	0.303663233	2.533352786	-7.91	-1.6448	Si
No optimizado	0.025391731	2.357727264			
Puebla					
Optimizado	1.6898103	0.871942384	-5.53	-1.6448	Si
No optimizado	20.43442414	343.6821278			
Quintana Roo					
Optimizado	1.428222931	1.034590323	-11.22	-1.6448	Si
No optimizado	237.2758882	13261.77389			
Sinaloa					
Optimizado	2.188917081	1.636240655	-9.79	-1.6448	Si
No optimizado	105.3103299	3326.188119			
Tabasco					
Optimizado	5.114097349	10.45222152	-5.68	-1.6448	Si
No optimizado	141.1927038	17219.01479			
Veracruz					
Optimizado	3.627527806	12.24632066	-13.60	-1.6448	Si
No optimizado	328.5360093	17121.09857			
Yucatán					
Optimizado	0.146039333	0.014093767	-16.88	-1.6448	Si
No optimizado	78.5676047	647.7791215			
Nacional					
Optimizado	165.8927654	13212.34351	-8.81	-1.6448	Si
No optimizado	21878.11422	182031785.7			

4.5 Análisis de los resultados obtenidos

A continuación, se muestra un análisis de los resultados obtenidos de los diferentes métodos de los módulos de clasificación, agrupación y predicción.

4.5.1 Análisis de los resultados obtenidos del método de clasificación

En la Tabla 4.23 de los resultados obtenidos del método usando 6 y 13 reglas difusas del módulo de clasificación de diabetes se puede observar que el número de reglas influye mucho en el resultado, al utilizar 6 reglas difusas se obtuvo una exactitud de clasificación de 78.22 y usando 13 reglas difusas se obtuvo 79.21 de exactitud. Es necesario realizar pruebas con más reglas difusas o con todas las combinaciones posibles de reglas difusas para poder tener un mejor porcentaje de exactitud.

Tabla 4.23 Comparación de los resultados de las 6 y 13 reglas difusas

Métodos	Comparación	
	Reglas difusas	Exactitud
Sistema Difuso AG	6	78.22
Sistema Difuso AG	13	79.21

4.5.2 Análisis de los resultados obtenidos del método de agrupación

En los resultados obtenidos al utilizar los mapas autoorganizados de Kohonen para el módulo de agrupación, se puede observar que el número de clases que se utilizaron fue muy bueno para agrupar los casos de COVID-19 en los países, esto también nos da una mejor visión de cómo están enfrentando o están siendo afectados por la pandemia los diferentes países, también se puede aprender mucho y saber qué países están enfrentando la pandemia de manera satisfactoria para poder adoptar algunas de sus estrategias. Por otra parte, en la agrupación de los 32 estados de México se puede observar que hay cierta relación de los estados con alto índice de contagios de casos de COVID-19 y personas con hipertensión y diabetes. Se puede observar que la ciudad de México es uno de los estados más afectados por dichas enfermedades y también los estados de la zona norte del país.

4.5.3 Análisis de los resultados obtenidos del método de predicción

En los resultados obtenidos del método usando un integrador de valor mínimo y el método donde se utilizó un integrador difuso para el módulo de predicción de casos de COVID-19 se puede observar que la predicción utilizando el integrador de valor mínimo fue muy buena y mejoro al realizar la optimización usando un algoritmo genético, en la Tabla 4.24, se puede ver un ejemplo de la comparación del MSE del método optimizado y del no optimizado de

algunos países y del mundo de casos confirmados de COVID-19 donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR. Y en el método donde se utilizó un integrador difuso para combinar de mejor manera la predicción de cada red neuronal el porcentaje de error para la predicción fue muy bajo, esto demuestra que existen diferentes métodos que nos pueden dar muy buenos resultados dependiendo el problema a resolver.

Tabla 4.24 MSE del método optimizado y no optimizado de casos confirmados de COVID-19.

País	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
China	135.4004683	1307961.727
Francia	2399446455	1.77847E+11
Irán	158923.4515	7967632055
México	235887.8123	55403617762
España	271147689	2.02051E+11
Reino Unido	6802259.698	51154303531
Estados Unidos	47971889.4	1.45429E+15
Mundial	10161107738	3.12814E+18

4.5.4 Análisis de los resultados obtenidos las pruebas estadísticas

Los resultados obtenidos de las pruebas estadísticas para el método donde se usó un integrador de valor mínimo y su optimización se muestran a continuación.

En las pruebas estadísticas se puede observar que los resultados fueron muy buenos pero algunos países no pasaron la prueba estadística. En la Tabla 4.25, se pueden observar los resultados obtenidos de los países que no pasaron la prueba estadística de casos de COVID-19 en la optimización de 30 muestras. Y en las pruebas estadísticas para el método de las redes neuronales modulares con un integrador difuso donde se utilizó un algoritmo genético para la optimización todos los estados pasaron la prueba estadística lo cual significa que se rechaza la hipótesis nula ya que existe evidencia estadística significativa con un 95% de nivel de confianza para apoyar la afirmación de que el error MSE del método optimizado es mucho más bajo y por lo tanto el método optimizado es mejor que el método no optimizado.

Tabla 4.25 Países que no pasaron la prueba estadística de casos de COVID-19 en la optimización

	Media	Varianza	Z calculada	Z crítica	Rechazamos H_0	Caso
Irán						
Optimizado	158923.4515	3839973398	-1.33	-1.6448	No	Confirmados
No optimizado	7967632055	1.07261E+21				
Estados Unidos						
Optimizado	47971889.4	7.72842E+14	-1.004	-1.6448	No	Confirmados
No optimizado	1.45429E+15	6.29693E+31				
Mundial						
Optimizado	12117664734	1.07471E+20	-1.30	-1.6448	No	Confirmados
No optimizado	3.12814E+18	1.73781E+38				
Irán						
Optimizado	15556.23688	166021017.7	-1.001	-1.6448	No	Recuperados
No optimizado	3548774729	3.76965E+20				
España						
Optimizado	0.045235619	0.008463478	-1.46	-1.6448	No	Recuperados
No optimizado	181027.6489	4.61498E+11				
Bélgica						
Optimizado	156.5711689	5135.10508	-1.30	-1.6448	No	Muertes
No optimizado	704299.8337	1.37525E+13				

5 Descripción del Sistema computacional desarrollado

En esta sección se muestra el sistema de usuario donde se realiza el entrenamiento y pruebas de la clasificación, agrupación y predicción.

5.1 Menú principal del sistema

En el menú principal del sistema se tienen las opciones para subir algún documento en formato .CSV donde se pueden eliminar columnas y filas para poder realizar la clasificación, agrupación y predicción dependiendo a las necesidades del usuario. En la Figura 5.1, se puede ver un ejemplo del menú principal del sistema de usuario.

The screenshot displays the main menu of the system. On the left, there are input fields for 'Número de Columna' (set to 0) and 'Número de Fila' (set to 0), with a 'Borrar' button below them. The main area contains a table with the following data:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1	Detección de padecimientos. Diabetes. Delegaciones	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006		
2	Total	5185103	5230196	5361306	6194077	6790874	1851072	2721421	548	
3	Aguascalientes	67543	76375	77405	74338	74935	21357	29483	7	
4	Baja California	122240	123325	113658	178379	158505	42437	73488	20	
5	Baja California Sur	29843	34749	34263	38348	89279	13408	21050	4	
6	Campeche	41807	41366	46574	53694	63447	13777	24160	2	
7	Chiapas	82796	75049	76566	75491	58580	14784	35600	11	
8	Chihuahua	199771	208851	251252	244106	338580	93994	119561	21	
9	Ciudad de México	720886	734924	770311	817083	775887	263506	321573	60	
10	Coahuila	179643	224937	219128	266316	363994	92649	119856	23	
11	Colima	42920	46691	39286	38906	44102	13492	21803	3	
12	Durango	98464	105907	105794	134825	118771	30547	41499	10	
13	Estado de México	592700	635334	720450	721251	659438	189306	290096	65	
14	Guanajuato	228811	253986	218135	240753	238961	65203	132370	24	
15	Guerrero	79404	85526	113091	102630	118622	48952	68286	12	
16	Hidalgo	57664	60291	54763	143999	75648	22981	38248	7	
17	Jalisco	363714	353475	320156	386968	488321	128065	211503	49	
18	Michoacán	131023	130482	124015	173994	170582	54767	81738	18	
19	Morelos	90151	76926	80464	91569	106465	28522	43161	8	
20	Nayarit	44770	59761	37094	39870	29875	14270	32907	6	
21	Nuevo León	414512	398720	405432	522584	539394	134003	196877	29	
22	Oaxaca	70951	77993	73374	59226	76650	17188	27208	5	

Below the table, there is a 'Cargar Datos' button on the left and three buttons on the right: 'Clasificación', 'Agrupación', and 'Predicción'.

Figura 5.1 Menú principal del sistema de usuario

5.1.1 Sección de resultados para la clasificación

En la Figura 5.2, se puede observar un ejemplo de los resultados obtenidos después de realizar la clasificación usando el sistema de usuarios.

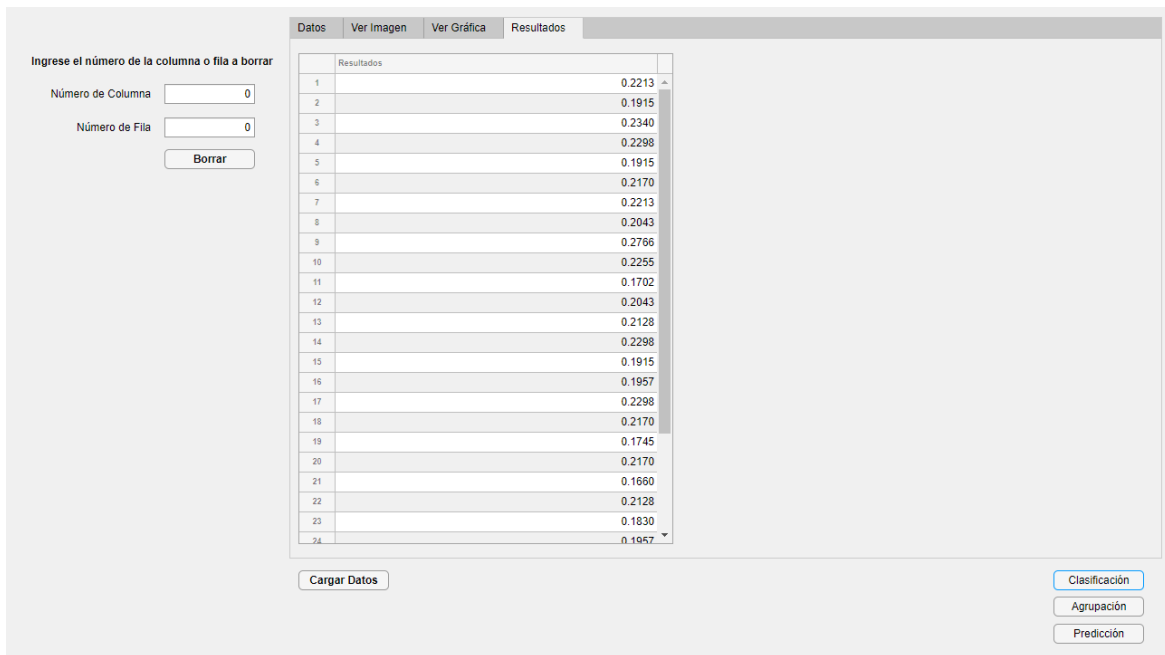


Figura 5.2 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para clasificación

5.1.2 Sección de resultados para la agrupación

En la Figura 5.3, se puede observar un ejemplo de los resultados obtenidos después de realizar la agrupación usando el sistema de usuarios.

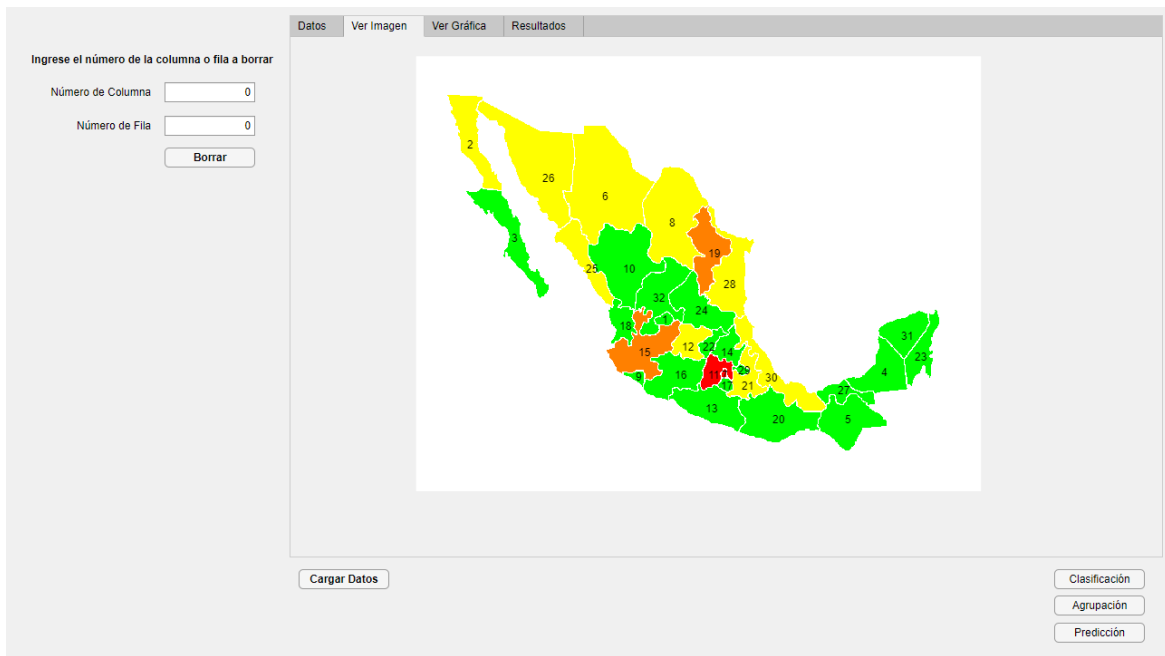


Figura 5.3 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para agrupación

5.1.3 Sección de resultados para la predicción

En la Figura 5.4, se puede observar un ejemplo de los resultados obtenidos después de realizar la predicción usando el sistema de usuarios.

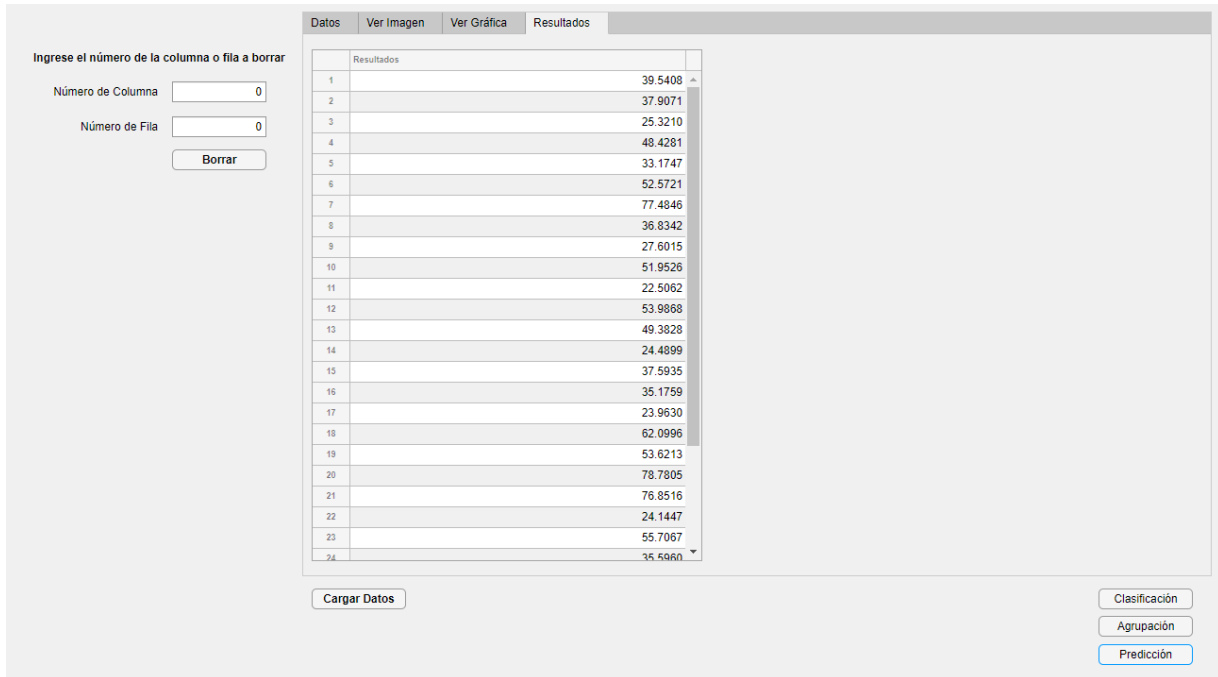


Figura 5.4 Ejemplo de los resultados usando el sistema de usuarios para predicción

6 Conclusiones

Como se apreció en el presente documento, el uso del algoritmo genético propuesto utilizado para la optimización de los valores de los parámetros de las entradas y salida del método donde como integración se usó un sistema de inferencia difuso tipo-1 donde las entradas recibieron los errores de predicción de las redes neuronales artificiales para darnos una predicción final, estos resultados obtenidos nos demuestran que el porcentaje de exactitud se puede mejorar al utilizar métodos de optimización, lo cual nos facilita la obtención de valores de los parámetros cuando no se tiene el conocimiento necesario al igual que un experto o simplemente para ayudar al mejoramiento de los sistemas híbridos inteligentes. Uno de los aspectos a considerar al utilizar un algoritmo genético es el tiempo que consume, hoy en día los sistemas híbridos necesitan obtener resultados de una manera más rápida y eso es una debilidad al usar un algoritmo genético en ciertos casos.

En este trabajo también se presentó un análisis de la evolución espacial de la pandemia de coronavirus en todo el mundo mediante el uso de un tipo particular de red neuronal no supervisada. Basado en las capacidades de agrupamiento de los mapas autoorganizados de Kohonen, pudimos agrupar espacialmente países que son similares según sus casos de coronavirus, de esta manera pudimos analizar qué países se están comportando de manera similar. Al usar los mapas autoorganizados de Kohonen vemos que las agrupaciones de los países con valores similares de acuerdo a los casos de coronavirus son muy buenas, esto nos beneficia debido a que se puede aprender de los países que estén enfrentando esta pandemia de manera satisfactoria, los países pueden beneficiarse al usar estrategias similares para lidiar con la propagación del virus. Y también los estados de México pueden utilizar mejores estrategias para enfrentar enfermedades como la hipertensión y diabetes en los estados más afectados.

Para la predicción hemos realizado un nuevo enfoque para predecir la serie temporal de COVID-19 para los países del mundo utilizando una red neuronal de conjunto modular híbrida, que combina redes neuronales autorregresivas no lineales NAR con un integrador de valor mínimo y se ha podido observar que la precisión de la predicción en base a datos reales puede ser de ayuda para decidir mejores estrategias para hacer frente a esta pandemia del COVID-19 en todos los países. En la predicción usando lógica difusa hemos podido obtener mejores

resultados que las redes neuronales monolíticas, se puede observar que los errores de predicción fueron más bajos y esto nos muestra las ventajas del método propuesto.

Se realizaron pruebas estadísticas para determinar si la diferencia entre las redes neuronales modulares no optimizadas y las optimizadas era significativa, se realizaron pruebas para cada país y algunos países no pasaron la prueba estadística para demostrar que el método optimizado es mejor que el método no optimizado y en las pruebas estadísticas para los estados utilizados de México en este trabajo del método de las redes neuronales modulares con un integrador difuso donde se utilizó un algoritmo genético para la optimización todos los estados pasaron la prueba estadística con un 95% de nivel de confianza para afirmar que el método optimizado es mejor que el método no optimizado.

Como trabajo futuro para el módulo de clasificación se utilizará el método de optimización empleado en el clasificador difuso para obtener todas las combinaciones posibles para las reglas difusas. Para el módulo de agrupación se prevé la integración de aspectos espaciales y temporales del problema de propagación del COVID-19 de una manera unificada para lograr una visión completa y una solución al problema, también se puede considerar la aplicación de algunas otras técnicas inteligentes como lo es la lógica difusa, algoritmos evolutivos, etc., que podrían ayudar a abordar de una mejor manera este tema tan complejo. Y para el módulo de predicción se emplearán diferentes métodos de optimización, lógica difusa tipo-2 para mejorar el porcentaje de error en las predicciones.

Referencias

- [1] M. A. Shereen, S. Khan, A. Kazmi, N. Bashir y R. Siddique, «COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses,» *Journal of Advanced Research*, vol. 24, pp. 91-98, 2020.
- [2] I. D. Apostolopoulos y T. A. Mpesiana , «Covid-19: automatic detection from X-ray images utilizing transfer learning with convolutional neural networks,» *Physical and Engineering Sciences in Medicine*, vol. 43, n° 2, pp. 635-640, 2020.
- [3] K. Roosa, y. Lee, R. Luo, A. Kirpich, R. Rothenberg, J. M. Hyman, P. Yan y G. Chowell, «Real-time forecasts of the COVID-19 epidemic in China from February 5th to February 24th, 2020,» *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 256-263, 2020.
- [4] B. R. Beck, B. Shin, Y. Choi, S. Park y K. Kang, «Predicting commercially available antiviral drugs that may act on the novel coronavirus (SARS-CoV-2) through a drug-target interaction deep learning model,» *Computational and Structural Biotechnology Journal*, vol. 18, pp. 784-790, 2020.
- [5] R. Huang, M. Liu y Y. Ding, «Spatial-temporal distribution of COVID-19 in China and its prediction: A data-driven modeling analysis,» *The Journal of Infection in Developing Countries*, vol. 14, n° 03, pp. 246-253, 2020.
- [6] L. Li, Z. Yang, Z. Dang, C. Meng, J. Huang, H. Meng, D. Wang, G. Chen, J. Zhang, H. Peng y Y. Shao, «Propagation analysis and prediction of the COVID-19,» *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 282-292, 2020.
- [7] Z. He, «What further should be done to control COVID-19 outbreaks in addition to cases isolation and contact tracing measures?,» *BMC Medicine*, vol. 18, n° 80, 2020.
- [8] W. C. Roda, M. B. Varughese, D. Han y M. Y. Li, «Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic?,» *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 271-281, 2020.

- [9] M. Rahman, D. Islam, R. J. Mukti y I. Saha, «A deep learning approach based on convolutional LSTM for detecting diabetes,» *Computational Biology and Chemistry*, vol. 88, p. 107329, 2020.
- [10] F. Beloufa y M. A. Chikh, «Design of fuzzy classifier for diabetes disease using Modified Artificial Bee Colony algorithm,» *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 112, n° 1, pp. 92-103, 2013.
- [11] R. B. Lukmanto, Suharijito, A. Nugroho y H. Akbar, «Early Detection of Diabetes Mellitus using Feature Selection and Fuzzy Support Vector Machine,» *Procedia Computer Science*, vol. 157, pp. 46-54, 2019.
- [12] P. Melin, I. Miramontes y G. Prado-Arechiga, «A hybrid model based on modular neural networks and fuzzy systems for classification of blood pressure and hypertension risk diagnosis,» *Expert Systems with Applications*, vol. 107, pp. 146-164, 2018.
- [13] J. C. Guzmán, I. Miramontes, P. Melin y G. Prado-Arechiga, «Optimal Genetic Design of Type-1 and Interval Type-2 Fuzzy Systems for Blood Pressure Level Classification,» *Axioms*, vol. 8, n° 1, p. 8, 2019.
- [14] J.-m. Kwon, K.-H. Kim, J. Medina-Inojosa, K.-H. Jeon, J. Park y B.-H. Oh, «Artificial intelligence for early prediction of pulmonary hypertension using electrocardiography,» *The Journal of Heart and Lung Transplantation*, vol. 39, n° 8, pp. 805-814, 2020.
- [15] M. Kumar, U. Gupta, J. Bhattacharjee, R. Singh, S. Singh, M. Goel, K. Sharma y M. U. Rehman, «Early prediction of hypertension during pregnancy in a low-resource setting,» *International Journal of Gynecology & Obstetrics*, vol. 132, n° 2, pp. 159-164, 2016.
- [16] P. Melin, J. C. Monica, D. Sanchez y O. Castillo, «Analysis of Spatial Spread Relationships of Coronavirus (COVID-19) Pandemic in the World using Self Organizing Maps,» *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 138, p. 109917, 2020.
- [17] P. Melin, J. C. Monica, D. Sanchez y O. Castillo, «Multiple Ensemble Neural Network Models with Fuzzy Response Aggregation for Predicting COVID-19 Time Series: The Case of Mexico,» *Healthcare*, vol. 8, n° 2, p. 181, 2020.

- [18] P. Melin, J. C. Monica, D. Sanchez y O. Castillo, «A new prediction approach of the COVID-19 virus pandemic behavior with a hybrid ensemble modular nonlinear autoregressive neural network,» *Soft Computing*, pp. 1-10, 2020.
- [19] R. Rojas, *Neural Networks: A Systematic Introduction*, Berlin: Springer, 1996.
- [20] Z. Waszczyszyn, *Fundamentals of Artificial Neural Networks*, Vienna: Springer, 1999.
- [21] M. K. Kim, Y.-S. Kim y J. Srebric, «Predictions of electricity consumption in a campus building using occupant rates and weather elements with sensitivity analysis: Artificial neural network vs. linear regression,» *Sustainable Cities and Society*, vol. 62, p. 102385, 2020.
- [22] D. J. Matich, «Redes neuronales: conceptos básicos y aplicaciones,» En: *Informática aplicada a la ingeniería de procesos I*. Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Rosario, 2001.
- [23] R. Sathya y A. Abraham, «Comparison of supervised and unsupervised learning algorithms for pattern classification,» *International Journal of Advanced Research in Artificial Intelligence*, vol. 2, n° 2, pp. 34-38, 2013.
- [24] F. M. Khan y R. Gupta, «ARIMA and NAR based prediction model for time series analysis of COVID-19 cases in India,» *Journal of Safety Science and Resilience*, vol. 1, n° 1, pp. 12-18, 2020.
- [25] G. Benrhmach, K. Namir, A. Namir y J. Bouyaghroumni, «Nonlinear Autoregressive Neural Network and Extended Kalman Filters for Prediction of Financial Time Series,» *Journal of Applied Mathematics*, vol. 2020, 2020.
- [26] Y. Pan, L. Chen, J. Wang, H. Ma, S. Cai, S. Pu, J. Duan, L. Gao y E. Li, «Research on deformation prediction of tunnel surrounding rock using the model combining firefly algorithm and nonlinear auto-regressive dynamic neural network,» *Engineering with Computers*, pp. 1-11, 2019.
- [27] M. Acı y M. Avcı, «Artificial neural network approach for atomic coordinate prediction of carbon nanotubes,» *Applied Physics A*, vol. 122, n° 7, p. 631, 2016.

- [28] G. Turabee, M. R. Khowja, P. Giangrande, V. Madonna, G. Cosma, G. Vakil, C. Gerada y M. Galea, «The Role of Neural Networks in Predicting the Thermal Life of Electrical Machines,» *IEEE Access*, vol. 8, pp. 40283-40297, 2020.
- [29] L. F. Simões Hoffmann, F. C. Parquet Bizarria y J. W. Parquet Bizarria, «Detection of liner surface defects in solid rocket motors using multilayer perceptron neural networks,» *Polymer Testing*, vol. 88, p. 106559, 2020.
- [30] M. M. Mostafa, «Clustering the ecological footprint of nations using Kohonen's self-organizing maps,» *Expert Systems with Applications*, vol. 37, n° 4, pp. 2747-2755, 2010.
- [31] V. Kotu y B. Deshpande, *Data Science: Concepts and Practice*, Cambridge: Morgan Kaufmann, 2018.
- [32] J. Malone, K. McGarry, S. Wermter y C. Bowerman, «Data mining using rule extraction from Kohonen self-organising maps,» *Neural Computing & Applications*, vol. 15, n° 1, pp. 9-17, 2006.
- [33] L. A. Zadeh, «Is there a need for fuzzy logic?,» *Information sciences*, vol. 178, n° 13, pp. 2751-2779, 2008.
- [34] M. Al-Shammaa y M. F. Abbod, «Automatic generation of fuzzy classification rules using granulation-based adaptive clustering,» de 2015 Annual IEEE Systems Conference (SysCon) Proceedings, Vancouver., 2015.
- [35] A. Urrutia y M. Varas, «Bases de datos difusas modeladas con UML,» de VIII Congreso Argentino de Ciencias de la Computación, Buenos Aires, 2002.
- [36] A. Y. Akal y A. E. A. El-Maaty, «Fuzzy Assessment of Factors Influencing Quality Level of Highway Projects,» *International Journal of Management and Fuzzy Systems*, vol. 2, n° 2, pp. 6-14, 2016.
- [37] W.-K. Ling, «Nonlinear Digital Filters,» de *Analysis and Applications*, Oxford, Academic Press, 2007, pp. 8-31.
- [38] B. C. Arabacioglu, «Using fuzzy inference system for architectural space analysis,» *Applied Soft Computing*, vol. 10, n° 3, pp. 926-937, 2010.

- [39] W. E. Sari, O. Wahyunggoro y S. Fauziati, «A comparative study on fuzzy Mamdani-Sugeno-Tsukamoto for the childhood tuberculosis diagnosis,» AIP Conference Proceedings, vol. 1755, n° 1, p. 070003, 2016.
- [40] D. Sánchez, P. Melin y O. Castillo, «Optimization of modular granular neural networks using a firefly algorithm for human recognition,» Engineering Applications of Artificial Intelligence, vol. 64, pp. 172-186, 2017.
- [41] P. Melin, D. Sánchez y O. Castillo, «Genetic optimization of modular neural networks with fuzzy response integration for human recognition,» Information Sciences, vol. 197, pp. 1-19, 2012.
- [42] X.-S. Yang, «Chapter 5 - Genetic Algorithms,» de Nature-Inspired Optimization Algorithms, Oxford, Elsevier, 2014, pp. 77-87.
- [43] H. Chiroma, A. S. Mohd Noor, S. Abdulkareem, A. I. Abubakar, A. Hermawan, H. Qin, M. F. Hamza y T. Herawan, «Neural Networks Optimization through Genetic Algorithm Searches: A Review,» Applied Mathematics & Information Sciences, vol. 11, n° 6, pp. 1543-1564, 2017.
- [44] P. Poongothai, C. Dharuman y P. Venkatesan, «A Comparison of Fuzzy Genetic and Neuro Genetic Hybrid Algorithm for the Classification of Diabetes Disease,» International Journal of Pure and Applied Mathematics, vol. 113, n° 11, pp. 208-216, 2017.
- [45] M. Marghany, «Chapter 10 - Principles of genetic algorithm,» de Synthetic Aperture Radar Imaging Mechanism for Oil Spills, Gulf Professional Publishing, 2020, pp. 169-185.
- [46] «The Humanitarian Data Exchange (HDX),» [En línea]. Available: <https://data.humdata.org/dataset/novel-coronavirus-2019-ncov-cases>. [Último acceso: 1 Noviembre 2020].
- [47] «Gobierno de Mexico,» [En línea]. Available: <https://coronavirus.gob.mx/datos/#DownZCSV> . [Último acceso: 9 Junio 2020].

- [48] «Datos Abiertos IMMS,» [En línea]. Available: <http://datos.imss.gob.mx/>. [Último acceso: 1 Abril 2020].
- [49] «Kaggle,» [En línea]. Available: <https://www.kaggle.com/uciml/pima-indians-diabetes-database>. [Último acceso: 18 Diciembre 2020].
- [50] R. Birjais, A. K. Mourya, R. Chauhan y H. Kaur, «Prediction and diagnosis of future diabetes risk: a machine learning approach,» SN Applied Sciences, vol. 1, n° 9, p. 1112, 2019.
- [51] R. Larson y B. Farber, Elementary statistics: Picturing the world, Pearson Prentice Hall, 2014.

Anexos

En esta sección se muestran algunos resultados que complementan el trabajo realizado.

A1: Tablas de evoluciones de los países de casos confirmados de COVID-19

En esta sección se puede observar los resultados obtenidos del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizó el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR de cada país para los datos de casos confirmados.

Tabla A1.1 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Bélgica		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	237386874	396511237.8
2	180755412.3	537269154.4
3	176475251.8	555922259.9
4	34114318.89	463739972.5
5	155766238.9	378667199
6	198893444.5	440836013.8
7	278111106.4	442096182.7
8	111489023.2	462632757.4
9	237386874	431333509.1
10	180755412.3	377594311.7
11	176475251.8	523091438.4
12	34114318.89	452741736.3
13	155766238.9	415894073
14	198893444.5	392963127.4
15	278111106.4	478065755.4
16	111489023.2	472868701.7
17	86963420.15	430524724.6
18	42199429.84	463891899.1
19	214352763.8	390630181.1
20	150396092.3	628838226.9
21	167185334.5	573201065.2
22	116851519.8	553940451.1
23	176273148.6	602929385.1
24	40985708.78	500693988.8
25	114649946.8	570202442.8
26	293827361	430909997.8
27	200655946.3	455215950.2
28	32210508.91	443804964.1
29	382602596.6	387325980.4
30	165358685.4	461407772.4

Tabla A1.2 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

China		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	86.12592942	283948.5499
2	59.94304079	182017.2302
3	131.0678679	4094271.967
4	86.78699806	335353.0765
5	49.2129133	297920.8455
6	63.49631091	4368072.093
7	92.83475824	2491807.749
8	189.6803435	206179.5168
9	47.16176305	312239.8876
10	43.09114509	338626.0083
11	50.91347505	204358.6031
12	1321.218634	13783599.34
13	27.13779542	154297.4835
14	90.68695561	233983.6003
15	102.7770989	355499.3249
16	244.7292233	223211.9493
17	86.51279084	238947.9381
18	72.64726864	831400.4123
19	58.1460913	295824.1198
20	96.38843965	227737.1082
21	166.4552227	123958.8913
22	73.92718513	136011.5427
23	286.9707762	180005.8662
24	45.66104036	220895.8727
25	102.5577329	647312.8181
26	71.49661907	5352835.609
27	64.77729544	1408491.261
28	40.17571063	241799.1859
29	90.24980596	1339266.985
30	119.1838183	128976.9925

Tabla A1.3 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Francia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2168340141	6830297923
2	1734570725	1.55425E+12
3	2079569750	4973807507
4	3680686766	4365618682
5	2303660076	6032117777
6	4224448405	9.6512E+11
7	1538468011	5614285057
8	5659758638	3656319378
9	1175029281	5994848049
10	197184785.3	6830297923
11	7013764562	3086404399
12	2035552233	2644143502
13	474669782.5	4176561875
14	4705263744	6965633541
15	1916540894	5971257777
16	607686216.4	3866658688
17	1618562645	3431412347
18	1411837028	6984308973
19	4136336108	4323035899
20	89713971.84	5683599204
21	1203140678	6861842951
22	2535036416	7861549183
23	4772956367	4422592424
24	391482788.7	1.21493E+12
25	2703564495	4668813639
26	1891844583	4150899010
27	912327961.6	3300148433
28	2016257355	6210989797
29	2610042109	8.874E+11
30	4175097121	5.84801E+11

Tabla A1.4 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Alemania		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	291019305.6	614765917.9
2	22906496.71	797681331
3	24079945.76	2242575773
4	423674860.8	1129991921
5	118186608.1	570024318.6
6	109372742.9	622991785
7	160113530.1	532194394.2
8	399981817.6	1073726802
9	246470002.4	490036064.1
10	441745291	614765917.9
11	71910457.15	482684341.4
12	81447783.05	1779836880
13	393117245.6	1104167250
14	65723527.52	744363826.5
15	395926124	884963130.8
16	350681817.8	521475968.6
17	274636761.6	956530523
18	480229544.1	592561693
19	161180277.4	1522130602
20	391367599.5	1254161409
21	93715464.02	459756321.1
22	178656479.7	1198795948
23	251128490.1	1134170959
24	308141965.7	474030657.1
25	189732247.9	447784123.9
26	85739141.03	644633236.1
27	309958920.7	679317611.7
28	598878801.7	882714497.1
29	90617292.41	790214110.9
30	354861324.2	678497073.8

Tabla A1.5 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Irán		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	231183.7925	9851692.611
2	154676.0399	1.66903E+11
3	210431.066	25134821.91
4	214682.2478	5532038.416
5	265199.8875	7332326.436
6	174025.0078	8215801.081
7	235594.9073	71787368270
8	103804.2605	15758157.8
9	119530.2819	11059940.7
10	46035.63868	9084363.984
11	105902.1203	24445968.54
12	184217.7815	12700330.29
13	191182.9663	8415987.084
14	105620.0914	10854374.93
15	207691.3919	9026937.376
16	154258.5454	26719075.06
17	114802.1593	6582241.295
18	138190.7398	13748190.12
19	286063.8844	13318572.62
20	87769.41972	6875332.852
21	144542.5065	8250017.001
22	113639.2044	9686335.363
23	134851.2126	10276126.61
24	126901.9406	32832217.57
25	96005.96378	8340108.081
26	259927.1305	7242677.669
27	85305.17239	9628141.014
28	116878.9885	9151868.687
29	123549.659	9422751.022
30	235239.5373	9102731.505

Tabla A1.6 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Italia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	1214491872	512219518.5
2	371536407.1	1094130308
3	85605876.03	198716513
4	364698720.6	372519650.7
5	478811588.7	309589181.4
6	4814070.564	422466329.1
7	373908263.9	443320044.4
8	23663856.08	543106161.4
9	18803196.22	414474552.4
10	333507186.1	512219518.5
11	34983463.47	291821490
12	18172026.74	409764115.7
13	361052977.7	298727596.3
14	120761162	154014592.6
15	259070471.6	1376998916
16	220821002.6	278643494.9
17	62391990.96	510829197.2
18	62154584.81	178315067.2
19	118374880.2	492748569.4
20	22173694.29	423727629.2
21	112620216.5	308725220.9
22	14514213.19	522907328.9
23	336358098	307843295.3
24	93110926.24	210720020.5
25	746529936.7	341890969.9
26	406859395.1	1408688381
27	331887542.1	581422086.6
28	179719817.8	209720184.2
29	408718061.5	311453202.2
30	120445364	209190744.8

Tabla A1.7 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	244834.3645	486129.5785
2	319293.9251	199680.8912
3	170532.2614	565446.3625
4	215505.6895	5597499.099
5	205973.9503	3.91414E+11
6	31864.43122	9265930.618
7	383150.7725	2012378.23
8	293104.2183	4872216.331
9	295097.6278	2.36098E+11
10	209145.3947	486129.5785
11	222412.8767	10440268.1
12	254028.1567	657488.4241
13	137599.9487	1963920.384
14	215295.3814	3755723.148
15	282018.4772	785962.3901
16	104406.834	541947.9139
17	145422.4685	556648.5745
18	343380.1779	474669.4107
19	190323.9378	3.17022E+11
20	290597.1363	799079.3763
21	170342.147	1575658.213
22	145180.8696	4.66612E+11
23	221953.0911	10912653.02
24	215729.1886	939464.3325
25	236145.0317	85534093957
26	456958.2783	1.65366E+11
27	176787.3417	599745.048
28	227609.744	983566.0352
29	250136.1093	3100519.487
30	421804.5383	446888.8076

Tabla A1.8 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

España		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	261099457.3	411627290.3
2	281095546.6	4.55036E+11
3	220557337.7	200919348.7
4	392620230.5	425706190.8
5	180920882.6	442697195.2
6	243595547.4	230499212
7	212572169.8	208397789
8	65685593.84	295419767.7
9	262807718.6	359564410.6
10	193647571.2	411627290.3
11	153107785	166438677.5
12	278725147.1	316008921.1
13	45863647.21	300264999.9
14	158439731.2	2.69293E+12
15	286611694.1	345554219.6
16	704706233.9	202876543.9
17	310774688.9	908563168.6
18	161228432.9	277153483.1
19	304469379.6	6.57744E+11
20	157411678.6	379361817.1
21	138634139.7	70915947640
22	431680615.4	355329577.1
23	185318760	9.33318E+11
24	173130071.3	207834749.8
25	453332280.8	7.04655E+11
26	124018466.1	190131113.2
27	193143243.1	296638996.1
28	524897373.6	270893498.2
29	419531650.2	206790052.7
30	614803594.9	5.39519E+11

Tabla A1.9 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Turquía		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	7213.829669	535629.8799
2	6587.116738	1708215.936
3	3230.676733	288813.4391
4	13747.93429	200430.8684
5	5923.604028	194283.9552
6	6974.015673	1088590.198
7	9153.751573	465702.228
8	8533.322557	159676.1394
9	2622.006499	258264.3492
10	5010.269388	549644.2467
11	9093.623687	535629.8799
12	4541.263942	230557.9857
13	4262.866309	1918197.181
14	4304.356781	702680.4782
15	4764.680027	434435.552
16	5221.904684	215319.3275
17	8370.088501	347675.8062
18	12262.65694	937241.1157
19	8989.107289	1123343.899
20	14804.1954	437758.3364
21	3525.094894	203841.7465
22	7125.152169	228366.086
23	8414.194636	206414.7014
24	7486.097476	248243.122
25	9939.69849	338254.7001
26	7779.793846	1130526.269
27	7991.122915	285472.1282
28	11562.60279	293732.8715
29	11335.36885	252684.0391
30	3527.857183	261689.717

Tabla A1.10 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Reino Unido		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	892578.0593	6664930.316
2	6708707.466	22687742.13
3	15171158.49	8335239.58
4	6616668.992	43687586.61
5	3307157.067	20351172.98
6	4292655.585	5.19462E+11
7	2632714.714	10827298.73
8	5593500.617	5755626.5
9	5511922.81	34507116.42
10	5533457.905	19053414.86
11	14061381.07	4496873.841
12	6440515.739	56642405.09
13	3771970.458	17698025.96
14	2738113.366	46915789.89
15	3131383.776	4988784.045
16	11283906.42	7795039.351
17	5086610.684	29546343.15
18	3125668.743	82959848.71
19	17214379.4	67124571.95
20	9398037.847	21767944.64
21	4978536.87	24484515.48
22	4649183.173	4.86116E+11
23	2524585.528	10361822.04
24	4793289.88	25061779.21
25	8433744.412	5.27668E+11
26	1514064.113	55878475.2
27	8752373.096	83223744.32
28	8887041.162	558004838.3
29	16307080.98	103677139.9
30	10715402.52	10572146.91

Tabla A1.11 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Estados Unidos		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	108534707.4	2243571240
2	39292370.63	2604309531
3	43749289.53	8.65573E+12
4	41896076.34	1.04328E+13
5	23934482.27	2496687930
6	84869914.09	2254687349
7	24949500.18	3174452818
8	26897721.82	2072760816
9	51595578.27	1.59558E+13
10	56189648.98	2534614330
11	39846902.74	3600656295
12	76781134.25	2436324505
13	7366887.483	2896614670
14	35196924.58	6.10123E+12
15	84587191.29	1915527032
16	69160967.87	2452311350
17	53012591.67	2433406997
18	20258521.64	1940343991
19	24272695.91	2752329538
20	47515009.39	2822822295
21	14906141.38	2485002934
22	107332777.5	1572127018
23	64798303.28	4.35E+16
24	38604642.04	2375458172
25	40011919.25	6.54898E+13
26	14033665.89	2361015727
27	56786515.29	2396777087
28	34605439.66	4.23285E+13
29	13876838.79	2910083752
30	94292322.72	1.06044E+13

Tabla A1.12 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Mundial		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	24995428265	28851632755
2	4150833080	77324319242
3	9357543036	57467385958
4	1745856730	58203915342
5	1813267350	1.59E+16
6	22103976412	5.09763E+14
7	10183256928	2.22941E+11
8	41265424399	35313397461
9	4824060972	29685947423
10	1858864533	28703205615
11	24226002221	2.87439E+11
12	4047473597	31316399714
13	24391666499	37355821889
14	6312620693	1.47748E+11
15	3661959942	1.28222E+11
16	6745463234	2.01389E+13
17	24318530371	7.63E+15
18	6763450335	2.92E+17
19	11630381411	1.09E+15
20	17766486394	46988338845
21	33686600951	35952238597
22	17843073929	35078921180
23	3730800794	1.75779E+11
24	2776567761	41795024959
25	12644919024	6.89E+19
26	14383304900	58912736321
27	6124464607	4.43E+17
28	5531373924	8.0709E+14
29	12894057124	52486288859
30	1752232609	2.42E+19

A2: Tablas de evoluciones de los países de casos recuperados de COVID-19

En esta sección se puede observar los resultados obtenidos del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizó el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR de cada país para los datos de casos recuperados.

Tabla A2.1 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Bélgica		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	3168650.966	4940226.135
2	3487330.529	4499646.614
3	3900371.427	4332785.91
4	2306517.721	4446040.232
5	2720526.062	4433300.098
6	2935253.474	4473835.595
7	2788405.295	4940226.135
8	3782629.649	4698104.64
9	2979867.037	4427028.692
10	2536701.338	4861480.516
11	3180150.549	4596153.438
12	3074121.587	4348057.337
13	2866999.928	4359438.172
14	1997937.074	4509964.323
15	2659546.744	4249825.757
16	3464037.761	4418693.713
17	3111228.068	4234359.921
18	3804601.955	4391327.964
19	2548741.987	4679795.572
20	3258731.918	4427463.056
21	3112391.134	4453392.229
22	1615137.555	5088983.526
23	2857188.262	4363539.997
24	3432817.491	4435311.82
25	3429135.907	4382942.684
26	3526738.518	4260818.051
27	3592819.921	4492931.472
28	3003635.256	4503035.751
29	3125104.362	4464696.745
30	2997429.706	4589726.222

Tabla A2.2 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

China		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	35.218993	167839.748
2	23.8684423	25890.03982
3	20.0088436	183351.9285
4	12.1851544	34758.68315
5	28.53189	492491.2932
6	30.8089556	28897.98503
7	30.0807759	167839.748
8	10.0851499	15608.85147
9	324.617069	51517.668
10	29.5990625	29543.15077
11	523.523787	21177.32942
12	32.1434218	30705.5538
13	131.049987	16731.3763
14	51.8508687	241021.4873
15	26.9964698	133474.2409
16	18.6772542	35728.27662
17	204.672394	18381.93155
18	191.971212	1454766.924
19	189.332337	24099.3414
20	16.7992846	30372.78686
21	53.1657819	11297.03116
22	54.3584638	97057.22614
23	96.4794755	5911.11802
24	57.7477309	25329.42352
25	8.36159367	1196362.54
26	377.74696	22254.39538
27	24.3957182	186405.1289
28	195.322247	284838.8166
29	19.2606763	319157.4503
30	24.997063	19109.24854

Tabla A2.3 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Francia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	1023662.13	1609836.693
2	381195.789	1722989.475
3	364706.559	1209411.413
4	936400.879	1474151.827
5	859879.655	1026572.093
6	881903.872	1249937.434
7	97848.2201	1299887.303
8	509003.947	1609836.693
9	930932.707	985725.8061
10	300666.369	1747872.446
11	897942.744	1144916.294
12	484603.392	1788444.867
13	1106957.96	804884.3387
14	1568033.51	1488198.842
15	1101210.02	1538326.59
16	268876.16	2259483.497
17	505530.331	1567582.653
18	606831.127	1127765.756
19	112733.61	1260626.514
20	571611.411	1413450.416
21	539693.069	2112038.544
22	579451.815	2852281.813
23	941649.119	1523940.026
24	775655.721	1538416.179
25	1271048.19	1100970.459
26	325893.561	2341398.658
27	274032.948	1877834.924
28	234824.922	10097010.58
29	490900.648	3725793.569
30	900048.265	1848486.83

Tabla A2.4 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Alemania		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	65956823	367545018
2	35739519.3	313579708.7
3	15825722.1	363053620.4
4	90482776.2	240554397
5	93892862	299963059.4
6	39270070.6	294840746
7	52960915.8	273824203
8	78152903.5	367545018
9	64961931.5	267887600.2
10	25970520.8	289876812.6
11	20419515.3	308648014.7
12	65745432.3	303620289.7
13	89998792.5	272116862.3
14	69816024.5	282015720.1
15	16617661.8	405709496.2
16	40809260.2	287191898.1
17	11292956.6	277378315.3
18	59018468.2	253174212.7
19	76584685.1	263564697
20	28439451.5	271116447.9
21	88599968.9	290414058.7
22	59096452.8	302460539.9
23	56242944.1	282032818
24	94241562	291355264.6
25	53324157.3	400287442.2
26	85549345.3	286842597.7
27	79039150.5	287957263.8
28	58265999.6	288769536.6
29	61295107.2	311794301.6
30	8367778.7	498786166.5

Tabla A2.5 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Irán		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	54984.60752	4487970.739
2	36137.96489	4945411.874
3	5173.189558	3811619.612
4	17994.52234	2801138.109
5	27165.7453	2934960.458
6	7113.22066	1613329.869
7	8502.792208	4487970.739
8	9939.544342	3356635.899
9	21688.88147	2826197.809
10	9239.599173	3313848.162
11	6625.37748	2330248.936
12	48395.47176	4516614.032
13	6936.21701	3371376.836
14	6365.888108	3556742.208
15	35127.8015	5327159.773
16	14468.97466	4036631.827
17	7980.41346	1.06348E+11
18	7394.540298	2426245.278
19	5928.853946	7573049.207
20	9697.374391	3298656.794
21	24282.19128	3372487.308
22	14183.28288	4057382.632
23	12091.86206	4515866.174
24	8407.454346	5955366.685
25	4705.461941	4360361.954
26	14657.88775	5065699.612
27	12458.44828	3698654.403
28	10000.82999	3572012.131
29	5484.367046	3277846.984
30	13554.34087	6765641.521

Tabla A2.6 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Italia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	704302.3661	42190143.22
2	696825.1506	31098314.71
3	565607.8443	31601359.56
4	604775.7351	31079826.82
5	1166767.356	29201212.72
6	1075806.231	45453590.19
7	431367.3075	29354100.97
8	954329.7125	42190143.22
9	999291.5503	44507066.09
10	1128365.222	34820954.5
11	752605.5606	28396480.75
12	704674.2531	44822291.64
13	601950.0409	39118283.23
14	1865530.931	34466825.25
15	763785.9975	34329213.68
16	442431.2054	26644037.58
17	1218426.29	53413723.54
18	2525461.209	37349599.17
19	618537.2824	37292978.92
20	553008.126	35202802.35
21	649309.2264	42526950.6
22	275159.6944	28134071.15
23	427078.6279	29192906.13
24	767714.5106	22260682.66
25	561060.7896	38004013.84
26	590112.3805	32165694.01
27	826864.2864	30838197.24
28	529446.5662	33593689.68
29	682544.0268	45176507.29
30	1174432.639	52302277.48

Tabla A2.7 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	884969.21	23634328.84
2	1124262.76	4202346.024
3	933914.373	1.671E+11
4	1329255.48	40267781.01
5	1061416.56	19666167.57
6	233514.176	24230073.89
7	1553098.01	23634328.84
8	285225.653	4192158.822
9	1077870.04	3.89324E+11
10	979237.751	44369728.16
11	1162438.83	16414094.64
12	842434.013	2.24756E+11
13	824313.142	23557238.29
14	1150790.38	4925797.774
15	1508542.79	15990279.41
16	709749.427	24082840.57
17	1761257.93	58739035.18
18	1584543.49	1.16753E+11
19	357012.242	1.13206E+11
20	1044945.88	16431884.4
21	817229.925	24894847.38
22	598778.7	43012383.45
23	1279558.73	31783672.98
24	472597.192	22522637.4
25	363047.801	11832951.5
26	450854.672	6662439.993
27	1874225.04	26081085.81
28	991558.788	28360817.47
29	815981.045	4278380.585
30	349374.958	48017627.7

Tabla A2.8 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

España		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.06217753	19404.61158
2	0.00181313	20355.95452
3	0.02145884	645.1107951
4	0.00322103	3612247.603
5	0.0009719	213050.8855
6	0.01752306	1791.872373
7	3.17E-05	4406.835178
8	7.98E-05	181.837871
9	0.00026537	23170.57113
10	0.06501951	25968.32508
11	0.06541913	59237.63245
12	0.16835084	21446.91523
13	0.02219871	673.6597613
14	2.12E-20	17869.07911
15	0.00462252	21208.64157
16	0.00011717	11234.28822
17	0.0004101	11791.52418
18	0.04329589	8193.606305
19	0.00017062	9514.646484
20	0.00125431	13716.96047
21	0.27327688	796.6488716
22	0.41416129	139110.8002
23	7.28E-05	1496.76243
24	0.00056172	238.5252915
25	0.00151535	22067.15671
26	0.09076265	1115104.751
27	0.00179347	9837.414614
28	0.09206657	267.446815
29	0.00150416	45502.45582
30	0.00295252	296.9451384

Tabla A2.9 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Turquía		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	4297.44742	314447.4077
2	2614.82309	99724.10848
3	2246.3872	403696.0167
4	10708.8396	407041.7865
5	2324.92219	569449.1812
6	9981.18683	501519.1815
7	7826.60562	433334.6646
8	10858.4407	270307.3044
9	7802.61856	469654.2823
10	6924.79328	1560395.383
11	6270.16589	327873.3646
12	2074.62411	348211.1915
13	7657.04001	424652.0079
14	7084.35228	617983.9031
15	7875.89511	437844.5563
16	8868.22574	254053.2508
17	4991.03708	661217.3681
18	10745.1595	237823.9492
19	1261.91301	261326.6402
20	8246.05255	412924.4203
21	9590.58726	455028.9223
22	10533.988	616766.9318
23	3976.053	204058.7052
24	5787.82996	204770.825
25	6311.78178	553947.8335
26	11241.5604	647735.1203
27	7350.77987	1092990.957
28	2498.02001	1396067.826
29	9240.58568	274317.6744
30	20282.0173	640871.3364

Tabla A2.10 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Reino Unido		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	1134.253007	3117.180244
2	753.5997558	3420.632359
3	940.668935	15408.41937
4	827.9945429	3355.469784
5	585.4449554	4817.287749
6	1017.009413	2625.743392
7	1711.75275	2882.997595
8	1428.068427	4345.107686
9	859.8125526	3635.574792
10	2123.946015	2790.942626
11	628.3950611	2405.850893
12	698.4607284	3444.054922
13	403.3382942	6232.916239
14	885.9432373	3609.649767
15	695.7025626	6335.470364
16	761.6658974	2817.979269
17	1038.555368	2393.704627
18	830.2422513	2839.705414
19	675.0303703	7351.82779
20	639.2423557	2287.720601
21	386.8818664	2794.456571
22	809.0004356	9754.78408
23	1150.257545	3171.320251
24	829.1804306	2508.756525
25	965.1373784	3829.512271
26	733.1505674	3441.468025
27	1097.259752	2463.653854
28	1709.614463	3597.684252
29	860.1884519	3856.059955
30	1671.618815	4614.14401

Tabla A2.11 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Estados Unidos		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	16907026.7	79267635
2	15490746	173495884.3
3	22599859.2	5.88188E+12
4	21678771.9	72906209.21
5	24542581.6	25960431.73
6	26728437.7	3.61119E+11
7	16562755.2	79263045.17
8	10945345.3	4.16837E+12
9	18260885	62998533.57
10	14641249.5	41530959.71
11	20193579.8	9.46638E+12
12	17117316.7	23751467.28
13	16649873.5	3.96093E+12
14	19200779.2	1.02194E+12
15	12008282.4	75078896.47
16	18474493.4	46806157.03
17	25564221.9	1.02644E+13
18	18489268.4	68085512.59
19	18420559.6	52525045.18
20	17558244.1	3.86366E+12
21	14924798.2	24917441.07
22	16493287.5	3.19136E+12
23	16988417.5	3.85586E+12
24	15527629.7	37603610.91
25	15181300.7	6.29319E+12
26	18736827.6	43243891.73
27	15206421.9	3.53115E+12
28	20402634.9	6.0747E+12
29	17601371	75813867.96
30	12269994.5	58590397.21

Tabla A2.12 Resultados de evoluciones de los casos recuperados de COVID-19

Mundial		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	445082426	1.04154E+11
2	2793657561	25708235680
3	539653021	3.74068E+11
4	1194862065	3.86423E+11
5	2022921449	3.35236E+11
6	1035894010	3.72762E+11
7	1346538809	3.43877E+11
8	175572967	61525075057
9	88732293.3	14777496345
10	3762151493	7.46549E+12
11	1607627384	2.57948E+14
12	764871065	4.87395E+14
13	374596160	8.77662E+12
14	1125854388	2.86159E+11
15	736407015	3.4182E+11
16	1195837500	3.71943E+11
17	1346877499	9.93703E+14
18	56847237.5	3.30712E+11
19	365002161	1.87942E+11
20	935754237	1.84401E+14
21	1457298254	4.14338E+11
22	1137606909	3.33531E+11
23	356731302	2294978272
24	1325580267	7.79502E+14
25	622547233	3.06249E+14
26	2461447785	7.1351E+14
27	2417905108	1.54741E+14
28	466978614	4.75585E+14
29	2217467456	2.35269E+13
30	158068293	9.65561E+14

A3: Tablas de evoluciones de los países en casos de muertes por COVID-19

En esta sección se puede observar los resultados obtenidos del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizó el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de valor mínimo para la red modular NAR de cada país para los datos de casos de muertes.

Tabla A3.1 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Bélgica		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	231.8873704	15375.28103
2	128.0385686	16672.58819
3	103.2837688	18203.25026
4	130.7866181	18410.28892
5	192.3737441	34166.83184
6	178.9416321	31341.45452
7	80.96098252	21381.59909
8	95.00148404	20620.68363
9	222.5793404	16701.8877
10	58.01483045	28203.96898
11	81.59695467	20470.71424
12	152.7754524	17691.28125
13	346.627901	62280.07113
14	115.5685544	16314.82552
15	80.77349046	14698.7077
16	81.56143525	20339000.11
17	215.4317894	20049.21869
18	191.4580913	19986.2792
19	297.7494163	24551.60525
20	101.0177449	22182.06514
21	208.4059552	76744.96931
22	96.52673629	17071.83208
23	183.9657169	25155.74779
24	88.22042106	51912.05702
25	122.2726478	59827.64821
26	177.8075054	22191.01518
27	166.5988539	29499.17376
28	96.57626499	19283.1401
29	206.3445273	41445.94615
30	263.9872684	7560.771282

Tabla A3.2 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

China		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.00034604	289.77653
2	0.012727607	79.69204518
3	0.00294602	580.0966549
4	0.000197433	4030.414456
5	0.00098194	11.71097992
6	0.004747983	17.27469996
7	5.12E-05	122.4412764
8	0.00027176	48.79210802
9	3.96E-05	35.14652246
10	0.000243577	19.96281141
11	0.000375345	2422.781603
12	0.007655666	64.94120362
13	0.000213311	0.153902265
14	1.13E-05	160.4198905
15	0.001206707	113.9082157
16	0.008738446	67.11305692
17	0.001342044	71.45456085
18	5.38E-08	68.54200698
19	0.000630197	53.37555599
20	0.000164771	79.82088193
21	0.001360666	6355.882707
22	0.001385675	445.2137852
23	0.00078655	45.60737518
24	5.66E-06	0.52505967
25	3.20E-06	61.56987696
26	0.003005346	24.98141742
27	0.000619132	29.6828322
28	0.001327277	3.715487882
29	6.06E-05	123.5009381
30	0.000832425	78.12875553

Tabla A3.3 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Francia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	6420.490513	17790.19587
2	10482.69602	68901.56476
3	14228.15557	99616.63695
4	5423.678921	58244.88295
5	13952.8224	95598.2095
6	2069.103818	140874.9412
7	9344.655398	110896.5115
8	12014.43828	19977.6818
9	3411.040504	54069.76108
10	11448.21379	100527.1803
11	25488.7533	28625.01367
12	31522.72625	29112.526
13	13525.21423	192272.5969
14	3202.53987	60225.68555
15	4957.35759	136322.878
16	15170.36076	20078.91107
17	11958.33159	29263.76841
18	1045.940894	17161.47564
19	6524.630748	49380.33171
20	1907.467179	133580.6169
21	28513.53825	60596.94689
22	22396.61357	48801.44573
23	9574.060915	73718.23442
24	2438.422021	33917.70294
25	19537.61697	63668.46393
26	30354.17878	73605.44425
27	11003.38124	25406.06616
28	5739.504235	90248.7555
29	10194.85771	31121.07281
30	3577.417059	24520.3225

Tabla A3.4 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Alemania		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	10496.75386	47563.06974
2	8668.082753	43783.84798
3	13380.62619	61865.87738
4	7953.879539	91832.99949
5	11593.17433	48240.82063
6	7290.923239	49086.44337
7	10095.56254	74878.27866
8	13570.23052	47768.18834
9	10510.85924	48358.74297
10	8718.009538	44982.11267
11	6766.674648	50383.07417
12	5722.564072	55530.98384
13	1436.418472	46745.35482
14	5186.518627	47643.21387
15	1715.975463	57554.95925
16	7264.093983	55007.5469
17	14337.65844	53344.75238
18	7417.906431	44110.56196
19	2303.954661	46238.95116
20	11583.86279	47007.4606
21	4972.648888	45194.04736
22	7877.312042	46381.60501
23	11385.60005	45028.14315
24	12418.8318	73234.56761
25	2613.471911	46043.56953
26	9301.279713	46880.85294
27	10642.83229	46449.76769
28	8795.710365	53120.40041
29	8606.714288	69232.24729
30	5579.541034	46937.23727

Tabla A3.5 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Irán		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	13513.04892	31700.74593
2	8337.312139	31687.51001
3	10939.82813	40970.64327
4	12902.35573	31437.30208
5	23937.86157	32724.67625
6	30820.21305	30633.90572
7	2250.520379	38306.55531
8	9412.450014	37732.62632
9	14971.06031	33906.37596
10	2728.125674	74364.93308
11	17714.03245	35757.133
12	21780.41224	39240.45244
13	3815.089779	39502.00654
14	19139.1387	36944.18001
15	22669.03529	40598.96402
16	12506.03933	39378.11602
17	11188.4234	29479.53176
18	18775.24113	30655.12282
19	10106.99749	40240.5277
20	7192.375745	38756.38382
21	3025.022491	35924.36235
22	7750.335291	47247.02817
23	1272.313362	38600.05587
24	13988.41307	40213.97622
25	4549.968619	27957.99882
26	17301.69803	31929.22382
27	15283.1393	41069.14395
28	14542.27453	45623.8157
29	10379.81735	31510.1363
30	7719.23588	48289.1069

Tabla A3.6 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Italia		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	337.4621269	62775.98057
2	459.4800036	27153.72819
3	387.3904964	62767.34731
4	523.0651428	55497.7689
5	469.9166613	40740.47432
6	367.381087	16950.3476
7	366.9089944	46092.06598
8	384.1922758	63900.9207
9	373.4918922	40589.61743
10	414.9276072	33916.06905
11	392.8466936	20712.88033
12	303.3943723	24077.16365
13	408.8239059	34342.0538
14	396.2174484	21254.5735
15	478.389223	65886.50352
16	398.3104788	19855.42799
17	379.8639804	42571.40614
18	389.6710977	31362.83245
19	385.5080813	31974.14586
20	321.8737705	17549.94762
21	441.2517354	29683.60903
22	368.4975809	24708.58878
23	408.2658478	23945.0292
24	389.81344	26624.01283
25	378.0915659	43962.20971
26	521.6478662	94963.6056
27	376.1854204	21753.88567
28	333.2861856	23780.78872
29	364.1114504	27268.39131
30	233.291147	28168.0949

Tabla A3.7 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	9364.645058	70051.80186
2	15849.23649	312282.7184
3	4801.301794	156628.0686
4	19155.68679	200762.8189
5	16905.24457	32199.42635
6	22814.0895	218252.5843
7	7050.844634	15214.50149
8	15080.73281	87949.06603
9	21243.96234	1685276.42
10	19324.57845	142646.3081
11	12044.51349	85652.4909
12	21406.68738	163188.7295
13	18982.92401	88531.26105
14	16374.24097	407592.8464
15	18061.73698	262043.5157
16	16510.85713	21553.43855
17	10715.32763	96414.39845
18	7631.667397	117191.0952
19	22738.51973	238355.8569
20	13851.00428	77259.09673
21	16517.53642	268648.2907
22	14627.02812	390020.0319
23	17214.1878	118984.5587
24	22296.57603	192465.2001
25	8785.235249	15020.44735
26	17375.32214	135438.4666
27	14719.13541	146010.0892
28	14491.69186	86945.86827
29	22145.20643	173213.5948
30	17794.88586	45409.8161

Tabla A3.8 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

España		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	10368.82482	268639.7659
2	12442.81104	3768.070823
3	11343.52213	4374.948876
4	10656.5634	14059.18661
5	5968.733768	4163.680191
6	12892.58806	449072.2869
7	7845.606617	2493.367674
8	11789.86655	13655.63695
9	7046.224426	19680.70377
10	9359.889669	3488.043283
11	5558.006461	28787.51628
12	7126.616172	3085.029653
13	5419.840322	69263.3046
14	10743.51639	3867.091873
15	8013.533241	65586.33688
16	11256.57327	195610.3205
17	11823.15173	4679.343823
18	8243.013683	6523.951664
19	12988.91089	10569.47855
20	8339.218808	19973.58971
21	7302.714416	6586.584679
22	7142.217936	22735.09456
23	6478.822836	17136.78561
24	10516.5877	37955.41637
25	10729.37585	9653.481389
26	8410.305359	11651.7261
27	11777.48861	9452.454756
28	6324.488799	192098.8899
29	11919.16807	12191.74469
30	12449.22825	3135.063648

Tabla A3.9 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Turquía		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2.030388287	8.628176015
2	2.559363409	31.33643728
3	3.665375298	20.50625283
4	3.59891395	7.625328296
5	3.010877842	14.23421702
6	2.248200752	8.227477395
7	1.52548994	23.06947916
8	1.617815528	62.04019873
9	1.484040623	42.58693187
10	1.638654581	2.709121148
11	2.410134143	114.154337
12	1.735562106	14.71697116
13	2.989655879	15.47448793
14	2.177125851	21.07378363
15	2.507871706	144.3370359
16	1.67903554	94.4937745
17	1.872315606	42.72269145
18	5.83622004	8.619724625
19	1.412231415	43.79163363
20	1.50112143	28.84169014
21	1.665406415	11.00756541
22	3.044998578	159.0100223
23	1.687079576	2.235273049
24	1.777770255	31.61495471
25	1.721069686	29.31939428
26	1.6724325	278.9762526
27	2.011954242	5.865477614
28	1.443285202	1.862325184
29	1.62416093	2.387918755
30	2.201073016	10.04886505

Tabla A3.10 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Reino Unido		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2511.312103	41935.71771
2	1139.634591	8497.986088
3	860.6982074	3086.523103
4	1736.386996	17445.44354
5	1487.06933	92336.49496
6	903.7098154	6944.747149
7	949.6166399	6614.99089
8	1192.941348	31333.30697
9	1307.893314	16129.22325
10	1231.807288	11551.94793
11	1706.231046	13709.3547
12	893.6705031	43388.22375
13	831.8320064	1491.023507
14	1915.232858	16640.7404
15	1134.577644	15484.26811
16	626.6724282	17979.81415
17	2835.964412	22764.62931
18	1584.61513	5949.72254
19	789.7005826	6014.412652
20	1400.090828	5247.172174
21	967.4749931	3773.698412
22	880.1524053	7490.725864
23	1108.624924	6280.578785
24	981.6560432	4884.989352
25	1466.228549	22071.50964
26	1109.822513	1931.47888
27	884.474599	5220.46581
28	1534.588465	1066.845479
29	2514.749902	12695.43623
30	1667.829994	2220.806012

Tabla A3.11 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Estados Unidos		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	20464.65195	31264.32086
2	11743.19877	45798.24838
3	24419.51036	66052.4022
4	13741.03829	25101.33693
5	26898.75295	30916.9845
6	30627.17436	17571.64689
7	28517.21844	110631.8078
8	20760.55932	21298.5148
9	18130.96478	20202.63286
10	19133.22023	121136.9971
11	20397.43222	16541.59247
12	23016.38762	133751.7001
13	31474.96303	25872.36476
14	26650.24101	75575.08724
15	12739.36233	33034.95446
16	23153.09603	85237.19545
17	19092.31661	894363.3815
18	40438.11414	27283.33705
19	16787.24064	31774.86526
20	18001.44166	101161.8412
21	19418.00726	27878.62023
22	17388.93888	119559.2867
23	26183.5568	153584.4587
24	32548.32672	123923.9045
25	18048.91033	80382.22886
26	21226.77775	152836.7155
27	29202.29841	65159.18223
28	21864.91994	35520.74382
29	15890.40652	38905.93872
30	25741.07445	259176.2763

Tabla A3.12 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Mundial		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	705327.9307	572417.9363
2	1479023.94	553572.0502
3	1138644.764	946565.2156
4	546698.1879	4.57812E+11
5	1175955.872	622096.42
6	1305255.377	2.28567E+11
7	1262956.802	765671.3738
8	209130.3189	32700519853
9	1062989.987	16686217.25
10	1096517.632	802936.8693
11	478561.1121	8270015.627
12	552118.2674	1319507.477
13	1278987.921	595701.3344
14	1853633.493	878737.8462
15	1599607.564	1306768.414
16	812010.0424	2463469.318
17	1179305.575	1827058.979
18	1112362.174	1505686.938
19	1158646.254	4.92213E+11
20	158003.9073	600275.5895
21	1229514.358	6.646E+11
22	762874.8904	8.13774E+11
23	889313.8334	2.51647E+11
24	1282578.09	820439.8867
25	661890.3082	736951.2071
26	1001379.225	1235422.56
27	695819.2068	705954.3736
28	1328313.068	798547.9523
29	1462175.069	1225214.894
30	848837.1294	9.33419E+11

B1: Tablas de evoluciones de los estados de México de casos confirmados de COVID-19

En esta sección se puede observar los resultados obtenidos del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizo el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de difuso tipo-1 para el país de México y 12 de sus estados para los datos de casos confirmados.

Tabla B1.1 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Baja California		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	39.54082748	2488.091835
2	37.90707811	4127.680458
3	25.32097588	545.7071638
4	48.42806075	11393.49248
5	33.17470528	3367.070892
6	52.57212745	4815.339926
7	77.48457903	411.6489287
8	36.83418535	138.3098082
9	27.60147853	6274.019658
10	51.95263191	109.7911285
11	22.50624641	8180.904324
12	53.98679039	990.4943467
13	49.3828473	3559.552244
14	24.48988047	2237.303648
15	37.59346675	342.736839
16	35.17585266	2909.254449
17	23.96295721	222.3392508
18	62.09958333	401.4808879
19	53.62126073	4369.315118
20	78.78051824	1114.730696
21	76.8515716	11741.17414
22	24.14466153	4284.755552
23	55.70670341	2482.390868
24	35.59604265	7260.484455
25	24.15352408	402.2550772
26	11.58023308	298.6171503
27	25.85901368	11125.49315
28	43.34715359	321.1211634
29	68.65486474	8383.345957
30	52.52200152	8920.973065

Tabla B1.2 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Ciudad de México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2742.71225	1142476.921
2	1098.742393	1052168.364
3	2928.699697	881988.304
4	3174.577556	1030278.534
5	6247.97684	317475.5982
6	4212.365853	1111864.601
7	5973.198603	1476189.543
8	4151.063785	573632.3202
9	12847.0952	1137154.247
10	1261.930351	1096126.903
11	1262.278533	1257655.85
12	1466.636569	831406.5383
13	826.7587431	153036.7954
14	998.6493645	1459218.182
15	1087.31612	1453841.953
16	2867.272226	190649.1495
17	1715.728302	673010.768
18	5078.332177	27904.84068
19	3039.565051	1386564.047
20	8814.273942	274724.7856
21	1110.95042	443356.0192
22	2737.331999	399082.8126
23	6903.194878	1215449.901
24	1289.710269	1043961.341
25	3028.44136	1116894.753
26	6927.151962	1049828.086
27	2077.160707	1500524.808
28	8766.296534	1276518.481
29	1726.775544	163022.1246
30	2077.359855	1552522.751

Tabla B1.3 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Coahuila		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	75.9680369	69.55035865
2	56.68728276	94.01443239
3	48.25395643	134.038145
4	33.40879409	90.31387837
5	46.49109748	67.36779132
6	27.6092264	107.2400525
7	74.34246374	81.16180187
8	49.46289545	66.73514051
9	39.06207327	70.98695693
10	35.22898312	63.80893801
11	42.94257905	97.1614308
12	34.44592187	77.0273948
13	31.7006779	68.50002154
14	52.07714739	63.55318425
15	67.73162776	73.41731062
16	39.94622311	121.5192905
17	56.26579354	117.5571426
18	40.71846233	72.8571098
19	68.70722486	77.2864219
20	53.55112149	68.05961352
21	49.24978451	65.77638355
22	44.94806729	73.06784044
23	22.35164575	150.9823955
24	53.54102898	85.70767659
25	39.64691615	126.4630253
26	56.70265034	68.5073868
27	62.86676524	167.772982
28	31.09165991	68.92796676
29	70.36384359	66.05853072
30	64.29315227	244.7297987

Tabla B1.4 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Estado de México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	95.10954229	115656.6847
2	550.3955921	5505.768428
3	265.091049	164242.9486
4	319.2002901	4616.043369
5	91.32022423	468690.7015
6	195.287542	386124.0743
7	555.4966727	158232.6255
8	194.4546235	192027.2245
9	79.55915689	125.4354464
10	467.6253425	444133.3172
11	365.219222	106872.2939
12	343.9928358	55580.76865
13	248.2698805	439245.1006
14	113.9839177	584084.0918
15	174.41428	116433.0467
16	105.2359945	42473.70704
17	148.2637402	18768.57424
18	214.7018984	89757.19753
19	506.3866075	247773.0908
20	323.9322752	6322.209498
21	318.6339019	275070.756
22	94.19619111	409210.1617
23	318.7580677	732486.8449
24	75.73114384	31973.74688
25	109.3753696	96396.2803
26	991.0347468	199381.8289
27	28.8030367	7327.212535
28	435.7717389	15173.28014
29	477.3928791	19673.96314
30	171.0427806	246400.1173

Tabla B1.5 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Jalisco		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	3.618758972	1306.197815
2	4.634467728	1321.859308
3	9.731152109	1278.48718
4	3.800496999	1164.358278
5	2.067662216	1140.538187
6	13.13955386	499.516882
7	4.295589731	1365.06106
8	4.301381457	1358.851865
9	5.058424735	1254.192474
10	3.096921483	1043.658782
11	4.098952164	1162.597776
12	4.276223501	1394.096529
13	9.102999841	1023.625831
14	2.695388147	2259.247082
15	7.433608876	1299.803635
16	7.241102124	1036.618695
17	5.847644891	1312.488632
18	4.1480194	1109.950298
19	2.468675614	1357.30323
20	7.274175896	1072.148124
21	14.14535744	1172.316841
22	2.228536302	1066.469266
23	2.971814445	1072.300529
24	2.698423622	1033.500902
25	2.092074316	864.9872521
26	2.917648072	1280.029276
27	3.204102843	945.444735
28	3.332484395	93.73944678
29	4.061095585	1162.867587
30	3.873137466	966.0755386

Tabla B1.6 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Nuevo León		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	40.40989305	183.2242798
2	18.30099157	128.1199791
3	20.07198634	60.30120325
4	33.82092388	146.7217103
5	44.80493127	110.4305389
6	52.22911739	51.76587107
7	22.76968852	118.9527101
8	56.25104117	53.00536596
9	48.38115083	188.4169181
10	36.34133518	87.58418813
11	30.57093781	96.1334172
12	12.8350222	142.0636466
13	15.96403837	51.08919951
14	62.77167825	105.9897605
15	24.17285908	176.2593992
16	30.89502047	110.7942486
17	36.72048338	149.7399087
18	34.0933261	75.71359261
19	27.79927237	79.75405463
20	15.45543935	181.5688549
21	54.01549648	141.4687229
22	26.10906962	94.69946829
23	28.2473834	220.3191658
24	19.34747101	132.3875865
25	21.50743739	102.4236782
26	62.31853788	49.88652792
27	41.67202784	131.8111719
28	18.16580363	130.4616142
29	64.25578536	620.0055519
30	52.02594781	189.5523883

Tabla B1.7 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Puebla		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	41.7919248	5594.035743
2	6.833557191	6160.466434
3	8.649082864	4554.86602
4	10.95348963	7113.658029
5	15.22788916	4893.829396
6	9.576535362	6395.120673
7	14.62356675	5684.215391
8	15.63188878	5422.451906
9	15.71307729	5836.180545
10	17.6646527	5740.705229
11	12.56676723	6363.526697
12	8.931661975	312.9061585
13	44.56399912	5068.473222
14	15.80653105	503.5246787
15	21.40112371	5494.750582
16	15.85673052	5040.390326
17	24.6138766	5020.872623
18	11.59747873	7016.304194
19	13.04189642	5345.723397
20	8.798088552	6396.093405
21	14.8223223	5591.233883
22	13.05556855	4495.920023
23	8.032511097	3897.341123
24	51.95610722	4721.897877
25	12.33114904	6051.830037
26	26.20807211	4906.378955
27	12.4510694	282.4920405
28	12.99235148	4551.240094
29	37.86626464	5575.930509
30	17.55515388	5384.108869

Tabla B1.8 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Quintana Roo		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	63.26130508	593.8203969
2	113.618992	1536.264887
3	34.8681279	441.7018181
4	164.7640448	1443.427473
5	17.44646453	5860.225642
6	110.0021266	2342.228455
7	65.0848816	5790.337908
8	39.20369557	2165.873776
9	39.17065915	2135.695932
10	59.25535363	3438.546233
11	181.0760454	2579.010102
12	84.04482237	4519.568205
13	104.3896243	4231.16822
14	112.7408713	2561.821767
15	55.10239988	4517.379249
16	53.27439319	10389.13937
17	30.20980136	2947.407275
18	36.09433605	529.282739
19	64.79685933	2528.827243
20	33.46679468	5022.6514
21	20.36291532	5013.404554
22	56.23410417	4548.15911
23	83.95177513	4494.36395
24	37.62947719	5715.147698
25	44.82964497	5745.507558
26	76.25255063	4904.192586
27	42.50380995	3859.017266
28	123.3800333	7127.525446
29	95.21419058	1716.815049
30	53.53266465	5582.554369

Tabla B1.9 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Sinaloa		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	40.70256198	3094.241212
2	9.872225191	9462.853776
3	4.120242413	2094.522967
4	30.53637022	932.0775759
5	8.660905125	1194.986546
6	4.672556281	1076.390179
7	14.26182066	4485.379564
8	9.420275181	12931.75165
9	3.765072355	9678.883477
10	8.458459599	3653.42037
11	13.12755057	1896.954089
12	5.725477362	820.7093391
13	36.0879253	3341.714952
14	1.954842646	253.3754473
15	37.32466028	1186.826334
16	189.9998312	126.1267815
17	15.53306746	645.0002397
18	9.584421501	70.59258582
19	11.86279049	1318.316859
20	6.723093776	12715.02378
21	6.017634884	32.2470303
22	5.351224351	142.5689917
23	66.60563616	2255.838209
24	7.763297981	3636.794755
25	17.01083466	817.7082449
26	3.028214862	71.9842845
27	9.405924117	2794.189653
28	13.58846593	10083.1833
29	24.61252674	10269.93862
30	24.06316564	2046.084935

Tabla B1.10 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Tabasco		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	284.1870427	18689.09072
2	45.74520027	4031.884919
3	54.86332174	3983.992857
4	27.96404405	17406.46834
5	104.7669943	13509.14025
6	34.0456707	2611.815186
7	86.05610134	8907.541918
8	185.2757518	72.43582393
9	43.86265471	1293.799047
10	71.87484336	27699.71951
11	41.45746765	3106.789157
12	48.45545844	270.5143469
13	72.91188333	1681.157338
14	166.2349162	11244.89988
15	95.29173469	7122.505826
16	53.64274551	1817.026979
17	164.6796228	3412.686878
18	256.8617043	267.990446
19	32.62346653	910.408547
20	71.97868987	475.0032524
21	35.41675552	1.58E+03
22	86.75065177	5893.328713
23	79.53246412	19399.52017
24	116.3036033	248.9281435
25	95.09356223	6475.169666
26	107.6104092	63.35572455
27	66.37661041	8589.607713
28	47.32703894	265.0378655
29	346.2747027	1407.385367
30	31.10027473	401.2794779

Tabla B1.11 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Veracruz		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	53.59076488	14787.98349
2	53.42652539	12701.0129
3	71.68429633	13731.50729
4	51.7811275	15403.33199
5	54.34369152	9892.819797
6	109.420625	13932.57757
7	97.41812235	13611.12253
8	40.62667997	9642.546049
9	33.21506663	1899.737005
10	44.52834258	14919.36119
11	123.9996727	12422.47123
12	37.12626822	16788.89416
13	48.1733998	9856.129216
14	45.94518423	10342.37825
15	53.57414369	12623.01123
16	28.62765672	10971.18304
17	68.02284244	12305.69932
18	71.68306017	10227.29894
19	53.42295036	15883.19208
20	53.59076513	12380.46222
21	59.33160413	12799.90638
22	80.23341229	10663.81836
23	34.05597197	12635.7191
24	58.34716685	14229.65176
25	106.9235346	10932.96439
26	41.52646785	14080.11904
27	42.61551742	12116.8348
28	22.5197502	13563.39996
29	30.42037311	12474.38765
30	37.66876959	20497.15547

Tabla B1.12 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Yucatán		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	17.0035178	3215.924564
2	24.82018169	254.6532903
3	34.87383569	4023.599399
4	36.41689561	3487.3489
5	28.07788868	3716.654276
6	42.68953405	2518.324383
7	66.33641474	3194.772934
8	39.64403783	3827.011175
9	18.15958351	3552.479149
10	35.39437438	3898.572457
11	54.68670738	5424.439731
12	12.43668017	4033.457569
13	15.22327754	3829.143867
14	40.00465723	4269.385496
15	44.19809711	3709.505964
16	18.05800204	2403.601498
17	21.58858816	3664.567051
18	26.54054842	645.2234849
19	22.6205208	3469.112843
20	38.68731678	3929.405897
21	13.12898066	3368.644866
22	27.14449718	3708.932876
23	48.03404621	3229.766835
24	16.95267514	2533.477587
25	31.91220329	5040.577229
26	24.13184035	2321.234752
27	29.11279741	3655.338354
28	34.43620619	3924.836852
29	48.10932358	3365.495134
30	60.5869424	1752.161864

Tabla B1.13 Resultados de evoluciones de los casos confirmados de COVID-19

Nacional		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	6203.207107	11550163.92
2	19415.97047	8049037.057
3	23007.76855	5780291.915
4	14238.33765	5217840.908
5	156265.3002	6452507.782
6	26534.48432	2357832.469
7	9010.267726	589485.54
8	19714.052	2217536.099
9	32873.497	195751.3251
10	15626.38984	5323567.122
11	11569.38201	2108422.486
12	35854.65923	1602779.889
13	28638.90132	6065690.459
14	13321.15381	4921577.779
15	55725.14008	7831597.945
16	13305.34318	8104888.552
17	25655.08372	10960154.34
18	21015.92376	699524.8455
19	16066.62328	4120529.061
20	9694.483715	34670.87844
21	17662.88992	4734687.108
22	35599.92899	683983.6158
23	22553.4996	3243949.511
24	54531.06539	2212861.387
25	14327.037	621146.9977
26	26272.62734	8555917.938
27	12357.98383	8627515.772
28	18390.49356	167803.1478
29	19814.1955	8142530.203
30	55389.25822	2694584.095

B2: Tablas de evoluciones de los estados de México de casos de muertes por COVID-19

En esta sección se puede observar los resultados obtenidos del método optimizado usando un algoritmo genético donde se optimizo el número de neuronas en la capa oculta y el método no optimizado donde se utilizó un integrados de difuso tipo-1 para el país de México y 12 de sus estados para los datos de casos de muertes.

Tabla B2.1 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Baja California		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	5.551405503	722.0806956
2	10.99060666	105.7118521
3	8.009904829	185.5450313
4	8.02347444	291.5220189
5	2.249115642	1115.936438
6	10.80108844	689.4196473
7	6.590929989	1114.696227
8	3.313868806	1122.577672
9	1.245593673	883.6492306
10	13.85097201	1135.0816
11	4.603996512	848.1537482
12	2.093335256	836.0839911
13	7.101189124	823.5035805
14	3.790548465	973.5064362
15	10.54723314	916.1746708
16	6.400160341	966.6136094
17	4.40942393	169.6332655
18	3.82643912	38.19044418
19	6.857317093	75.74993401
20	2.619306818	997.3745294
21	5.469870542	1285.0325
22	9.150024699	192.8713087
23	9.2342181	150.6154162
24	10.73041409	371.7454243
25	8.850319133	1033.783114
26	8.539695088	618.0759515
27	4.611881578	1199.739075
28	6.666028556	836.8138677
29	4.249326721	837.1975924
30	9.094753665	869.9413869

Tabla B2.2 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Ciudad de México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	14.43076807	546.3996898
2	26.54683471	248.0255317
3	17.64239226	312.930003
4	5.725113121	1317.61853
5	8.216849283	364.5792173
6	4.165350032	668.5737324
7	6.84E+00	85.50381501
8	31.40326098	532.4106003
9	2.44E+01	750.0214957
10	6.878620315	756.6387166
11	22.4630847	510.6888461
12	16.40019149	847.8236514
13	12.95562358	958.9659457
14	6.17E+00	663.9318294
15	21.50178043	754.5867738
16	26.33809274	109.9536194
17	13.15377839	629.8931095
18	1.10E+01	1142.867189
19	16.4473583	782.9561517
20	9.105117673	112.2980561
21	19.40603611	546.5382493
22	15.44922263	787.3850402
23	15.03864648	1047.697369
24	1.10E+01	752.5577987
25	1.91E+01	198.0859197
26	17.85417308	749.029981
27	11.6946033	829.3811182
28	15.98633092	647.0211373
29	1.64E+01	178.8435544
30	19.48245108	295.7342874

Tabla B2.3 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Coahuila		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.065721532	17.25855952
2	0.136113674	27.42186887
3	0.128017627	14.37681616
4	0.287252772	35.05241509
5	0.073713317	12.12422761
6	0.145311648	19.02422985
7	0.206337153	26.03916402
8	0.157473013	26.58693924
9	0.267761949	25.52852408
10	0.379587722	18.56441579
11	0.086560371	29.96793752
12	0.268939496	31.8772428
13	0.303220997	24.9326555
14	0.393917012	35.27353486
15	0.128732702	28.38196201
16	0.14686306	27.26687584
17	0.157201508	33.78271932
18	0.248263859	20.67933567
19	0.418353016	35.44997252
20	0.179112016	27.74990756
21	0.248141212	2.606372838
22	0.159524062	1.108417751
23	0.274874805	29.44902347
24	0.106903949	19.46433746
25	0.11185512	35.2487354
26	0.286640778	18.04226432
27	0.221195164	21.89282912
28	0.095029603	4.169008695
29	0.127156762	16.67687099
30	0.230458981	21.06554096

Tabla B2.4 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Estado de México		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2.123284471	1547.700605
2	5.268638914	311.1667356
3	5.916003972	1984.978157
4	12.67296516	616.8864709
5	5.155395837	1716.64225
6	2.993602031	2020.114393
7	3.871797908	1929.899418
8	4.781366007	371.1386915
9	8.835246471	1927.727309
10	4.141352995	2336.150985
11	10.00309364	1801.37564
12	21.04221964	1848.565297
13	2.719773041	1908.926449
14	1.306757155	1989.829006
15	7.188163156	2274.773962
16	3.700348802	2278.863006
17	4.205989575	514.8523281
18	5.592533218	2265.9753
19	3.777309566	1574.237948
20	8.159918486	361.3089454
21	7.759535587	1919.406229
22	4.80370434	1488.47512
23	0.647676503	486.1843247
24	2.606882779	601.148861
25	2.060272139	1834.887746
26	3.643077403	817.3383397
27	6.987524623	2259.956842
28	5.914840771	1504.591824
29	7.095739038	1584.446661
30	2.471962314	2098.417848

Tabla B2.5 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Jalisco		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.259509875	20.3354651
2	0.17734398	20.7212776
3	0.542321471	18.12064848
4	0.305444941	17.24798442
5	0.225280236	8.017513258
6	0.0720686	28.63459237
7	0.427572355	25.29831342
8	0.318404444	21.20559987
9	0.386103522	20.77297406
10	0.464403972	39.04754336
11	0.714570821	12.69120464
12	0.220349348	10.75503432
13	0.469269302	12.84938817
14	0.43011657	12.20850739
15	0.267413723	21.80213583
16	0.111450501	11.58483205
17	0.154163239	12.34540595
18	0.128856276	11.77811557
19	0.605551945	16.29017553
20	0.284922877	8.094304282
21	0.079000789	28.94333613
22	0.44269295	12.34991723
23	0.116700267	28.90776651
24	0.139605367	13.88929303
25	0.145193787	19.38103447
26	0.094002076	4.919923077
27	0.090138327	33.63500054
28	0.135563165	107.2729285
29	0.850986482	16.85326688
30	0.501475851	29.31516421

Tabla B2.6 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Nuevo León		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.213785212	3.404545961
2	0.413610638	5.692092015
3	0.50181166	0.953220877
4	0.225925506	2.972309188
5	0.390359603	1.379513491
6	0.586874738	3.463288773
7	0.204214702	1.320945651
8	0.450581082	2.29069963
9	0.227587712	1.409764894
10	0.376239663	2.849088724
11	0.555018256	2.025109652
12	0.177157842	1.639928897
13	0.171885706	6.838842607
14	0.215773299	0.771860858
15	0.695337654	1.58004313
16	0.153606844	5.441803379
17	0.343896286	1.388703569
18	0.190501258	0.976226681
19	0.24069393	2.718926935
20	0.649697288	4.603519374
21	0.208818857	3.872915089
22	0.223879232	3.413343285
23	0.248752074	1.790481373
24	0.157909862	1.716233581
25	0.097845389	3.21717378
26	0.178616065	0.829712411
27	0.229507795	2.585700408
28	0.35476251	1.549440447
29	0.213153415	1.47822423
30	0.212092901	1.826924705

Tabla B2.7 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Puebla		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	2.737318142	14.39803421
2	0.786804893	3.279002786
3	2.88529188	18.10936142
4	0.982229737	16.05891587
5	1.626446998	3.963916637
6	2.237416831	13.69643527
7	1.109142863	24.43648354
8	2.749960846	32.06945949
9	1.647715099	82.79313014
10	1.851613301	19.07403873
11	2.734081811	19.10062473
12	1.580160762	14.11458371
13	0.836966377	47.98290266
14	2.935281814	9.043987923
15	0.298710867	15.59401887
16	1.099206262	62.11433385
17	3.739842244	8.033865549
18	1.406795402	27.40079691
19	1.078098307	3.374337541
20	1.383727124	42.26314443
21	1.979054658	12.01383616
22	3.7938808	3.99372106
23	1.974288132	5.463773211
24	0.689909919	16.0822196
25	1.172292589	7.609617238
26	2.116689541	8.854850638
27	0.65716973	41.08471303
28	1.112590415	14.14879006
29	0.668809447	21.96843102
30	0.822812196	4.911397877

Tabla B2.8 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Quintana Roo		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.727851591	322.7693376
2	2.761894508	558.1451443
3	0.612277684	258.8439832
4	0.884262613	24.91097906
5	0.941595502	25.88626089
6	1.845964059	204.1004326
7	0.855750687	318.4371236
8	4.027515776	336.7482959
9	1.69539225	243.0601097
10	0.876986798	318.7483522
11	0.794330066	171.2553712
12	0.730547484	205.5528485
13	2.53348505	311.9856256
14	2.512410361	245.0306824
15	2.008622	292.9041458
16	1.258997053	238.2583685
17	4.127959189	245.9557
18	1.769960738	297.6399561
19	0.318481771	173.2635684
20	0.285394826	12.5369953
21	0.319326166	30.82176967
22	0.274132453	364.1610687
23	2.413031119	263.782463
24	0.329553397	176.3216386
25	0.854666677	272.8248657
26	1.349068436	322.1603881
27	1.295275863	224.8376058
28	1.135643633	198.3747343
29	1.531953644	313.1319963
30	1.774356544	145.826836

Tabla B2.9 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Sinaloa		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	1.043925209	142.7167374
2	0.675497354	16.35074424
3	4.18201209	123.2730318
4	3.330696937	184.5904045
5	1.536223245	69.7451458
6	4.871967459	98.3050759
7	5.317655846	13.31045682
8	1.277739761	144.9400524
9	2.50394663	54.2960728
10	0.285082864	124.8035689
11	3.148687204	153.606162
12	3.820070401	86.6654713
13	1.635755216	22.20480035
14	3.369474733	126.4952781
15	1.552548003	148.9528993
16	0.415331261	57.13312247
17	1.09197961	219.2187249
18	2.630180303	127.9016936
19	0.943141687	135.6868715
20	2.770390664	31.2514079
21	1.899071219	19.15056202
22	2.551766485	145.6952461
23	1.246582033	34.57688663
24	1.930256068	175.8982868
25	2.138267842	103.6978236
26	1.944038019	61.85075645
27	0.769606426	207.7521222
28	2.253005229	108.2019547
29	1.484699902	127.3240969
30	3.047912732	93.71443959

Tabla B2.10 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Tabasco		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	3.736164515	163.1425374
2	3.395012481	22.10596949
3	2.788855817	263.9099164
4	10.42405102	24.94825688
5	2.965106587	129.6180859
6	3.464958814	32.06781357
7	3.733121271	24.2786289
8	11.56017478	58.89149575
9	3.123938633	36.29810783
10	1.760544125	308.8473249
11	0.962487121	190.1217392
12	2.751740702	166.3164396
13	7.762954605	55.08498123
14	3.851640968	39.2612059
15	2.276050844	212.8915608
16	8.145508977	26.89131468
17	13.26118949	321.9763542
18	8.550257651	453.6762163
19	3.379112821	30.20418454
20	1.253031482	46.03719953
21	5.249925354	25.69191718
22	4.371678525	357.4278811
23	5.600977723	141.8877003
24	3.897211063	196.0799283
25	3.319073684	358.2644269
26	5.969552521	14.08863444
27	2.689969529	136.7357445
28	8.310183269	27.59823484
29	10.65791547	26.80412865
30	4.210530624	344.6331847

Tabla B2.11 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Veracruz		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.807693393	623.1660513
2	7.134547222	192.665968
3	12.29620414	362.0592262
4	7.264722267	218.074731
5	5.854046734	209.8166057
6	0.472446789	256.3133342
7	2.138108763	194.6499607
8	8.673411419	465.8609112
9	0.754604557	141.3312426
10	14.59362937	303.3525224
11	0.399338517	366.6693502
12	3.048189423	563.3688473
13	1.84386725	360.308415
14	2.68322753	223.0575559
15	3.057314476	61.16326528
16	4.175186131	415.1663944
17	1.322838886	305.2386377
18	3.460159839	382.9768526
19	4.159478149	411.2362173
20	3.671951734	328.5360844
21	0.710771441	310.8083847
22	2.069922403	476.8490397
23	6.125913042	261.5098223
24	1.388771037	180.1398256
25	0.458074879	473.2158902
26	3.600793652	262.3852968
27	3.803798999	318.7696171
28	0.342424366	557.334733
29	1.108877624	291.2796638
30	1.405520134	338.7758312

Tabla B2.12 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Yucatán		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	0.288979303	91.42571268
2	0.09169615	105.8220554
3	0.0853982	100.622608
4	0.360998951	104.1260011
5	0.106395433	88.77269075
6	0.272812731	65.52785293
7	0.054904356	117.2114093
8	0.073372187	78.92587074
9	0.111198416	34.88000901
10	0.227782584	92.63712726
11	0.090780528	89.06212065
12	0.166620803	77.90796594
13	0.107664546	71.32743297
14	0.05096754	88.184764
15	0.154346584	86.49063422
16	0.057487652	25.54578254
17	0.622322102	66.87487301
18	0.115873308	68.77253069
19	0.057234473	24.58000034
20	0.134667557	61.52161678
21	0.097665726	105.6036483
22	0.081762089	71.63292061
23	0.050855475	112.2147061
24	0.132321836	73.98807997
25	0.098004519	96.65824831
26	0.198192832	76.05521926
27	0.031771939	78.6543575
28	0.1049998	26.00986428
29	0.152124653	111.3444971
30	0.201977717	64.64754106

Tabla B2.13 Resultados de evoluciones de los casos de muertes por COVID-19

Nacional		
No	MSE Optimizado	MSE No-Optimizado
1	281.431037	26111.68573
2	18.7689819	23373.41217
3	521.723523	5960.185729
4	236.256755	28754.40455
5	81.2151203	3629.326294
6	131.919225	2818.492496
7	65.9686682	36785.84496
8	200.645823	30077.99587
9	92.3155979	46009.2415
10	22.6558296	27289.067
11	132.669286	26402.12381
12	97.0191511	30846.0599
13	176.19808	3251.911024
14	176.96108	28081.11004
15	200.763588	32153.14178
16	130.776714	27376.63965
17	50.2270238	30087.68343
18	83.2977376	29287.86757
19	267.797423	2945.886547
20	19.7343953	30513.20112
21	107.396095	3642.701769
22	142.297434	26774.42388
23	151.912057	29112.83902
24	180.602497	3026.211621
25	211.790001	4056.016883
26	343.861704	33196.89387
27	161.191133	3712.053457
28	79.3900714	28436.62206
29	190.322297	43062.69775
30	419.674632	9567.685207