




Modelo SIR sobre metapoblaciones. Un análisis retrospectivo de la COVID 19 en La Habana

A SIR model on Metapopulations. A retrospective analysis of COVID 19 in Havana

Lázaro Daniel González-Martínez^{1*}, José Alejandro Mesejo-Chiong^{1,2}, Angela Mireya León-Mecías¹

Resumen En el presente trabajo se analiza la factibilidad del empleo de dos modelos de metapoblaciones con un enfoque SIR en el estudio de la epidemia de COVID-19 en La Habana. Los modelos de metapoblaciones surgen de considerar dos enfoques mecánicos de representación del movimiento poblacional: el lagrangiano y el euleriano. La modelación considera 15 subpoblaciones correspondientes a los municipios habaneros y se lleva a cabo un ajuste de los parámetros de cada modelo a partir de los datos de nuevos casos diarios reportados. Se estima también el número reproductivo básico (R_0) para cada municipio de la capital cubana. Los resultados indican que, bajo los patrones de movilidad laboral utilizados, ambos modelos ofrecen una buena aproximación al comportamiento global de la epidemia con mejor ajuste del modelo basado en movimiento poblacional lagrangiano.

Palabras Clave: covid-19, modelación de epidemias, modelos metapoblacionales, modelos de movimiento de población humana.

Abstract *This study examines the feasibility of employing two metapopulation models with an SIR framework to analyze the COVID-19 epidemic in Havana. The metapopulation models are derived from two mechanical approaches to representing population movement: the Lagrangian and Eulerian frameworks. The modeling incorporates 15 subpopulations corresponding to Havana's municipalities, and parameter fitting is performed using reported daily new case data. The basic reproduction number R_0 is also estimated for each municipality in the Cuban capital. The results indicate that, under the labor mobility patterns considered, both models provide a reasonable approximation of the overall epidemic dynamics, with the Lagrangian-based model yielding a better fit.*

Keywords: covid-19, epidemic modeling, metapopulation models, human population movement models.

Mathematics Subject Classification: 3411, 6511, 9210, 92D30.

¹Departamento de Matemática Aplicada, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba. Email: mesejo@matcom.uh.cu

²Dept. de Matemàtiques i Informàtica, Universitat de les Illes Balears, Mallorca, España. Email: alejandro.mesejo@uib.es

*Autor para Correspondencia (Corresponding Author)

Citar como: González Martínez, L.D., Mesejo-Chiong, J.A., & León Mecías, A.M. (2025). Modelo SIR sobre metapoblaciones. Un análisis retrospectivo de la COVID 19 en La Habana. *Ciencias Matemáticas*, 39(2), 33-44. DOI: <https://doi.org/XXXXXXX>. Recuperado a partir de <https://revistas.uh.cu/rcm/article/view/11520>.

Introducción

El concepto de *metapoblación*, cuyo origen no proviene de la epidemiología sino en la ecología, fue introducido en 1969 por Levins¹ [11] para describir una “población de poblaciones” en un modelo de dinámica poblacional de plagas de insectos

¹Richard Levins (1930–2016), ecólogo y biomatemático estadounidense, colaborador cercano de la comunidad científica cubana, Doctor *Honoris Causa* por la Universidad de La Habana (1999) y condecorado con la Medalla 30 Aniversario de la Academia de Ciencias de Cuba

en cultivos.

Una metapoblación se define como un conjunto de poblaciones de la misma especie que habitan en áreas espacialmente aisladas, pero que mantienen interacciones a través de procesos de migración o dispersión. Los modelos de metapoblación parten de la hipótesis fundamental de que el sistema bajo estudio se encuentra fragmentado en un entorno. La fragmentación se debe a que la población está organizada en parches o subpoblaciones discretas relativamente aisladas, conectadas

mediante algún grado de migración o intercambio [6]. Este enfoque ha demostrado ser de gran utilidad también en epidemiología, particularmente para comprender la dinámica de enfermedades infecciosas en poblaciones estructuradas en unidades sociales bien definidas (pueblos, localidades urbanas, ciudades, etc.), conectadas a través de la movilidad individual [4, 6, 13, 21, 24].

Los modelos matemáticos clásicos más empleados en el estudio de epidemias son los denominados *modelos compartimentales*, cuyo origen se remonta al modelo SIR propuesto por Kermack y McKendrick en 1927 [9]. En dicho planteamiento, la población se subdivide en tres compartimentos: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R), asumiéndose que tanto la población total como las subpoblaciones de cada compartimento se encuentran homogéneamente mezcladas. Esta suposición limita la capacidad del modelo para capturar las complejidades propias de epidemias en contextos urbanos, donde las variaciones demográficas, espaciales y de movilidad desempeñan un papel determinante. Mientras que los modelos compartimentales ofrecen un marco matemático ampliamente utilizado, la teoría de metapoblaciones aporta una dimensión espacial explícita que permite modelar la heterogeneidad estructural y las interacciones entre subpoblaciones.

En el caso de la COVID-19, la ausencia de inmunidad poblacional inicial, derivada de la novedad del virus y de su elevada transmisibilidad, hizo que la propagación resultara altamente sensible al tipo, la frecuencia y la heterogeneidad de los contactos entre individuos de la comunidad [3]. Además de las diferentes tasas de contacto, el tráfico entre comunidades desempeñó un papel determinante en la dinámica de la pandemia, pues los individuos procedentes de zonas con elevada incidencia funcionaron como vectores potenciales de transmisión hacia comunidades previamente no afectadas.

Si bien los modelos compartimentales clásicos de la familia SIR y sus extensiones no son adecuados para capturar plenamente estos aspectos, sí pueden emplearse como bloques básicos dentro de un marco metapoblacional. En este contexto, cada subpoblación o comunidad se describe mediante sus propios parámetros epidemiológicos, permitiendo así incorporar las especificidades locales (densidad poblacional, frecuencia de contacto, grado de movilidad). Dicho enfoque ha sido aplicado en múltiples estudios recientes [3, 5, 10, 12, 22].

En [3] se analiza un modelo SE(A)IR en red, donde la inclusión del compartimento de *expuestos* (E) permite distinguir entre individuos que desarrollan síntomas y los que permanecen asintomáticos (A), pasando ambos eventualmente al grupo de recuperados. Cada nodo de la red representa una comunidad rural o urbana con parámetros inferidos mediante técnicas bayesianas, incorporando la variabilidad temporal de contactos y la movilidad entre subpoblaciones (viajes diarios). Resultados empíricos en Ohio y Michigan demuestran la capacidad predictiva del modelo, así como la sensibilidad de los resultados a diferentes medidas de intervención.

Por su parte, en [12] se presenta un algoritmo eficiente

para modelar el desplazamiento diario en modelos metapoblacionales. A diferencia de formulaciones anteriores, se incluye explícitamente el *regreso a la comunidad de origen*, evitándose la sobreestimación de la transmisión en nodos receptores. Basado en teoría de grafos, el enfoque mantiene la complejidad computacional dentro de niveles manejables, sin requerir simulaciones a nivel individual. El caso de estudio en Israel confirma que la correcta representación del desplazamiento cotidiano es crucial para explorar escenarios de intervención, mostrando que el distanciamiento social tuvo un impacto mayor en la reducción de contagios que las restricciones puntuales de viaje.

El trabajo de [5] aplica un modelo SEIR estocástico de metapoblación para Bélgica, calibrado con datos de hospitalización. El modelo evalúa escenarios de desescalada y encuentra que las actividades de ocio constituyeron un factor de mayor propagación en comparación con la reapertura de escuelas o centros de trabajo. Asimismo, se demuestra que el aislamiento temprano de casos sospechosos permite incrementar la interacción social sin perder control epidémico, subrayando la necesidad de reevaluar periódicamente el patrón de contactos para adaptarse a cambios de comportamiento colectivo.

En [22] se estudia la epidemia en Andalucía durante el verano-otoño de 2020, destacando la importancia de incorporar datos de movilidad humana. El modelo SEAUIRD implementado considera transiciones más complejas: $S \rightarrow E \rightarrow \{A, U\} \rightarrow (R, D)$, reflejando tanto la presencia de asintomáticos (A) como de no reportados (U), infectados reportados (I), recuperados (R) y fallecidos (D). Se demuestra que, en ausencia de movilidad, el modelo no logra reproducir la segunda ola epidémica, mientras que la incorporación de matrices de movilidad dinámicas, derivadas de telefonía móvil, ofrece mayor capacidad predictiva que aquellas basadas en matrices estáticas.

Finalmente, en [10] se introduce un modelo híbrido aplicado a Estados Unidos que combina el marco SIR metapoblacional con técnicas de aprendizaje automático. A través de *Graph Convolutional Networks* (GCN), se ajustan dinámicamente parámetros epidemiológicos clave (tasas de infección y recuperación) en función de patrones de movilidad y de políticas implementadas. Este acoplamiento entre dinámica clásica y técnicas de inteligencia artificial constituye una innovación metodológica, orientada a mejorar la adaptación de los modelos a datos complejos y en tiempo real.

Un modelo de metapoblación, además de ofrecer una representación más realista del patrón geográfico de propagación de una epidemia, permite identificar qué cambios en los patrones de movilidad resultan más efectivos para mantener la pandemia bajo control. Este tipo de modelos, generalmente formulados como sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias de gran dimensión, demandan una mayor capacidad de cómputo en comparación con los modelos compartimentales clásicos. Sin embargo, proporcionan ventajas significativas al incorporar explícitamente factores como la heterogeneidad espacial y demográfica, ambos determinantes en la dinámica

de transmisión.

En el caso de Cuba, la literatura revisada muestra que los estudios epidemiológicos sobre la COVID-19 se han sustentado, en su mayoría, en métodos estadísticos [17, 19] y en modelos compartimentales clásicos [7, 8, 14, 15]. En [8], por ejemplo, se introduce un modelo SEIR generalizado en el que se consideran dos poblaciones: La Habana, capital del país, y el resto de la isla. En dicho enfoque, un individuo susceptible de la población i puede infectarse por contacto con individuos infectados de la población j , incorporándose además parámetros de protección específicos para cada región, dependientes de las intervenciones implementadas a nivel local.

La experiencia de la pandemia ha puesto en evidencia la necesidad de disponer de herramientas más sofisticadas para el análisis epidemiológico en territorios con características demográficas y de movilidad complejas, como la provincia de La Habana. En este trabajo, inspirados en los marcos de movilidad presentados en [4], se propone un análisis retrospectivo del comportamiento de la epidemia en La Habana a partir de dos enfoques metapoblacionales: *i*) el modelo SIR clásico con movimiento de tipo euleriano, y *ii*) el modelo SIR clásico con movimiento de tipo lagrangiano.

La pertinencia de contrastar los enfoques euleriano y lagrangiano en el caso de La Habana radica en las características singulares de la movilidad en esta provincia. La capital cubana concentra la mayor densidad demográfica del país y presenta una estructura urbana heterogénea con alta interconexión intermunicipal. Una parte significativa de la población realiza desplazamientos recurrentes por motivos laborales, educativos y de servicios lo que se refleja en patrones típicamente lagrangianos de movilidad (viajes de ida y regreso en intervalos cortos). A la vez, existen flujos migratorios de carácter más prolongado desde y hacia otras provincias, mejor descritos por un enfoque euleriano. Evaluar comparativamente ambos supuestos en un mismo marco de modelación (formulación SIR clásica) permite capturar la complejidad de estos procesos y analizar cómo distintas representaciones de la movilidad afectan las predicciones epidémicas y la eficacia de políticas de control.

El artículo se estructura de la siguiente manera: en la primera sección se presenta la formulación matemática del modelo SIR en marcos metapoblacionales bajo los dos enfoques de movimiento; en la segunda sección se describe la experimentación numérica sobre el caso de estudio de la epidemia en La Habana; y en la tercera sección se discuten los resultados obtenidos y sus implicaciones.

1. Modelos epidemiológicos basados en metapoblaciones

Los modelos epidemiológicos tradicionales, como el modelo SIR [9], asumen una población homogénea y un entorno espacial único. Esta simplificación resulta limitada cuando se estudian epidemias en escenarios geográficamente complejos y con poblaciones heterogéneas. Para superar estas

restricciones, se desarrollan los modelos de metapoblación, que combinan la estructura espacial con la dinámica epidemiológica.

Una metapoblación se define como un conjunto de subpoblaciones locales que interactúan mediante la dispersión de individuos entre ellas. La intensidad y forma de estas interacciones puede variar entre subpoblaciones, lo cual introduce heterogeneidad adicional en la dinámica global [23].

Existen dos enfoques principales para modelar la movilidad entre subpoblaciones [4]: el *enfoque euleriano* (o modelo FLUX) y el *enfoque lagrangiano* (o modelo SIMPLE TRIP). Ambos consideran los desplazamientos de individuos entre regiones, pero con suposiciones distintas. El modelo FLUX describe la movilidad bajo la hipótesis de migraciones prolongadas o indefinidas, sin contemplar el eventual retorno al lugar de origen, siendo adecuado para representar procesos de reubicación más permanentes o de largo plazo. Por otro lado, el modelo SIMPLE TRIP caracteriza desplazamientos temporales en los que, tras un periodo fuera, los individuos regresan a su subpoblación de origen. Este último es más apropiado para viajes cortos y recurrentes, como los motivados por trabajo, estudio u otras actividades cotidianas.

En un modelo epidemiológico basado en metapoblaciones, la dinámica se describe considerando conjuntamente:

1. la partición de la población en subpoblaciones locales, determinada por criterios espaciales o administrativos;
2. la partición según el patrón de movilidad adoptado (euleriano o lagrangiano), que define el intercambio de individuos entre comunidades [4]; y
3. la partición interna de cada subpoblación en los compartimentos epidemiológicos establecidos por el modelo compartimental utilizado (por ejemplo, susceptibles, infectados, recuperados).

Estas tres particiones, en conjunto, permiten un marco más realista para analizar la propagación epidémica en entornos heterogéneos y espacialmente estructurados.

1.1 Modelo SIR

El modelo SIR [9], a pesar de su sencillez, es ampliamente utilizado en epidemiología matemática. En su formulación clásica, la población se divide en tres compartimentos: susceptibles (S), que son individuos sanos que pueden contraer la enfermedad; infectados (I), que han adquirido la infección y pueden transmitirla; y recuperados (R), que representan a los individuos que han superado la enfermedad, obteniendo inmunidad o falleciendo.²

La dinámica del modelo se describe mediante el siguiente

²En este trabajo se adopta la convención de incluir tanto a individuos inmunizados como a los fallecidos en el compartimento R , dado que en ambos casos dejan de contribuir al proceso de transmisión.

sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta \frac{S(t)I(t)}{N}, \\ \dot{I}(t) &= \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t),\end{aligned}\quad (1)$$

donde $\dot{S}(t)$, $\dot{I}(t)$ y $\dot{R}(t)$ representan la tasa de cambio temporal de cada compartimento; N es el tamaño total de la población ($N = S + I + R$); β denota la tasa de infección o transmisión, y γ la tasa de recuperación.

Un parámetro esencial en el modelo es el número reproductivo básico R_0 , definido como el número promedio de casos secundarios generados por un individuo infectado en una población totalmente susceptible:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.\quad (2)$$

El valor de R_0 determina el comportamiento epidémico: si $R_0 > 1$, la infección puede propagarse en la población; mientras que si $R_0 < 1$, la epidemia tiende a extinguirse.

Por otro lado, el concepto de *incidencia* se refiere al número de nuevos casos que surgen en una población durante un intervalo de tiempo determinado. Dentro del modelo SIR, la incidencia instantánea se calcula como la tasa de individuos susceptibles que contraen la infección por unidad de tiempo:

$$\text{Incidencia}(t) = \beta \frac{S(t)I(t)}{N}.\quad (3)$$

1.2 Modelo SIR sobre metapoblaciones

Se considera la población dividida en K subpoblaciones, cada una de ellas a la vez dividida según el modelo SIR en las tres clases S , I y R . A este modelo compartimental se incorporan dos enfoques distintos de movilidad entre subpoblaciones.

Modelo SIR + FLUX

En este caso se utiliza el modelo SIR con movimiento de tipo euleriano (FLUX). De acuerdo a lo asumido anteriormente cada subpoblación i , $i = 1, \dots, K$ contiene una cantidad propia de susceptibles S_i , infectados I_i y recuperados R_i , de modo que su población total es $N_i = S_i + I_i + R_i$. La metapoblación completa está compuesta por K subpoblaciones, con un tamaño total $N = \sum_{i=1}^K N_i$.

El movimiento entre subpoblaciones se modela mediante la tasa de migración f_{ij} , que representa la probabilidad de que un individuo emigre de i hacia j . Esta tasa se define como

$$f_{ij} = \sigma_i v_{ij},\quad (4)$$

donde σ_i es la probabilidad de que un individuo de la subpoblación i emigre y v_{ij} denota la probabilidad de que, dentro de los emigrantes de i , el destino sea la subpoblación j . Se cumplen las condiciones naturales $v_{ii} = 0$ y $0 \leq \sigma_i \leq 1$, con

$$\sum_{j=1}^K v_{ij} = 1 \quad \Rightarrow \quad 0 \leq \sum_{j=1}^K f_{ij} \leq 1, \quad \forall i = 1, \dots, K.\quad (5)$$

El modelo SIR + FLUX queda descrito por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (para todo $i, j = 1, \dots, K$):

$$\begin{aligned}\frac{dS_i}{dt} &= -\beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} - \sum_{j=1}^K f_{ij} S_i + \sum_{j=1}^K f_{ji} S_j, \\ \frac{dI_i}{dt} &= \beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} - \gamma_i I_i - \sum_{j=1}^K f_{ij} I_i + \sum_{j=1}^K f_{ji} I_j, \\ \frac{dR_i}{dt} &= \gamma_i I_i - \sum_{j=1}^K f_{ij} R_i + \sum_{j=1}^K f_{ji} R_j, \\ \frac{dN_i}{dt} &= - \sum_{j=1}^K f_{ij} N_i + \sum_{j=1}^K f_{ji} N_j.\end{aligned}\quad (6)$$

sujeto a las siguientes condiciones iniciales en $t = t_0$:

- Para toda $i = 1, \dots, K$, $N_i(t_0) \geq 0$, y existe al menos un $l \in \{1, \dots, K\}$ tal que $N_l(t_0) > 0$.
- Para toda $i = 1, \dots, K$, $0 \leq \sum_{j=1}^K f_{ij} \leq 1$, con $f_{ii} = 0$.
- Para toda $i = 1, \dots, K$, $N_i(t_0) = S_i(t_0) + I_i(t_0) + R_i(t_0)$, con $S_i(t_0), I_i(t_0), R_i(t_0) \geq 0$.

Este sistema, que consta de $4K$ ecuaciones, se denotará de forma compacta como

$$g_{\text{FLUX}}(\vec{\beta}, \vec{\gamma}, \vec{f}),$$

donde $\vec{\beta} = (\beta_1, \dots, \beta_K)$, $\vec{\gamma} = (\gamma_1, \dots, \gamma_K)$ y $\vec{f} = (f_{ij})_{1 \leq i, j \leq K}$. Una instancia particular $g_{\text{FLUX}}(\vec{\beta}_0, \vec{\gamma}_0, \vec{f}_0)$ corresponde a un conjunto fijo de parámetros. Cabe destacar que este modelo es considerablemente más complejo que el SIR clásico debido a la incorporación de parámetros de movilidad y a la posibilidad de que las tasas de contagio y recuperación sean heterogéneas entre subpoblaciones.

La incidencia del modelo en cada subpoblación i se define como:

$$\text{Incidencia}_{\text{FLUX}}(t, i) = \beta_i \frac{S_i(t)I_i(t)}{N_i(t)}.\quad (7)$$

Es importante enfatizar que la incidencia en i no debe contabilizar como nuevos casos a aquellos individuos infectados que ingresan desde otras subpoblaciones (término $\sum_{j=1}^K f_{ji} I_j$). Dichos individuos fueron contagiados previamente en otra subpoblación y, aunque se desplacen, no constituyen nuevos casos en i ni en la metapoblación en su conjunto.

Este modelo representa más fielmente epidemias con movilidad prolongada o migración permanente, pero puede sobrestimar el tamaño de la epidemia si se aplica a escenarios donde predominan los viajes cortos y recurrentes (caso urbano).

Modelo SIR + SIMPLE TRIP

En este enfoque, cada subpoblación i , $i = 1, \dots, k$ se divide en dos categorías de individuos:

- aquellos que residen en la subpoblación i y permanecen en ella, denotados como N_{ii} ;
- aquellos que residen en i pero se encuentran temporalmente en otra subpoblación $j \neq i$, denotados como N_{ij} .

La cantidad total de individuos presentes en la subpoblación i en un instante dado se expresa como

$$N_i = \sum_{j=1}^K N_{ji}.$$

A su vez, cada subconjunto de residentes de i , tanto los que permanecen en i como los que visitan otras subpoblaciones, se subdivide de acuerdo con el esquema SIR en compartimentos S, I y R . Así, denotamos como S_{ii}, I_{ii}, R_{ii} a los compartimentos de residentes en i que permanecen en i , y como S_{ij}, I_{ij}, R_{ij} a los correspondientes compartimentos de residentes en i mientras se encuentran en una subpoblación $j \neq i$. En todos los casos vale

$$N_{ij} = S_{ij} + I_{ij} + R_{ij}.$$

La tasa de desplazamiento de los residentes de i hacia el nodo j se denota por ϕ_{ij} , mientras que τ_{ij} representa la tasa de retorno, es decir, la probabilidad de que un residente de i actualmente en j retorne a i . Se imponen las condiciones $0 < \tau_{ij} < 1$ para $i \neq j$, y $\tau_{ii} = 0$.

Con estas definiciones, la dinámica del modelo SIR + SIMPLE TRIP viene dada, para todo $i, j \in \{1, \dots, K\}$ con $i \neq j$, por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\begin{aligned} \dot{S}_{ii} &= -\beta_i \frac{S_{ii} \sum_{k=1}^K I_{ki}}{N_i} - \sum_{k=1}^K \phi_{ik} S_{ii} + \sum_{k=1}^K \tau_{ik} S_{ik}, \\ \dot{S}_{ij} &= -\beta_j \frac{S_{ij} \sum_{k=1}^K I_{kj}}{N_j} - \tau_{ij} S_{ij} + \phi_{ij} S_{ii}, \\ \dot{I}_{ii} &= \beta_i \frac{S_{ii} \sum_{k=1}^K I_{ki}}{N_i} - \gamma_i I_{ii} - \sum_{k=1}^K \phi_{ik} I_{ii} + \sum_{k=1}^K \tau_{ik} I_{ik}, \\ \dot{I}_{ij} &= \beta_j \frac{S_{ij} \sum_{k=1}^K I_{kj}}{N_j} - \gamma_j I_{ij} - \tau_{ij} I_{ij} + \phi_{ij} I_{ii}, \\ \dot{R}_{ii} &= \gamma_i I_{ii} - \sum_{k=1}^K \phi_{ik} R_{ii} + \sum_{k=1}^K \tau_{ik} R_{ik}, \\ \dot{R}_{ij} &= \gamma_j I_{ij} - \tau_{ij} R_{ij} + \phi_{ij} R_{ii}, \\ \dot{N}_{ii} &= - \sum_{j=1}^K \phi_{ij} N_{ii} + \sum_{j=1}^K \tau_{ij} N_{ij}, \\ \dot{N}_{ij} &= -\tau_{ij} N_{ij} + \phi_{ij} N_{ii}. \end{aligned} \tag{8}$$

De forma compacta, denotaremos este sistema como

$$g_{ST}(\vec{\beta}, \vec{\gamma}, \vec{\phi}, \vec{\tau}),$$

donde los vectores de parámetros se definen como $\vec{\beta} = (\beta_1, \dots, \beta_K)$ tomamos, inicialmente, $S_i = N_i$ y $I_i = 1$, sin considerar aún movilidad. A partir del modelo (6), puede deducirse que un

Aunque los modelos FLUX y SIMPLE TRIP comparten cierta estructura, las tasas de movilidad difieren en su interpretación. En el caso euleriano, f_{ij} corresponde al flujo total de individuos que migran desde i hacia j , sin restringir su permanencia en el destino. En contraste, en el enfoque lagrangiano, ϕ_{ij} contabiliza exclusivamente a los residentes de i que viajan temporalmente al nodo j , mientras que el retorno de dichos individuos se controla mediante τ_{ij} . El término τ_{ji} , en particular, representa el regreso de residentes de j tras estancias en i , un aspecto no contemplado explícitamente en el marco FLUX.

2. Simulación retrospectiva de la Covid-19 en La Habana

La Habana, al igual que el resto de Cuba, enfrentó múltiples retos durante la pandemia de la COVID-19, los cuales se vieron agudizados por su elevada densidad poblacional y por los constantes flujos de movilidad interna entre sus municipios, separados en muchos casos solo por una calle. Con el fin de analizar la dinámica de la epidemia en este entorno urbano, se emplearon los modelos metapoblacionales bajo los enfoques de movimiento euleriano (FLUX) y lagrangiano (SIMPLE TRIP), descritos en secciones anteriores.

Modelo de red de metapoblaciones

Para modelar el efecto de la movilidad en la propagación de la COVID-19 en La Habana se consideró una red de subpoblaciones interconectadas compuesta por los 15 municipios en los que se organiza política y administrativamente la ciudad. La epidemia se modela localmente en cada subpoblación mediante un modelo SIR caracterizado por dos parámetros epidemiológicos: la tasa de infección β y la tasa de recuperación γ . En el presente trabajo se ha asumido que la tasa de recuperación, γ , es homogénea y constante para todos los municipios de La Habana, es decir, $\gamma_i = \gamma$, con $i = 1, \dots, 15$. Esta hipótesis se fundamenta en que la tasa de recuperación (inverso del tiempo promedio de infección) se relaciona principalmente con características biológicas y clínicas de la enfermedad, aspectos que tienden a mantenerse relativamente invariantes dentro de un mismo sistema sanitario territorial homogéneo como la ciudad de La Habana. Con base en evidencia clínica y epidemiológica consolidada sobre la duración media de la infección por COVID-19 en la población general (vea [8]), se establece $\gamma = 1/14$. Vectorialmente, se representará como $\vec{\gamma}^* = (\gamma, \dots, \gamma)$.

En el marco del modelo SIR, para definir rigurosamente el número reproductivo básico R_0 , se asume la introducción inicial de un solo individuo infectado en una población completamente susceptible. Este supuesto, estándar en epidemiología matemática, permite aislar el efecto de un único caso índice y caracterizar R_0 como el promedio de infecciones secundarias generadas por un individuo. Basado en lo anterior y dado que cada municipio se considera una población independiente

único infectado genera un número esperado de nuevos casos por unidad de tiempo:

$$\beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} = \beta_i,$$

y dado que la duración media de la infección en i es $1/\gamma_i$, se obtiene que el número reproductivo básico local es

$$R_{0i} = \frac{\beta_i}{\gamma_i}. \quad (9)$$

Este representa la cantidad esperada de contagios secundarios provocados por un individuo infectado en una población totalmente susceptible. Cabe recordar que si $R_{0i} > 1$ entonces $\dot{I}_i > 0$, indicando expansión epidémica, mientras que si $R_{0i} \leq 1$ la infección tiende a extinguirse.

Para construir las matrices de movilidad acopladas al modelo SIR, se emplearon datos provenientes de la distribución de trabajadores residentes en La Habana que laboran en distintos municipios de la ciudad [1]. A partir de esta información se calcularon las proporciones de individuos que residen en i y trabajan en j , denotadas z_{ij} , usándose para estimar:

$$\hat{f}_{ij} = \hat{\phi}_{ij} = \frac{z_{ij}}{\sum_{j=1}^K z_{ij}}. \quad (10)$$

En forma vectorial estas matrices se denotan como \vec{f}^* y $\vec{\phi}^*$, respectivamente.

Se asumió que toda persona que trabaja fuera de su municipio siempre retorna a su lugar de residencia; por esta razón, en el modelo SIMPLE TRIP se fijó $\hat{\tau}_{ij} = 1$, para todo $i \neq j$ con $i, j = 1, \dots, 15$. Nótese que los datos de movilidad empleados provienen exclusivamente de la población trabajadora del sector estatal. Esto excluye componentes relevantes de la movilidad urbana asociados al sector no estatal, así como los desplazamientos de carácter educativo, comercial y recreativo. Para atenuar esta limitación, se introduce un parámetro de ajuste α , el cual actúa como un factor de corrección que escala globalmente la magnitud de las tasas de movilidad, manteniendo su estructura relativa. Este parámetro se aplica a las matrices de movilidad de la forma

$$\alpha \vec{f}^*, \quad \alpha \vec{\phi}^*.$$

La incorporación de α resulta necesaria para que el modelo capture de manera más realista la intensidad de los desplazamientos intermunicipales, permitiendo así una aproximación más fiel a la dinámica epidémica observada en La Habana.

En consecuencia, para el modelo SIR+FLUX (6) se consideran sistemas de la forma

$$g_{FLUX}(\vec{\beta}, \vec{\gamma}^*, \alpha \vec{f}^*),$$

abreviados como $g_{FLUX}^*(\vec{\beta}, \alpha)$. De modo análogo, para el modelo SIR+SIMPLE TRIP se definen los sistemas:

$$g_{ST}(\vec{\beta}, \vec{\gamma}^*, \alpha \vec{\phi}^*, \vec{\tau}^*),$$

denotados compactamente como $g_{ST}^*(\vec{\beta}, \alpha)$. Se observa que estas subfamilias de modelos dependen exclusivamente de los parámetros $\vec{\beta}$ y α , a ser estimados en la siguiente sección.

Teniendo en cuenta el carácter dinámico tanto de la movilidad de las personas como de las medidas higiénico-sanitarias implementadas a lo largo de la epidemia [2], se segmentó la evolución temporal en tres etapas principales:

- **Etapla 1:** 3 de marzo de 2020 – 19 de julio de 2020,
- **Etapla 2:** 20 de julio de 2020 – 19 de noviembre de 2020,
- **Etapla 3:** 20 de noviembre de 2020 – 10 de marzo de 2021.

Esta división permitió recalibrar los parámetros de movilidad, así como los valores de β_i , en cada período. Durante la primera etapa tuvo lugar la primera ola epidémica, que concluyó tras un período con cero casos reportados. La segunda etapa abarcó la segunda ola de contagios, finalizando con la reapertura del Aeropuerto Internacional José Martí, un acontecimiento clave que marcó el inicio de la tercera etapa, correspondiente a la tercera ola en la ciudad.

Estimación de los parámetros

El objetivo principal de esta tarea es estimar los valores de las tasas de infección por municipio, β_i , junto con el parámetro de ajuste de movilidad α .

Para este fin, se emplearon los datos de casos diarios confirmados en cada municipio de La Habana durante el período de estudio, recopilados por Cuba Data [16]. Cabe señalar que los casos positivos fueron reportados según el municipio en el que se realizó el diagnóstico, independientemente del lugar de residencia real de los pacientes. No se utilizaron los datos de casos activos diarios, dado que la información publicada solo incluía el número de recuperados a nivel provincial, sin desagregación municipal. Por tanto, los datos disponibles corresponden a incidencias *reales* observadas a nivel municipal, lo que exige su comparación con las incidencias estimadas por cada uno de los modelos.

La función objetivo utilizada en la estimación de parámetros se definió de la siguiente manera:

$$h(\vec{\beta}, \alpha) = \sum_t (C_t - \tilde{C}_t)^2 = \sum_t \left(C_t - \sum_{i=1}^{15} \tilde{c}_t^i \right)^2, \quad (11)$$

donde C_t representa el número total de casos reportados en La Habana en el instante t (medido en días), \tilde{C}_t es el número total estimado por el modelo, y \tilde{c}_t^i el número de casos estimados para el municipio i en el instante t . Los valores \tilde{c}_t^i se obtienen directamente de las incidencias generadas mediante la resolución numérica de los sistemas diferenciales $g_{FLUX}^*(\vec{\beta}, \alpha)$ o $g_{ST}^*(\vec{\beta}, \alpha)$, según corresponda. En consecuencia, la función h depende únicamente de los parámetros desconocidos $\vec{\beta}$ y α , dado que los demás parámetros se fijan de antemano o provienen de los datos observados. Para la resolución numérica

se consideró $t = 0$ como condición inicial del problema de Cauchy.

Para la estimación de parámetros se aplicaron dos técnicas de optimización complementarias. En primer lugar, se utilizó *Evolución Diferencial* (DE), un algoritmo basado en principios evolutivos que explora ampliamente el espacio de soluciones [20]. Posteriormente, el resultado obtenido con DE se empleó como punto inicial para el algoritmo de *Levenberg-Marquardt* (LM), un método determinista diseñado para la exploración local y que suele alcanzar óptimos de mayor precisión cuando se dispone de una buena aproximación inicial [18].

De este modo, el proceso de estimación consta de dos pasos: (i) aplicar DE para obtener una primera solución

$$\hat{p}_1 = (\vec{\beta}^1, \alpha^1),$$

y (ii) utilizar \hat{p}_1 como condición inicial del algoritmo LM, produciendo una segunda solución

$$\hat{p}_2 = (\vec{\beta}^2, \alpha^2),$$

que se consideró como la mejor aproximación del mínimo global de (11).

Debe destacarse que el número de parámetros de movilidad en los modelos (6) y (8) crece en el orden de $O(K^2)$. Para $K = 15$ municipios, esto implicaría la estimación de aproximadamente 225 parámetros, lo que conllevaría un coste computacional excesivo y posibles problemas de identificabilidad. Por esta razón, en el presente trabajo se optó por no estimar las tasas individuales de migración, fijándolas a partir de los datos de movilidad y el factor de ajuste global α . En consecuencia, solo se estimaron los parámetros $\vec{\beta}$ y α , lo que reduce considerablemente la complejidad del problema de calibración sin perder la capacidad de capturar efectos diferenciales entre municipios. De este modo, aunque la estimación conjunta de todas las tasas de migración no se realizó por intratabilidad computacional, la heterogeneidad territorial se preserva a través de los valores diferenciados de β_i en cada municipio.

3. Resultados numéricos

Los cálculos numéricos se implementaron en Python, utilizando las librerías `numpy` y `scipy` para la manipulación matricial y la integración numérica de los sistemas de EDO mediante el método de Runge–Kutta–Fehlberg de orden 4–5. Para la optimización de parámetros se empleó el módulo `scipy.optimize`. Las simulaciones se ejecutaron en un equipo Intel Core i7-6600U a 2.60GHz con 15 GiB de memoria RAM y sistema operativo Ubuntu 22.04.

En una primera fase de experimentación, el ajuste de parámetros con Evolución Diferencial (DE) aplicado directamente a los datos no preprocesados produjo soluciones de baja calidad. Se intentó mejorar la precisión aumentando el número de generaciones del algoritmo, pero el coste computacional

se tornó excesivo. Por ello, se optó por aplicar un suavizado a los datos (media móvil) para estabilizar el proceso de optimización. Este procedimiento se justifica en que, con datos ruidosos, pueden generarse múltiples curvas ajustadas sin consistencia entre sí; con datos suavizados, en cambio, la curva óptima tiende a ser más estable y única. Una vez identificada esta aproximación inicial, se procedió a refinar el ajuste mediante Levenberg–Marquardt (LM) aplicado a los datos originales sin suavizar, evitando de este modo el sesgo que puede introducir la media móvil.

La Figura 1 muestra el resultado inicial del modelo SIR+FLUX con parámetros estimados únicamente mediante DE a partir de los datos suavizados. En la Figura 2 se presenta el ajuste refinado con LM utilizando como entrada los datos originales. En ambos casos, se reproducen las tres etapas de la epidemia, observándose dos picos epidemiológicos bien definidos alrededor de los días 338 y 412.

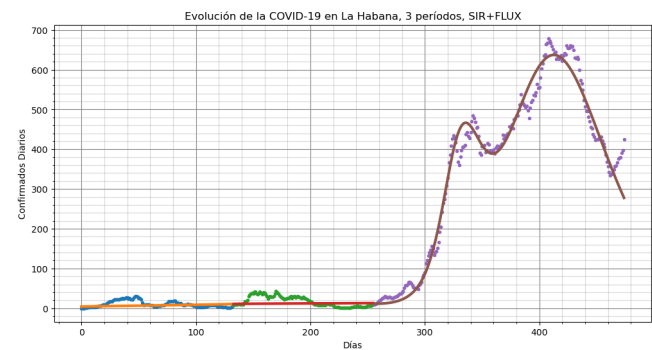


Figura 1. Ajuste inicial del modelo SIR+FLUX utilizando Evolución Diferencial y datos suavizados.

Figure 1. Initial fitting of the SIR+FLUX model using Differential Evolution and smoothed data.

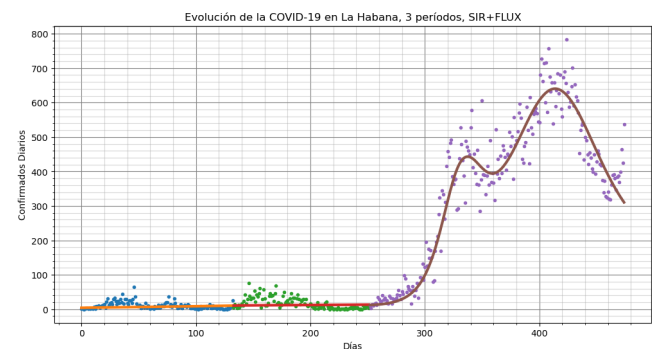


Figura 2. Ajuste refinado del modelo SIR+FLUX utilizando Levenberg–Marquardt y datos sin suavizar.

Figure 2. Refined fitting of the SIR+FLUX model using Levenberg–Marquardt and unsmoothed data.

Si bien ambas aproximaciones resultan globalmente similares, se observan diferencias sutiles en la estimación de los máximos epidémicos. El ajuste obtenido con DE parece sobreestimar los picos debido a la influencia de la media móvil en presencia de valores extremos. En efecto, entre los

días 400 y 420 aparecen dos picos artificiales en la Figura 1, asociados a valores atípicos mayores de 750 casos diarios, que no reflejan un patrón epidemiológico real. De ahí la necesidad de completar la calibración con datos sin suavizar mediante LM, obteniendo una curva más representativa de la dinámica observada (Figura 2).

Los resultados del modelo SIR+SIMPLE TRIP se muestran en las Figuras 3 y 4. Con DE aplicado a los datos suavizados (Figura 3), el ajuste captura la tendencia general, pero pierde precisión en la reproducción de picos agudos, especialmente el segundo rebrote. Con LM aplicado a los datos originales (Figura 4), el modelo se ajusta mejor a los picos en los días 338 y 412, alcanzando una mayor concordancia con la evidencia empírica. Este comportamiento confirma que, aunque los datos originales son más ruidosos, contienen información crítica que los métodos de ajuste determinista, como LM, pueden explotar eficazmente.

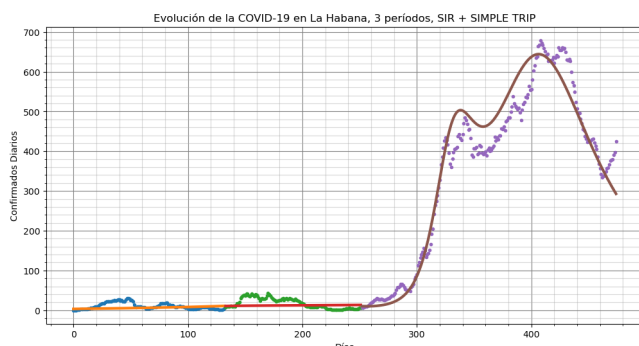


Figura 3. Ajuste inicial del modelo SIR+SIMPLE TRIP utilizando Evolución Diferencial (datos suavizados).

Figure 3. Initial fitting of the SIR+SIMPLE TRIP model using Differential Evolution (smoothed data).

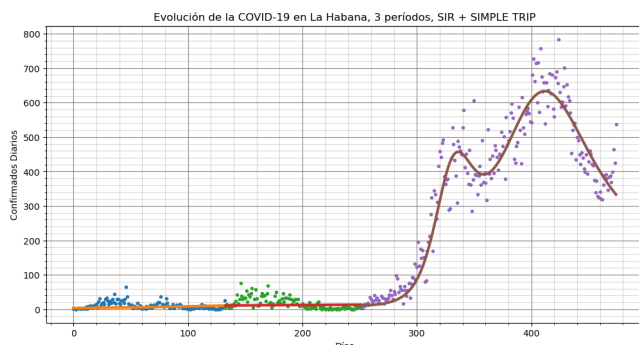


Figura 4. Ajuste refinado del modelo SIR+SIMPLE TRIP utilizando Levenberg–Marquardt (datos sin suavizar).

Figure 4. Refined fitting of the SIR+SIMPLE TRIP model using Levenberg–Marquardt (unsmoothed data).

A partir de la estimación de los parámetros β_i para cada municipio, se calcularon los valores del número reproductivo básico R_0 , en los dos enfoques de movilidad (SIR+FLUX y SIR+SIMPLE TRIP), presentados en las Tablas 1 y 2, respectivamente. En el caso del parámetro global de ajuste de

movilidad, α , el valor estimado fue de 1.0 durante las dos primeras etapas, mientras que en la tercera etapa descendió drásticamente hasta 0.0013691, lo que refleja una contracción significativa en la movilidad intermunicipal durante ese período.

El orden de los municipios en las Tablas 1 y 2 sigue el índice $i = 1, \dots, 15$, asignado según el siguiente listado: Playa (PY), Plaza de la Revolución (PR), Centro Habana (CH), La Habana Vieja (HV), Regla (RE), Habana del Este (HE), Guanabacoa (GU), San Miguel del Padrón (SM), Diez de Octubre (DO), Cerro (CE), Marianao (MA), La Lisa (LI), Boyeros (BO), Arroyo Naranjo (AN) y Cotorro (CO). Las notaciones $R_0^{(1)}$, $R_0^{(2)}$ y $R_0^{(3)}$ corresponden a los valores estimados en las etapas 1, 2 y 3, respectivamente.

Tabla 1. Estimaciones de R_0 por municipio de La Habana usando SIR+FLUX en tres etapas de la COVID-19.

Table 1. Estimates of R_0 by municipality of Havana using SIR+FLUX in three stages of COVID-19.

Municipio	$R_0^{(1)}$	$R_0^{(2)}$	$R_0^{(3)}$
PY	2.022	2.612	3.220
PR	2.068	2.646	1.581
CH	3.449	3.073	3.105
HV	2.319	2.714	3.022
RE	3.795	3.356	1.627
HE	5.371	4.850	4.191
GU	5.264	4.647	2.036
SM	5.131	4.448	3.011
DO	5.485	4.785	4.361
CE	3.277	3.192	2.779
MA	3.622	3.161	3.591
LI	5.123	4.255	3.721
BO	2.755	2.856	3.595
AN	4.212	3.753	3.555
CO	5.211	4.591	1.606

4. Discusión de los Resultados

Los resultados obtenidos ponen de relieve la utilidad de los modelos metapoblacionales al capturar los patrones de propagación de la COVID-19 en un contexto urbano complejo como La Habana. En la figura 5 se muestra el comportamiento de cada modelo en cada una de las tres etapas. En ella el SIR+SIMPLE TRIP aparece representado con la línea discontinua roja mientras que el SIR+FLUX se representa con la línea continua azul. La comparación con los datos reales de nuevos casos reportados (puntos verdes en la figura 5) revela que tanto el modelo SIR+FLUX como el modelo SIR+SIMPLE TRIP reproducen con aceptable precisión la dinámica epidémica observada. En particular, ambos enfoques capturan el período de baja incidencia inicial (etapas 1 y 2), el crecimiento acelerado posterior (etapa 3) y la aparición de picos sucesivos en el número de casos reportados. Aunque las diferencias entre las dos variantes son marginales, se observa

Tabla 2. Estimaciones de R_0 por municipio de La Habana usando SIR+SIMPLE TRIP en tres etapas de la COVID-19.

Table 2. Estimates of R_0 by municipality of Havana using SIR+SIMPLE TRIP in three stages of COVID-19.

Municipio	$R_0^{(1)}$	$R_0^{(2)}$	$R_0^{(3)}$
PY	3.043	2.727	1.369
PR	3.045	2.753	1.872
CH	3.141	3.137	3.087
HV	3.079	2.845	3.063
RE	3.163	3.149	3.642
HE	3.175	3.232	1.976
GU	3.213	3.401	2.596
SM	3.224	3.487	2.481
DO	3.205	3.454	4.450
CE	3.109	2.960	3.328
MA	3.162	3.222	1.726
LI	3.223	3.613	3.125
BO	3.103	2.934	3.634
AN	3.168	3.206	3.060
CO	3.225	3.491	3.648

que el modelo SIR+SIMPLE TRIP ajusta con mayor fidelidad tanto el primer pico epidémico entre los días 320 y 340 como la segunda cresta de la curva entre los días 400 y 420.

La adaptación ligeramente más precisa a los datos observados del modelo SIR+SIMPLE TRIP refleja de manera más realista la movilidad intermunicipal cotidiana de La Habana, caracterizada por viajes frecuentes y de corta duración, principalmente asociados a motivos laborales y educativos.

Por su parte, el modelo SIR+FLUX, aunque también proporciona un ajuste global satisfactorio, demuestra limitaciones evidenciadas en valores de R_0 más elevados durante las dos primeras etapas de la epidemia (vea tablas 1 y 2). Al asumir migraciones indefinidas, este enfoque tiende a sobrerrepresentar la permanencia de individuos fuera de su municipio de origen, generando una dispersión espacial del contagio poco consistente con la estructura real de la movilidad habanera.

Como se explicó anteriormente el algoritmo de estimación de parámetros empleado se divide, para cada modelo, en una exploración inicial global del espacio de búsqueda mediante DE seguida de una exploración local mediante LM. En el caso de SIR+FLUX el algoritmo de DE tomó 25.77 minutos de tiempo de ejecución y el LM consecutivo 1.5 minutos. Para SIR+SIMPLE TRIP los tiempos respectivos fueron de 35.48 y 5.66 minutos respectivamente. Estos resultados son consistentes con las dimensiones de los respectivos sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.

El análisis de los valores municipales de R_0 (Tablas 1 y 2) reveló patrones diferentes entre municipios a lo largo de las tres etapas. Municipios como Diez de Octubre, Arroyo Naranjo y Boyeros, que lideraron los reportes de casos reportados, exhibieron consistentemente valores más altos de R_0 , en concordancia con la elevada densidad de población y el peso de sus flujos laborales. En cambio, Regla y Cotorro, así

como Plaza de la Revolución en la última etapa, mostraron valores más bajos, coherentes con su menor nivel de casos diarios reportados. No obstante, algunos patrones resultan más complejos: Playa, con menor densidad poblacional que Plaza de la Revolución, tuvo valores de R_0 más altos y se ubicó entre los municipios con mayor afectación, lo que se explica por la recepción de flujos intensos de trabajadores procedentes de Marianao, La Lisa y Boyeros, todos con altas incidencias. De forma semejante, la elevada exposición de La Habana del Este frente a la menor de Guanabacoa puede entenderse como resultado de flujos laborales asimétricos entre ambos municipios.

Pese a estos hallazgos, es necesario interpretar con cautela los R_0 municipales. Las discrepancias observadas entre los valores de R_0 obtenidos con FLUX y SIMPLE TRIP durante la tercera etapa, que alcanzaron diferencias de hasta dos unidades en algunos municipios, señalan limitaciones en la validez del ajuste a escala local. En particular, mientras que SIMPLE TRIP subestimó los casos en Plaza de la Revolución y sobrestimó en Marianao (Figuras 6 y 7), FLUX tendió a dispersar la transmisión de forma más generalizada. Esto confirma la necesidad de ajustes paramétricos y validaciones más finas a nivel municipal, basadas en datos epidemiológicos y de movilidad desagregados.

En perspectiva crítica, ambos enfoques son útiles y complementarios: aunque FLUX logra un ajuste general adecuado, su fundamento metodológico lo vuelve más apropiado para migraciones a largo plazo o desplazamientos interprovinciales, mientras que SIMPLE TRIP representa mejor la dinámica intermunicipal habanera, caracterizada por viajes recurrentes de retorno asegurado. La reducción significativa del parámetro α en la tercera etapa refuerza esta idea, evidenciando la fuerte disminución de la movilidad cotidiana asociada a medidas de aislamiento social.

Estos resultados recalcan que el potencial predictivo de los modelos depende no solo de su estructura matemática, sino también de la calidad y granularidad de los datos empleados. El uso de una función de costo que considere explícitamente las incidencias municipales como

$$h(\vec{\beta}, \alpha) = \sum_t \sum_{i=1}^{15} (c_t^i - \tilde{c}_t^i)^2. \tag{12}$$

presenta un camino prometedor, aunque con costes computacionales mayores, requiriendo bases de datos más detalladas sobre movilidad y recuperación por territorio. En última instancia, el principal desafío radica en equilibrar la complejidad del modelo con la disponibilidad y fiabilidad de los datos. Avanzar hacia este balance permitiría desarrollar herramientas más precisas y operativas para orientar la toma de decisiones sanitarias en escenarios epidémicos urbanos.

Es evidente que el modelo metapoblacional ofrece una ventaja significativa al permitir la modificación de parámetros asociados a la heterogeneidad poblacional para evaluar de forma precisa su impacto sobre la dinámica de propagación epidémica. Por ejemplo, variaciones controladas del pará-

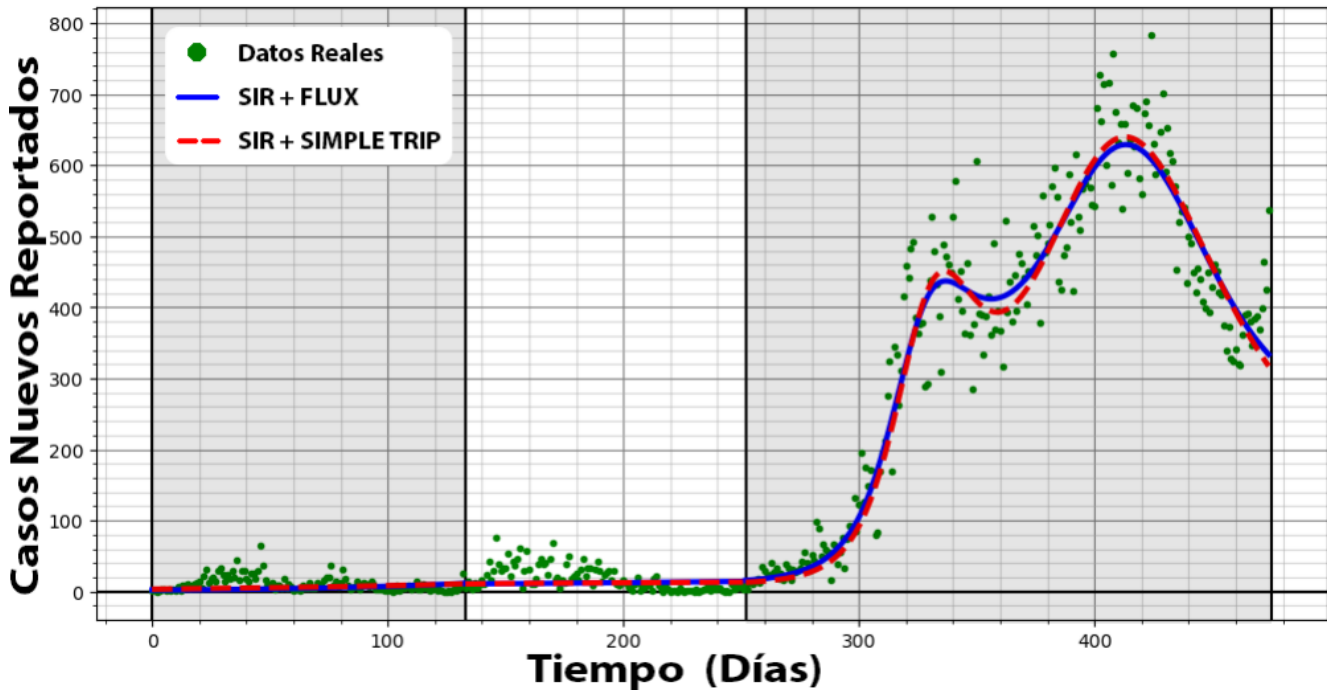


Figura 5. Ajuste de los modelos SIR+FLUX y SIR+SIMPLE TRIP con la epidemia de la COVID-19 en La Habana.
Figure 5. Fitting of the SIR+FLUX and SIR+SIMPLE TRIP models to the COVID-19 epidemic in Havana.

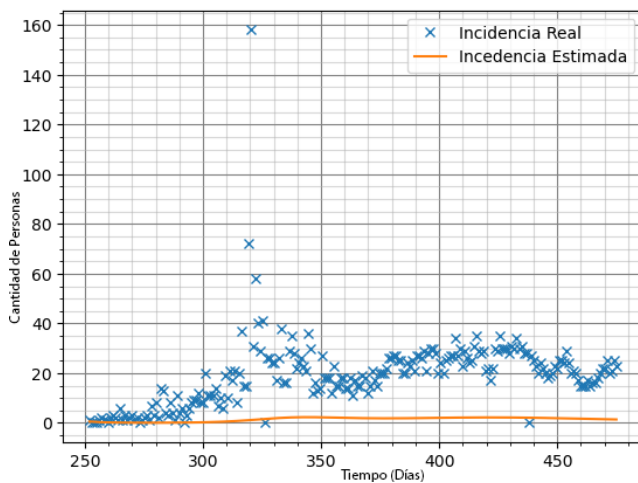


Figura 6. Incidencia real y estimada en Plaza de la Revolución con SIR+SIMPLE TRIP.
Figure 6. Actual and estimated incidence in Plaza de la Revolución using SIR+SIMPLE TRIP.

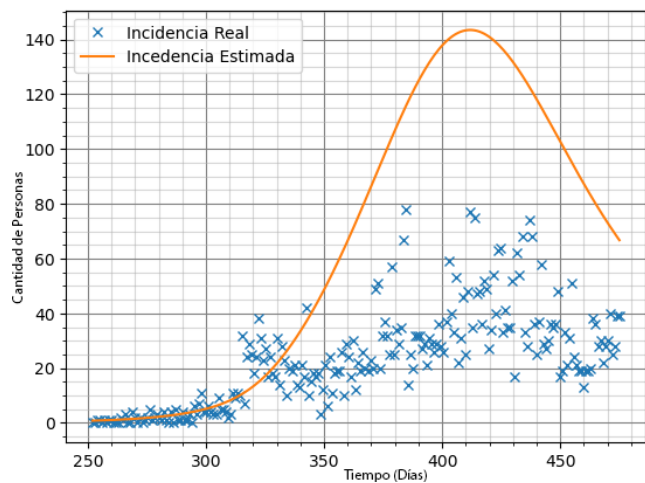


Figura 7. Incidencia real y estimada en Marianao con SIR+SIMPLE TRIP.
Figure 7. Actual and estimated incidence in Marianao using SIR+SIMPLE TRIP.

metro α , asociado a las restricciones de movilidad, pueden vincularse directamente con medidas sanitarias concretas. En este contexto, un análisis sistemático de la sensibilidad paramétrica³ de los modelos representa una línea prometedora de investigación.

³Estudio que se realiza sobre un modelo matemático para determinar la influencia de cada parámetro del mismo en el resultado del modelo

Agradecimientos

Los autores agradecen al proyecto PN223LH010-042 “Nuevas aproximaciones en la modelación dinámica de enfermedades”.

Conflictos de interés

Los autores declaran que la investigación se llevó a cabo en ausencia de cualquier relación comercial o financiera que pudiera interpretarse como un posible conflicto de intereses.

Contribución de autoría

Conceptualización J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Curación de datos J.A.M.Ch., L.D.G.M.

Análisis formal L.D.G.M.

Investigación J.A.M.Ch., L.D.G.M.

Metodología J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Administración de proyecto J.A.M.Ch.

Recursos J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Software L.D.G.M.

Supervisión J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Validación L.D.G.M., J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Visualización L.D.G.M., J.A.M.Ch., A.M.L.M.

Redacción: preparación del borrador original L.D.G.M.

Redacción: revisión y edición A.M.L.M., L.D.G.M., J.A.M.Ch.

Referencias

- [1] Aja Díaz, A., A. García Rodríguez y M. Orbea López: *COVID-19, migración externa y desplazamientos territoriales en Cuba, una mirada diferente a la población residente en la capital del país*. *Novedades en población*, 16(32):46–83, 2020.
- [2] Almeida, Y. y E. Guerra: *12 Meses de Covid-19*, 2021. <https://covid19cubadata.github.io/12-meses-de-covid19/>.
- [3] Calvetti, D., A. Hoover, J. Rose y E. Somersalo: *Metapopulation network models for understanding, predicting and managing the coronavirus disease COVID 19*, 2020. <https://arxiv.org/abs/2005.06137v2>.
- [4] Citron, D.T., C.A. Guerra, A.J. Dolgert, S.L. Wu, J.M. Henry, H.M. Sánchez y D.L. Smith: *Comparing metapopulation dynamics of infectious diseases under different models of human movement*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(18), 2021.
- [5] Coletti, P., P. Libin, O. Petrof, L. Willem, S. Abrams, S.A. Herzog, Ch. Faes, E. Kuylen, J. Wambua, P. Beutels y N. Hens: *A data-driven metapopulation model for the Belgian COVID-19 epidemic: assessing the impact of lockdown and exit strategies*. *BMC Infectious Diseases*, 21(1):503, 2021.
- [6] Colizza, V. y A. Vespignani: *Epidemic modeling in metapopulation systems with heterogeneous coupling pattern: theory and simulations*. *Journal for Theoretical Biology*, 251(3):450–467, 2008.
- [7] Guinovart-Díaz, R., W Morales-Lezca, I.A. Abelló-Ugalde y J.V. Vidal-Ledo: *Un modelo matemático explica la necesidad de la protección para vencer la COVID-19*. *INFODIR*, 2020.
- [8] Guinovart Sanjuán, D., R. Guinovart-Díaz, K. Vajravelu, W. Morales-Lezca y I.A. Abelló-Ugalde: *Multi-population analysis of the Cuban SARS-CoV-2 epidemic transmission before and during the vaccination process*. *Phys. Fluids*, 33, 2021.
- [9] Kermack, William Ogilvy y Anderson G. McKendrick: *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*. *Proc. R. Soc. Lond. Ser. A*, 115(772):700–721, 1927.
- [10] Kisselev, Petr y Padmanabhan Seshaiyer: *Modeling COVID 19 spread in the USA using metapopulation SIR models coupled with graph convolutional neural network*, 2025. <https://arxiv.org/abs/2501.02043v1>.
- [11] Levins, Richard: *Some Demographic and Genetic Consequences of Environmental Heterogeneity for Biological Control*. *Bulletin of the Entomological Society of America*, 15(3):237–240, 1969.
- [12] Lipshtat, A., R. Alimi y Y. Ben-Horin: *Commuting in metapopulation epidemic modeling*. *Scientific Reports*, 11(1):15198, 2021.
- [13] Martcheva, M.: *An introduction to mathematical epidemiology*. Springer, 2015.
- [14] Menció Padrón, D., G. Bayolo Soler y A. Marrero Severo: *Análisis de Modelo Matemático con percepción de riesgo para la COVID 19. Resultados para Cuba*. *Revista Cubana de Informática Médica*, 12(2), 2020.
- [15] Mesejo-Chiong, J.A. y A.M. León-Mecías: *Modelos fenomenológicos aplicados al estudio de la COVID-19 en Cuba*. *Ciencias Matemáticas*, 34(1):19–32, 2020.
- [16] MINSAP, Cuba: *Datos de Cuba de casos confirmados durante la Covid-19*, 2021. <https://covid19cubadata.github.io/data/covid19-cuba.json>.
- [17] Montero, M.: *Un modelo multinivel para la predicción del total de casos confirmados de COVID-19 en Cuba: comparación con otros países*. *Ciencias Matemáticas*, 34(1):129–136, 2020.
- [18] Moré, J.J.: *The Levenberg-Marquardt algorithm: Implementation and theory*. En Watson, G. A. (editor): *Numerical Analysis*, páginas 105–116. Springer Berlin Heidelberg, 1978, ISBN 978-3-540-35972-2.
- [19] Prades Escobar, E. y D. Marín Sánchez: *Modelos estadísticos para las predicciones de la COVID-19 en Cuba*. *Revista Cubana de Higiene y Epidemiología*, 57(e303), 2020.

- [20] Price, K., R. M. Storn y J. A. Lampinen: *Differential evolution: A practical approach to global optimization*. Springer Science and Business Media, 2006.
- [21] Rapaport, A. y I. Mimouni: *The role of permanently resident populations in the two-patches SIR model with commuters*. *Bulletin of Mathematical Biology*, 85(1):3, 2023.
- [22] Rapti, Z., J. Cuevas-Maraver, E. Kontou, S. Liu, Y. Drosinos, P.G. Kevrekidis, M. Barmann, Q.Y. Chen y G.A. Kevrekidis: *The Role of Mobility in the Dynamics of the COVID-19 Epidemic in Andalusia*. *Bulletin of Mathematical Biology*, 85(6):84, 2023.
- [23] Rhodes, O.E., R.K. Chesser y M.H. Smith: *Population dynamics in ecological space and time*. University of Chicago Press, 1996.
- [24] Wang, Lin y Xiang Li: *Spatial epidemiology of networked metapopulation: an overview*. *Chinese Science Bulletin*, 59(28):3511–3522, 2014.

