

**UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR.
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA.
ESCUELA DE MATEMÁTICA**



TRABAJO DE GRADUACIÓN:

“MODELOS EPIDEMIOLOGICOS DETERMINISTICOS”

PRESENTADO POR:

Br. ANA BEATRIZ VALDEZ ÁLVAREZ

PARA OPTAR AL TÍTULO DE:

LICENCIADA EN MATEMÁTICA OPCIÓN ALGEBRA Y ANÁLISIS.

ASESORES:

Lic. MAURICIO HERNAN LOVO CORDOBA

Ms. MARTÍN ENRIQUE GUERRA

CIUDAD UNIVERSITARIA, 18 DE JUNIO DE 2006.

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR
Autoridades Universitarias 2003-2007

Dra. María Isabel Rodríguez
RECTORA

Ing. Agr. Joaquín Orlando Machuca
VICERRECTOR ACADEMICO

Licda. Carmen Rodríguez de Rivas
VICERRECTORA ADMINISTRATIVA

Licda. Margarita Muñoz
SECRETARIA GENERAL

Lic. Pedro Rosalío Escobar Castaneda
FISCAL GENERAL

Lic. Nelson Boanerges Carrillo
DEFENSOR DE LOS DERECHOS UNIVERSITARIOS

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

Msc. Héctor Elías
DECANO

Msc. Francisco Antonio Chicas
VICEDECANO

Lic. Mauricio Hernán Lovo
DIRECTOR DE ESCUELA DE MATEMÁTICA

**UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR.
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA.
ESCUELA DE MATEMATICA**

TRABAJO DE GRADUACIÓN:

“MODELOS EPIDEMIOLOGICOS DETERMINISTICOS”

PRESENTADO POR:

BR. ANA BEATRIZ VALDEZ ALVAREZ

PARA OPTAR POR EL TITULO DE:

LICENCIADA EN MATEMÁTICA OPCIÓN ALGEBRA Y ANÁLISIS.

ASESORES:

Lic. MAURICIO HERNAN LOVO CORDOBA : _____

Ms. MARTÍN ENRIQUE GUERRA : _____

AGRADECIMIENTOS

Primeramente doy gracias a Dios todopoderoso por haberme permitido culminar mis estudios de manera satisfactoria. A mi familia, a mi padre Miguel Ángel Valdez, a mi madre Francisca de Valdez y a mis hermanos: Miguel, Sergio y Verónica por darme todo su apoyo incondicionalmente cuando más lo necesitaba para con Ester Beatriz y su padre.

Al Dr. Mauricio Hernán Lovo Córdova director de la escuela de matemática y asesor, al Msc. Martín Enrique Guerra profesor de la escuela de matemática y asesor adjunto. Al Dr. Ricardo Cortéz, profesor del departamento de matemática de la Universidad de Tulane, USA por el interés mostrado durante el desarrollo de la investigación.

A los encargados del Centro de Cómputo de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Balmore Barrientos y Edwin Oliva por apoyarme con el préstamo de equipo y software. A mis dos amigas Rubidia García y Sonia Sorto por el préstamo de equipo de impresión. Al Lic. Marco Antonio Ayala por el asesoramiento en programación de MATLAB y al Lic. Américo Mejía por su gran colaboración.

INDICE DE CONTENIDOS

<i>INDICE DE CONTENIDOS</i>	<i>v</i>
<i>INDICE DE TABLAS</i>	<i>vii</i>
<i>INDICE DE FIGURAS</i>	<i>viii</i>
<i>PRESENTACION</i>	<i>ix</i>
<i>INTRODUCCION</i>	<i>x</i>
<i>Capitulo 1 EL DESARROLLO Y ESTRUCTURA DE MODELOS DE POBLACIÓN, BIOLOGÍA Y EPIDEMIOLOGÍA (Modelos Clásicos).</i>	<i>1</i>
1.1 Antecedentes Históricos.	1
1.2 Un Modelo Epidémico que Produce Inmunidad	9
1.3 Modelo para Enfermedades que no Producen Inmunidad	17
1.4 Modelos con Efectos Demográficos.	19
1.5 La Enfermedad Como Un Control Demográfico.	33
<i>Capitulo 2 HERRAMIENTAS BÁSICA PARA TRATAR CON ECUACIONES DIFERENCIALES Y SISTEMAS DINÁMICOS.</i>	<i>38</i>
2.1 Ecuaciones Diferenciales Ordinarias y Operadores Diferenciales.	38
2.1.1 Ejemplos de Ecuaciones Diferenciales Simples.	39
2.1.2 Campos Direccionales	43
2.1.3 Ecuaciones no Lineales	45
2.1.4 Sistemas de Ecuaciones de Primer Orden	46
2.1.5 Linearización ó Primera Aproximación.	49
2.1.6 Plano Fase y Puntos de Equilibrio.	50
2.2 Teoría de Perturbación para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias.	52
2.3 Aproximación a Soluciones Usando Métodos Numéricos	54
2.3.1 Método de Euler	55
2.3.2 Método de Euler Modificado.	56
2.3.3 Método de Taylor (orden 2)	57
Un Ejemplo Usando los Tres Métodos	58
2.4 Análisis del Error	60
2.5 Examinación Numérica del Orden de Exactitud.	62

2.6	El Método de Runge Kutta _____	65
Capítulo 3 MÉTODOS BÁSICOS PARA EL DESARROLLO DE MODELOS DETERMINÍSTICOS EN EL AREA DE BIOLOGIA Y EPIDEMIOLOGIA. _____		68
3.1	Las Ecuaciones de Lotka Volterra _____	68
3.2	Equilibrio y Linearización _____	72
3.3	Comportamiento Cualitativo de Soluciones de un Sistema Lineal _____	78
3.4	Soluciones Periódicas y Ciclos Límites _____	91
Capítulo 4 MODELO MATEMATICO DE PREDICCIÓN DE LA ENFERMEDAD DEL DENGUE _____		98
4.1	Formulación del Modelo _____	98
4.1.1	Notación: _____	98
4.2	Suposiciones y Parámetros _____	98
4.3	El Modelo _____	100
4.4	Puntos de Equilibrio. _____	101
4.5	Análisis y Estabilidad. _____	105
4.6	Discusión _____	121
4.7	Resultados _____	123
GLOSARIO DE SIMBOLOS _____		127
GLOSARIO DE TERMINOS _____		128
REFERENCIAS _____		134
ANEXOS _____		136

INDICE DE TABLAS

Tabla 1: Muestra el error en los tres métodos numéricos para diferentes unidades de tiempo.	63
Tabla 2: Muestra los errores en los métodos numéricos incluyendo RK4 para tres diferentes unidades de tiempo τ	66
Tabla 3: Muestra el valor de algunos parámetros utilizados en el modelo del dengue ..	124
Tabla 4: Muestra como varía el equilibrio endémico al considerar diferentes valores para λ_2	124

INDICE DE FIGURAS

Figura 1: Muestra el campo direccional de $y'(t) = y^2 / (1 + t^2 + y^2)$.	43
Figura 2: Muestra el campo direccional de la ecuación diferencial $y' = x - y$.	44
Figura 3: Muestra que la ecuación diferencial posee una solución lineal pero también hay otra solución parabólica.	45
Figura 4: La figura de la izquierda muestra $x(t)$ y $y(t)$ como funciones de t , y el grafico de la derecha muestra el campo direccional en el plano fase.	47
Figura 5: Muestra la solución del sistema no lineal autónomo junto al plano fase	48
Figura 6: Muestra los dos puntos de equilibrio del sistema no lineal autónomo.	51
Figura 7: Muestra la solución exacta y las aproximaciones a la ecuación diferencial a través de los tres métodos estudiados.	59
Figura 8: La población máxima de la presa viene en un cuarto de un ciclo ante la población depredadora máxima	71
Figura 9: El grafico de la izquierda muestra el retrato fase del sistema (i) y el de la derecha muestra su Campo Direccional.	80
Figura 10: Muestra el campo direccional cuando $\lambda > \mu > 0$	80
Figura 11: El grafico de la izquierda muestra el retrato fase del sistema (ii) y el de la derecha su respectivo campo direccional.	81
Figura 12: Muestra el campo direccional cuando $\lambda > 0$	81
Figura 13: Muestra el retrato fase del sistema (iii)	82
Figura 14: Muestra el comportamiento del sistema (iv)	83
Figura 15: Muestra el campo direccional del sistema (iv) cuando $\lambda > 0 > \mu$	83
Figura 16: Muestra el campo direccional del sistema (iv) cuando $\lambda < 0 < \mu$	84
Figura 17: Muestra que las soluciones son periódicas son círculos cuando $\beta > 0$.	84
Figura 18: Muestra que los radios del circulo disminuyen si $\beta > 0$	85
Figura 19: Muestra que los radios del circulo aumentan si $\beta < 0$	86
Figura 20: Muestra el desplazamiento de una separatrix	93
Figura 21: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.5.	125
Figura 22: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.7.	125
Figura 23: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.8.	126
Figura 24: Muestra la estabilidad local del punto de endémico.	126

PRESENTACION

Debido a la gran variedad de fenómenos naturales o enfermedades epidemiológicas existentes, resultan insuficientes los conocimientos que se tienen acerca de esto, incluso con la experiencia acumulada a través de los años. Se pretende la implementación de modelos matemáticos que faciliten la comprensión del comportamiento de este tipo de fenómeno. Por lo tanto el objeto de estudio del presente documento permite sentar la base teórica de los Modelos Matemáticos Epidemiológicos Determinísticos.

En el primer capítulo comprende el desarrollo de modelos de población, biología y epidemiología; una breve historia de las principales epidemias en la antigüedad y en los tiempos medievales que se han dado en el mundo, también el origen de la matemática epidemiológica desde los tiempos de Aristóteles. Además la estructura de los modelos *SIR* y *SIS* propuestos por Kermack y McKendrick en 1927 y 1932. En el segundo capítulo se describen las herramientas básicas para trabajar con ecuaciones diferenciales y sistemas dinámicos. Como resolver una ecuación diferencial construyendo su respectivo campo direccional. Y como aproximarse a una solución usando métodos numéricos. En el capítulo tres se estudian el sistema depredador-presa de Lotka Volterra. La utilidad de una linealización de equilibrios para modelos continuos en los que interactúan recíprocamente dos poblaciones. La definición de equilibrio, equilibrio estable, inestable y asintóticamente estable, de la matriz comunidad, además realizara un análisis de varias posibilidades de comportamiento de la solución de un sistema lineal homogéneo bidimensional con coeficientes constantes. La naturaleza de orbitas cerca de un equilibrio en términos del determinante y la traza de una matriz. En el capítulo cuatro se hace la formulación y la representación esquemática del modelo matemático de predicción de la enfermedad del dengue en correspondencia con la unidad de investigación epidemiológica del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. En dicho capítulo se

resuelve el sistema de ecuaciones diferenciales asociado y se analiza la estabilidad de los puntos de equilibrios, ilustrando los resultados con una simulación realizada usando el programa de MATLAB

INTRODUCCION

Los logros de la investigación médica en las mejoras de condiciones de vida en términos de vacunas y antibióticos se dan a partir de la segunda mitad del siglo XX. Las enfermedades infecciosas causan el sufrimiento y la mortalidad principalmente en países en vía de desarrollo. La malaria, la fiebre amarilla, el SIDA, el Ebola y otros nombres habrán marcado la memoria de la humanidad. Entre estas enfermedades, la fiebre del dengue es conocida hasta en el Sudeste de Asia y barre el mundo, golpeando países con climas tropicales y calientes.

Hasta ahora la deterioración del ambiente, los cambios climáticos, el hábita antihigiénico, la pobreza y la desenfrenada urbanización son factores favorables a la propagación de enfermedades infecciosas en general y la fiebre del dengue en particular. Durante las últimas décadas el predominio global del dengue progresó dramáticamente. La enfermedad es ahora endémica en más de 100 países de África y América. El Sudeste de Asia y el Pacífico Occidental se ven afectados por la enfermedad. En 1970, sólo nueve países habían conocido la epidemia de la fiebre del Dengue Clásico pero este número se cuadruplicado en 1995 y aproximadamente 2500 millones de personas se exponen a actualmente. Según las evaluaciones presentes de la Organización de la Salud Mundial (*OSM*), aproximadamente 50 millones de casos de dengue ocurren en el mundo todos los años, con tendencia a aumentar. En el continente Americano solo en 1998, se tenían más de 616, 000 casos de dengue. En 2001 había 400,000 casos de dengue hemorrágico en el Sudeste de Asia, considerando que, en Río de Janeiro solo 500, 000 personas estaban infectadas

La manera de expresar un fenómeno real de forma matemática es como un sistema de Ecuaciones Diferenciales y las soluciones de dicho sistema nos permite predecir el comportamiento del sistema bajo estudio, que en realidad se tratara del comportamiento de dicho fenómeno. Es por esto que el modelaje matemático en epidemiología provee conocimiento de los principales mecanismos que influyen en la dispersión de una enfermedad y en el proceso se sugieren estrategias de control.

Un modelo constituye una representación abstracta de cierto aspecto de la realidad. En particular un modelo matemático es un tipo de modelo basado en la lógica matemática cuyos elementos son esencialmente variables y funciones, y sus interrelaciones viene expresadas a través de relaciones matemáticas como ecuaciones, inecuaciones u operadores lógicas, en correspondencia con el fenómeno representado.

Se dice que un Modelo Matemático de un determinado fenómeno es bueno si predice o simula con cierta precisión algunos de los comportamientos de dicho fenómeno. Además, se tratar de encontrar estructuras matemáticas que sirvan de modelo común a diversos fenómenos que comparten algún elemento o variable en común.

Los logros de la investigación médica en las mejoras de condiciones de vida en términos de vacunas y antibióticos se dan a partir de la segunda mitad del siglo XX. Las enfermedades infecciosas causan el sufrimiento y la mortalidad principalmente en países en vía de desarrollo. La malaria, la fiebre amarilla, el SIDA, el Ebola y otros nombres habrán marcado la memoria de la humanidad. Entre estas enfermedades, la fiebre del dengue es conocida hasta en el Sudeste de Asia y barre el mundo, golpeando países con climas tropicales y calientes.

Los modelos matemáticos encontrados en la literatura proponen la dinámica del compartamental con Susceptible, Infectado y Recuperado (inmunizó). En particular, los modelos *SIRS* con sólo un virus o dos virus que actúan simultáneamente.

Capítulo 1

EL DESARROLLO Y ESTRUCTURA DE MODELOS DE POBLACIÓN, BIOLOGÍA Y EPIDEMIOLOGÍA (Modelos Clásicos).

1.1 Antecedentes Históricos.

La idea de criaturas vivas invisibles como agentes de enfermedades se remonta al menos a los escritos de Aristóteles (384 AC-322 AC). El libro del Éxodo describe las plagas que Moisés desató sobre Egipto, y existen muchas otras descripciones bíblicas sobre brotes epidémicos. En las descripciones de epidemias en la antigüedad y en los tiempos medievales frecuentemente se utilizó el término “plaga” por que lo que en general se creía que las epidemias representaban un castigo divino a una vida pecaminosa. Tales puntos de vista a menudo han sido amparados en los intentos por controlar las epidemias.

El historiador W.H McNeill argumenta, especialmente en su libro “*Plagues and People* (1976)” que la dispersión de enfermedades contagiosas frecuentemente han sido de importancia en la historia. Por ejemplo, hubo un crecimiento de la población a través de todo el mundo en siglo XVIII; la población de china se incremento de 150 millones en 1760 a 313 millones en 1794 y la población de Europa se incremento de 118 millones en 1700 a 187 millones en 1800. Hay muchos factores involucrados en este crecimiento, incluyendo cambios en la edad para casarse y mejoras tecnológicas que condujeron a un incremento en la disponibilidad de comida, pero estos factores no son suficientes para explicar ese incremento. Estudios demográficos indican que una explicación satisfactoria requiere el reconocimiento de una disminución en la mortalidad causada por epidemias infecciosas periódicas. Este descenso vino junto con mejoras en la medicina, pero una influencia más importante fue probablemente el hecho de que más personas desarrollaron

inmunidad contra las infecciones como el aumento de viajes que intensificaron tanto la circulación de las enfermedades.

Existen muchas referencias bíblicas a enfermedades como influencias históricas, tal como la decisión de Sennacherib, rey de Asiría, quien abandono su intento por capturar Jerusalén alrededor del 700 A.C. debido a las enfermedades de sus soldados (Isaías 37,36-38); La caída de los imperios ha sido atribuida directa o indirectamente a enfermedades epidemiológicas. En el siglo II D.C. las llamadas plagas Antonine (posiblemente sarampión o viruela) invadieron el imperio romano, causando reducciones drásticas en la población y problemas económicos los cuales condujeron a la desintegración del imperio debido a la desorganización, la cual facilito la invasión de los bárbaros. El imperio HAN en china colapso en el siglo III D.C. después de una secuencia de eventos similares a los descritos anteriormente. La derrota de una población de millones de aztecas por Cortéz y sus 600 seguidores puede ser explicada, en parte, por una epidemia de viruela que devasto a los aztecas la cual no tuvo mayor efecto sobre los españoles invasores gracias a su inmunidad hacia esa enfermedad. Los aztecas no solo estaban debilitados por esa enfermedad sino también confundidos por que ellos la interpretaban como una fuerza divina que favorecía a los invasores.

La viruela fue conducida hacia el Sur a los incas en el Perú y fue un factor importante en el éxito de la invasión de Pizarro pocos años después. La viruela fue seguida por otras enfermedades como el sarampión y la difteria importadas de Europa a Norte América. En algunas regiones, las poblaciones indígenas fueron reducidas hasta un décimo de sus niveles originales. Entre 1519 y 1530 la población indígena de México fue reducida de 30 millones a 3 millones. La muerte negra (peste bubónica) se disperso desde Asia hasta Europa en varias oleadas durante el siglo XIV, empezando en 1346, y se estima que causo la muerte de al menos 1/3 de la población de Europa entre 1346 y 1350. La enfermedad se repitió regularmente en varias partes de Europa por más de 300 años, notablemente como la Gran Plaga de Londres de 1665-1666. Gradualmente esto se fue

retirando de Europa. Cuando la plaga golpeo severamente algunas regiones mientras otros la evitaban, tuvo un profundo efecto en el desarrollo político y económico en los tiempos medievales. En la ultima epidemia de peste bubónica en Francia (1720-1722), la mitad de la población de Marsella, el 60% de la población en las cercanías de Tulón, el 44% de la población de Arles y el 30% de la población de Aix y Avignon murieron, pero la epidemia no se extendió mas allá de Provence. Explicaciones e interpretaciones de estos hechos históricos pueden ser encontrados en McNeill (1976), la cual fue la fuente primaria respecto a la historia sobre la dispersión y efectos de las enfermedades.

Los ejemplos anteriores describen el *súbito* y dramático impacto que las enfermedades tuvieron en la demografía de las poblaciones humanas vía la introducción de enfermedades mortales. Si se consideran los roles combinados de las enfermedades, guerras, y desastres naturales sobre las proporciones de mortalidad, se puede concluir que *históricamente* los humanos que están mas propensos a sobrevivir y reproducirse son aquellos que tiene un buen sistema inmunológico, propensos para abolir guerras, desastres e incluso tener hoy en día un excelente cuidado medico y/o prevención de las enfermedades. Hay muchas preguntas de interés para los médicos de la salud pública con respecto a posibles epidemias. Por ejemplo, ¿Qué tan severa será una epidemia?, ¿Cuál es el número máximo de personas que necesitaran cuidado en un tiempo particular?, ¿Cuanto durará la epidemia?, ¿Qué tan buena debería ser la cuarentena para reducir la severidad de la epidemia?

Para enfermedades que son endémicas en ciertas regiones, los médicos de salud pública necesitan poder estimar el número de infectados en un tiempo dado así como la proporción a la que se dan las nuevas infecciones. Los efectos de una cuarentena o de vacunas en reducir el número de victimas son de suma importancia, en el tratamiento de las epidemias. Además, la posibilidad de vencer la naturaleza endémica de una enfermedad y de esta manera controlar la enfermedad en una población es digno de estudio. ¿Como pueden ser respondidas tales preguntas? Usualmente los experimentos

científicos son diseñados para obtener información y probar hipótesis. Los experimentos en epidemiología con controles son a menudo difíciles o imposibles de diseñar y aún cuando es posible diseñar un experimento que involucre un serio cuestionamiento ético en el tratamiento del grupo de control. Algunas veces los datos pueden ser obtenidos de reportes de epidemias o de los niveles de enfermedades endémicas, pero los datos pueden ser incompletos o inexactos. Además, los datos pueden contener suficientes irregularidades para crear serios cuestionamientos en su interpretación tal como el clima donde es evidente que tiene un comportamiento caótico [Ellener, Gallart y Theiler (1995)]. Por lo tanto la estimación de parámetros y el ajuste del modelo son muy difíciles. Estos tópicos nos conducen a la pregunta que si el modelaje matemático en epidemiología es de valor.

El modelaje matemático en epidemiología proporciona conocimientos de los principales mecanismos que influyen en la dispersión de una enfermedad y en el proceso se sugieren estrategia de control. De hecho, los modelos a menudo identifican comportamientos que no son claros en los datos experimentales, a veces por que los datos no son reproducibles y el número de puntos están limitados y sujetos a mejoras en la medida. Por ejemplo, unos de los resultados fundamentales en la matemática epidemiológica es que la mayoría de modelos matemáticos sobre epidemias, incluyendo aquellos que involucran un alto grado de heterogeneidad usualmente exhiben el comportamiento del “umbral” el cual en términos epidemiológicos puede ser establecido como se sigue: *Si el número promedio de infecciones secundarias causado por la enfermedad es menor que uno la enfermedad se extinguirá, mientras que si excede uno habrá una epidemia.* Este tipo de principio, consistente de observaciones y cuantificaciones vía modelos epidemiológicos, ha sido usado para estimar la efectividad de las políticas de vacunación y la probabilidad que una enfermedad sea eliminada o erradicada. Expresiones para el número básico reproductivo del VIH en varias poblaciones esta siendo utilizada para probar la efectividad de las vacunas que pueden proporcionar protección temporal reduciendo la contagiosidad de

VIH o la susceptibilidad al VIH. Los modelos son usados para estimar como debe extenderse un plan de vacunación para prevenir o reducir la dispersión del VIH.

En el modelaje matemático de la transmisión de enfermedades, así como en otras áreas, siempre hay una interrelación entre modelos simples en los cuales se omite la mayoría de detalles y solo se diseñan para resaltar generalmente la conducta cualitativa, y modelos detallados, usualmente son diseñados para situaciones específicas que incluyen predicciones cuantitativas a corto plazo. Los modelos detallados son generalmente difíciles o imposiblemente de resolver analíticamente y por lo tanto su utilidad para propósitos teóricos es limitada, aunque su valor estratégico puede ser muy alto. Este capítulo inicia con modelos simples a manera de establecer los caminos principales.

Muchos de los primeros desarrollos en el modelaje matemático sobre enfermedades transmisibles son debidos a los médicos de salud pública. El primer resultado conocido en la matemática epidemiológica es una defensa de la práctica de inocular en contra de la viruela hecha en 1760 por Daniel Bernouilli, un miembro de una famosa familia de matemáticos (8 personas en tres generaciones) los cuales tenían entrenamiento de médicos. La primera contribución en la epidemiología matemática moderna es debida a P.D.En'ko entre 1873 y 1894 [Dietz (1988)], y los fundamentos con una aproximación total a la epidemiología basada en modelos compartimentados mandada por médicos de la salud pública tales como Sir R.A. Ross, W.H. Hamer. A.G. McKendrick, y W.O. Kermack entre 1900 Y 1935, junto con importantes contribuciones desde una perspectiva estadística por J. Brownlee. Un ejemplo particularmente instructivo es el trabajo de Ross respecto a la malaria. El Doctor Ross fue galardonado con el segundo premio Nóbel en medicina por su demostración de la dinámica de transmisión de la malaria entre mosquitos y humanos aunque su trabajo recibió inmediata aceptación en la comunidad médica, sus conclusiones de que la malaria puede ser controlada, controlando los mosquitos fue desechado ya que sería imposible erradicar los mosquitos de una región completamente y que en todo caso los mosquitos muy pronto reinvasarían la región.

Después de que Ross formulara un modelo matemático el cual predecía que los brotes de malaria podrían ser abolidos si la población de mosquitos fuera reducida debajo de un nivel del umbral crítico, pruebas de campo dieron soporte a sus conclusiones y condujeron a un éxito y un brillante control de la malaria. Sin embargo el proyecto Garki previo un dramático contra ejemplo. Este proyecto consistió en erradicar temporalmente la malaria en una población. Sin embargo, las personas que se han recuperado de un brote de malaria tienen una inmunidad temporal. Esta eliminación de la malaria de una región dejó a los habitantes de esta región sin inmunidad cuando la campaña termino el resultado fue un serio rebrote de la malaria.

Esta teoría se desarrolló en el siglo XVI, con ayuda de los primeros microscopios fue demostrada por Leeuwenhock (1632-1723), la primera expresión de una teoría sobre los gérmenes en las enfermedades por Jacob Henle (1809-1885), luego en 1840 fueron desarrolladas por Robert Koch (1843-1910), Joseph Lister(1827-1902), y Louis Pasteur (1827-1875) en la última parte del siglo XIX y principios del siglo XX.

El mecanismo de transmisión de las enfermedades contagiosas es ahora conocido para la mayoría de enfermedades. Generalmente, las enfermedades transmitidas por agentes virales como por ejemplo la influenza, el sarampión, la rubéola y la varicela, confieren inmunidad permanente, mientras las enfermedades transmitidas por bacteria, como por ejemplo la meningitis, la tuberculosis y la gonorrea, no confieren inmunidad. Otras enfermedades, como la malaria, no se transmiten directamente de humano a humano sino por vectores agentes (usualmente los insectos) que son infectados por el humano y que luego transmiten la enfermedad nuevamente al humano.

Las enfermedades comunicables como por ejemplo el sarampión, la gripe, o la tuberculosis, son un factor de la vida moderna. La epidemia del SIDA y el virus Ebola son de interés mundial. El predominio y los efectos de muchas enfermedades en países menos desarrollados son probablemente menos conocidos pero pueden ser aun de más

importancia. Cada año millones de personas mueren de sarampión, infecciones respiratorias, diarreas y otras enfermedades que son fácilmente tratadas y que no se consideran peligrosas en el mundo occidental. En particular las enfermedades como la malaria, el tifus, el cólera, la esquitomatosis, y la enfermedad del sueño son endémicas en muchas partes de mundo.

Los modelos epidemiológicos se enfocan en la dinámica de transmisión de una característica o las características de transmisión (de individuo a individuo, de población a población, de comunidad a comunidad, de región a región, o de país a país). Una “característica” puede ser una enfermedad como: (i) El sarampión, VIH, la malaria, la tuberculosis, (ii) Una característica genética tal como el género, la raza, o enfermedad genética, (iii) Una característica cultural como el lenguaje o la religión, (iv) Una actividad adictiva, como el uso de droga, o (v) La pérdida o ganancia de información que es comunicada a través de la chismes, rumores, etcétera.

El término “individuo” en epidemiología es muy amplio, se entiende donde se incluye varias unidades epidemiológicas. La selección de una unidad epidemiológica se basa en la pregunta y el nivel de investigación que el investigador desea asignar a la pregunta. En el estudio de la dinámica de las enfermedad en el sistema inmunológico, los tipos de células proporcionan la unidad epidemiológica; en el estudio de la dispersión de la malaria en el huésped (humanos u otros mamíferos) y los vectores (mosquitos hembras) son usualmente seleccionados como las unidades epidemiológicas; en el estudio de la enfermedad del *Chagas*, en donde por ejemplo una casa puede estar seleccionada como una unidad epidemiológica; un grupo familiar, una comunidad o un grupo de individuos fuertemente conectado puede ser la unidad seleccionada.

Los *procesos de transmisión epidemiológicos* los cuales para ser comprendidos deben ser estudiados desde varias perspectivas incluyendo el estudio de su dinámica de transmisión en las diferentes escalas espaciales, temporales u organizativas.

Desafortunadamente la selección de un nivel particular de organización y de un modelo puede determinar a priori cuál es ó no es relevante. Por lo tanto existen dos preguntas fundamentales asociadas a procesos epidemiológicos: (i) ¿Cuánto detalle orgánico que sea semejante a la estructura de la población, respuesta inmunológica o variabilidad genética deben ser incluidas en modelos epidemiológicos?, (ii) ¿Qué tan relevante es el modelo esquematizado?

Una epidemia, la cual actúa sobre una corta escala de tiempo puede ser descrita como un brote repentino de una enfermedad que infecta a una porción sustancial de la población en una región antes de que desaparezca. Usualmente las epidemias dejan a muchos miembros sin contagiar. A menudo estos brotes pueden ocurrir con intervalos de varios años entre cada nuevo brote, posiblemente disminuyendo la severidad en la población conforme se desarrolle algún tipo de inmunidad. Esto es un aspecto importante de conexión entre las epidemias y la evolución de las enfermedades.

Nosotros formulamos nuestra descripción como *modelos compartimentados*, con la población bajo estudio siendo dividida en compartimentos y con suposiciones acerca de la naturaleza y razón de tiempo de transferencia de un compartimiento a otro. Las enfermedades que confieren inmunidad tienen diferente estructura de comportamientos que las enfermedades sin inmunidad y de las enfermedades transmitidas por vectores. Las proporciones de transferencia entre compartimentos se expresan matemáticamente como derivadas con respecto al tiempo del tamaño del compartimiento, y como un resultado de nuestro modelo es formularlo inicialmente con *Ecuaciones Diferenciales*. Posteriormente se estudiarán modelos en los cuales la proporción de transferencia depende del tamaño de los compartimentos en el pasado así como en el presente, tipos más generales de ecuaciones funcionales tales como ecuaciones diferenciales en diferencia o ecuaciones integrales serán usadas.

1.2 Un Modelo Epidémico que Produce Inmunidad

Quizás la primera epidemia en ser examinada desde el punto de vistas del modelaje fue la Gran Plaga de Londres (1665 - 1666). La plaga tiene una secuencia de brotes iniciando en el año de 1346 desde que llegó a ser conocida como la Muerte Negra. Esto se identifica ahora como la Peste Bubónica que realmente había invadido Europa a comienzos del siglo VI durante el régimen del emperador Justiniano del Imperio Romano y continuó por más de tres siglos después. La Gran Plaga mató cerca de $1/6$ de la población de Londres y la Universidad de Cambridge fue cerrada por dos años, Isaac Newton, que estaba estudiando en el momento tuvo que regresar a su casa y mientras en el exilio él tuvo uno de los periodos científicos más productivos de cualquier ser humano en la historia. Él descubrió la Ley de la Gravitación entre otras cosas durante este periodo.

Los rasgos característicos de la Gran Plaga eran que aparecía bastante de repente, crecía en intensidad y entonces desaparecía dejando parte de la población intacta. Los mismos rasgos han sido observados en muchas otras epidemias, enfermedades fatales y en enfermedades cuyas víctimas recuperan con inmunidad.

En el siglo XIX las invasiones persistentes de cólera mataron mucha gente en la India. La epidemia de la Influenza de 1918-1919 mató a 20 millones de personas, más de la mitad en Estados Unidos. Una de las preguntas que primero atrajo la atención de científicos interesados en el estudio de enfermedades transmisibles fue el ¿Porqué algunas enfermedades repentinamente podrían desarrollarse en una comunidad y entonces desaparecer repentinamente sin infectar a toda la comunidad? Uno de los primeros triunfos de la matemática epidemiológica era la formulación de modelo simple que tuviera una conducta similar a la conducta observada en las innumerables epidemias.

Para el modelaje de epidemias se dividió a la población estudiada en tres clases: S , I , y R . Donde: $S(t)$ Denota el número de individuos que son susceptibles a la enfermedad, es decir no están infectada todavía en un tiempo t . $I(t)$ Denota el número de individuos

contagiosos capaces de expandir la enfermedad por el contacto con susceptibles. $R(t)$ Denota el número de individuos que después de haber estado contagiados se han recuperado, pero tiene la posibilidad de volverse a contagiar.

La recuperación es realizada por el aislamiento del resto de la población, por la inmunización contra la infección, por la recuperación de la enfermedad con inmunidad total o por la muerte causada por la enfermedad. Estas características de miembros recuperados son diferentes desde una perspectiva epidemiológica pero son a menudo equivalentes desde el punto de vista de la modelación matemática que tiene en cuenta sólo el estado de un individuo en lo que concierne a la enfermedad. En la formulación de modelos en términos de los derivados de los tamaños de cada compartimiento se asume que el número de miembros en un compartimiento es una función diferencial con respecto al tiempo. Esto puede ser una aproximación razonable si hay muchos miembros en un compartimiento pero es ciertamente sospechoso en otro caso.

En estos modelos como ecuaciones diferenciales, se considera también que el proceso epidémico es *determinístico*, es decir, que el comportamiento de una población esta completamente determinada por esta historia y por las reglas que gobiernan el desarrollo del modelo. Para compartimientos de tamaño pequeño el comportamiento puede verse fuertemente influenciado a través de perturbaciones arbitrarias, y otros tipos de modelos como el estocástico puede ser el más apropiado.

El modelo propuesto por Kermack y McKendrick en 1927 tiene el objetivo de caracterizar la dinámica de un solo brote epidémico bajo condiciones muy particulares. Se supone que hay una enfermedad muy contagiosa (influenza, catarro, sarampión, etc.) en la cual dada una población inicial al tiempo t , $N(t)$ los individuos susceptibles al tiempo $S(t)$ se infectan por medio de contactos con los infectados o contagiosos $I(t)$ antes de que se recuperen $R(t)$. Es decir si $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ entonces:

$\frac{S(t)}{N(t)} \rightarrow$ Da la proporción de susceptibles al tiempo t .

$\frac{I(t)}{N(t)} \rightarrow$ Da la proporción de infectados al tiempo t .

$\frac{R(t)}{N(t)} \rightarrow$ Da la proporción de recuperados al tiempo t .

Si se supone que la población es homogénea y que los individuos se mezclan de manera uniforme a través de contactos. Si dejamos que “ c ” denota el número de contactos promedio por persona por unidad de tiempo, así:

$cS(t) \rightarrow$ Da el número total de contactos de los susceptibles al tiempo t .

Además

$$cS(t) \frac{S(t)}{N(t)}, cS(t) \frac{I(t)}{N(t)}, cS(t) \frac{R(t)}{N(t)},$$

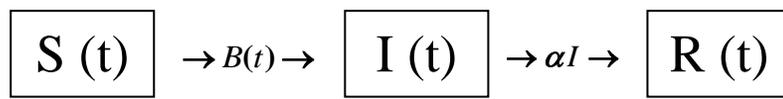
dan respectivamente la tasa de contactos de los susceptibles al tiempo t con otros susceptibles, infectados y recuperados respectivamente; bajo la suposición de que la mezcla es al azar. Por consiguiente:

$$cS(t) \frac{I(t)}{N(t)}$$

da el número de contactos con infectados (aquí se suponen infecciosos), pero no todos estos contactos por unidad de tiempo resultan en infecciones si se supone que solo q ($q \in [0,1]$), de los contactos con contagiosos resultan en infección, se tiene que el número de casos de infección por unidad de tiempo está dado por:

$$q cS(t) \frac{I(t)}{N(t)} \equiv B(t) \quad \text{y si } \beta \equiv qc \text{ entonces } B(t) = \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)}$$

Si además α denota la tasa de recuperación per cápita (es decir la distribución de tiempo de estancia en la clase de infectados es exponencial con media $1/\alpha$) y se ignora la mortalidad y la natalidad (no hay demografía) se tiene:



Donde:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \qquad S' = -\beta SI$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \alpha I \quad \rightarrow \quad I' = \beta SI - \alpha I .$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I \qquad R' = \alpha I$$

De lo que se obtiene:

$$\frac{d}{dt}(S(t) + I(t) + R(t)) \equiv \frac{d}{dt}N(t) \equiv \mathbf{0} , \text{ es decir } N(t) \equiv K \text{ es constante.}$$

El modelo se convierte en un modelo en dos dimensiones

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \alpha I$$

$$R = K - S(t) - I(t)$$

La primera pregunta que se puede hacer es que si la enfermedad puede ó no prosperar. Una manera simple de contestar esta pregunta es la siguiente: Si K es muy grande, pensemos en una situación cuando $S(\mathbf{0}) \approx K$ y $I(\mathbf{0})$ pequeño. En este caso en $(0, \delta)$, δ pequeño tenemos:

$$\frac{dI}{dt} \cong \beta K \frac{I}{K} - \alpha I$$

$$\frac{dI}{dt} = (\beta - \alpha)I$$

resolviendo la ecuación diferencial por variable separables resulta que:

$$I(t) \cong I(\mathbf{0})e^{(\beta - \alpha)t}, \text{ donde } t \in (0, \delta)$$

Por lo tanto $I(t)$ tiene un comportamiento exponencial si $\beta > \alpha$, de otra forma $I(t)$ tiende a 0 (la enfermedad desaparece) si $\beta < \alpha$. Sea

$$R_0 = \beta \cdot \frac{1}{\alpha}$$

es decir R_0 es el producto de la tasa efectiva de contacto $qc \equiv \beta$ y $1/\alpha$ es el periodo promedio de infección.

- Si $R_0 > 1$ implica que el número de infecciones secundarias generadas por un individuo "típico" infectado ($I(0) = 1$) en una población de susceptibles ($S(0) = K$) es mayor que uno, y en este caso hay una epidemia.
- Si $R_0 < 1$ implica que $I(\mathbf{0}) \rightarrow \mathbf{0}$ no hay epidemia.

El modelo anterior se basa en las siguientes suposiciones:

- (i) Una infección promedio hace contacto suficiente para transmitir una infección con βN por unidad de tiempo donde N representa el tamaño de la población
- (ii) Un fragmento α de infectados deja la clase de los infectados por unidad de tiempo.
- (iii) No hay entrada ni salida de la población, excepto la posibilidad a través de la muerte por causa de la enfermedad.

De acuerdo con (i), la probabilidad de un contacto al azar de un susceptible con un infeccioso, quien puede transmitir la infección es S/N , el número de nuevas infecciones por unidad de tiempo es $(\beta N)(S/N)I = \beta SI$. No necesitamos de una expresión algebraica para N pero debemos denotar que para una enfermedad que es fatal a todos los que son infectados $N = S + I$, mientras que una enfermedad en la cual todos los miembros infectados se recuperan con algún tipo de inmunidad $N = S + I + R$. La hipótesis (iii) realmente dice que la escala de tiempo de la enfermedad es mucho más rápida que la escala de tiempo de nacimientos y muertes para que el efecto demográfico en la población pueda ignorarse. En (ii) requiere una explicación matemática más plena de cómo la tasa de recuperación es proporcional al número de infecciosos. Considere el cohorte (un grupo de individuos que tiene un factor estadístico como por ejemplo la edad) quienes fueran infectados en una cierta época, y sea $u(s)$ el número de los que todavía son contagioso por unidad de tiempo s . Si una fracción α de la clase de infectados sale por unidad de tiempo, entonces:

$$u'(s) = -\alpha u$$

y la solución de esta ecuación diferencial elemental es:

$$u(s) = u(0)e^{-\alpha s}$$

así, s es la fracción de infectados que dejan de estarlo por unidades de tiempo es $e^{-\alpha s}$, de modo que la longitud del período de infección sea distribuida exponencialmente con media $\int_0^{\infty} e^{-\alpha s} = 1/\alpha$, y esto es lo que en la hipótesis (ii) realmente se asume. La suposición de que la tasa de contacto es proporcional al tamaño de la población N con una constante de proporcionalidad β y de una tasa de recuperación con distribución exponencial es realmente simple. Después se consideraran modelos más generales pero el propósito es mostrar lo que puede ser deducido de modelos sumamente simples, resaltando que en la exhibición de muchos modelos realistas tendrán un comportamiento cualitativamente similar. En nuestro modelo, R queda determinado por S y por I y podemos descartar la ecuación para R' del modelo dejando el sistema con dos ecuaciones

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI \\ I' &= (\beta SI - \alpha)I \end{aligned} \quad (1.1)$$

El sistema es imposible de resolver analíticamente pero se puede aprender algo sobre la conducta de sus soluciones por el acercamiento cualitativo siguiente.

Mientras si $S(0) > \alpha/\beta$, I primeramente crece hasta llegar a un máximo logrando cuando $S = \alpha/\beta$ y entonces decrece hasta llegar a cero. Ahora si se piensa en introducir un número pequeño de infectados dentro de una población de susceptibles y nos interesa preguntar si habrá una epidemia. La cantidad de β/α es una cantidad umbral, llamada el *numero básico reproductivo* R_0 , el cual determina si hay ó no una epidemia). Resolviendo para S y I como funciones de t , se dividen las dos ecuaciones del modelo para obtener:

$$\frac{I'}{S'} = \frac{dI}{dS} = \frac{(\beta S - \alpha)I}{-\beta SI} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S}$$

integrando para encontrar las orbitas (curvas en el plano (S, I) o plano fase)

$$I = \int \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S} \right) = \int -dS + \frac{\alpha}{\beta} \int \frac{dS}{S}$$

$$I = -S + \frac{\alpha}{\beta} \log S + c \quad ; \quad c \text{ constante (1.2)}$$

Otro modo de describir las órbitas es definir la función

$$V(S, I) = S + I - \frac{\alpha}{\beta} \log S = c$$

note que cada orbita es una curva dada implícitamente por la ecuación: $V(S, I) = c$, para alguna constante c . La constante c esta determinada por los valores iniciales S_0, I_0 de S e I respectivamente es decir

$$c = V(S_0, I_0) = S_0 + I_0 - \frac{\alpha}{\beta} \log S_0$$

Se piensa una población de tamaño K en la cual se introduce un número pequeño de infectados, tal que $S_0 \approx K$, $I_0 \approx 0$ y $R_0 = \beta K / \alpha$. Si se usa el hecho que $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$, y sea $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$, entonces la relación de $V(S_0, I_0) = V(S_\infty, 0)$ esta dada por:

$$K - \frac{\alpha}{\beta} \log S_0 = S_\infty - \frac{\alpha}{\beta} \log S_\infty$$

para lo cual obtenemos una expresión para α / β en términos de cantidades que pueden ser medidas de S_0 y S_∞ sabiendo

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\log \frac{S_0}{S_\infty}}{K - S_\infty} \quad (1.3)$$

Notamos para (1.3), que $0 < S_\infty < K$ esto es parte de la población que se escapa de la infección. Generalmente es difícil estimar la tasa de contacto β que dependa de la enfermedad particularmente en estudio pero también puede depender de factores sociales y conductuales. Las cantidades S_0 y S_∞ pueden ser estimadas por estudios Serológicos (la medida de respuestas inmunes en muestras de sangre) antes y después de la epidemia y para el dato que equivale al número reproductivo básico R_0 puede ser estimado usando (1.3).

El número básico de infectados en algún tiempo es el número de infectados cuando la derivada de I es cero y cuando $S = \alpha / \beta$. Este máximo esta dado por:

$$I_{\max} = S_0 + I_0 - \frac{\alpha}{\beta} \log S_0 - \frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \log \frac{\alpha}{\beta} \quad (1.4)$$

obtenido al sustituir $S = \alpha / \beta, I = I_{\max}$ en (1.2)

1.3 Modelo para Enfermedades que no Producen Inmunidad

El modelo en la sección anterior, es un ejemplo de modelo en el cual la población esta dividida en diferentes compartimientos y la transiciones entre compartimientos es modelada. Esto se describe como un modelo *SIR*. (como el sarampión) o con la muerte por la enfermedad (como las plagas, la rabia y otras enfermedades de animales). Otro tipo de modelo es el *SIS* en el cual los infectados retornan a la clase de los susceptibles y la

recuperación de la enfermedad no confiere inmunidad contra la reinfección. Tales modelos son apropiados para la transmisión de enfermedades por bacterias o por agentes vectores y más por las enfermedades que se transmiten sexualmente (incluye la gonorrea pero no la enfermedad del *SIDA* la cual no tiene recuperación). El modelo *SIS* más simple es debido a Kermack y Mc Kendrick (1932), el cual es

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \gamma I \\ I' &= \beta SI - \gamma I \end{aligned} \quad (1.5)$$

Lo que difiere del modelo *SIR* es que los recuperados retornan nuevamente a la clase de los susceptibles S con una tasa de γI en lugar de quedarse en la clase de recuperados R . La población total $S + I$ es constante, por lo tanto $(S + I)' = 0$, y llamamos a esta constante K ; algunas veces el tamaño de la población es medido usando K por unidad de tiempo tal que el tamaño de la población es 1. Podemos reducir el modelo a una singular ecuación diferencial, reemplazando S por $K - I$, en la segunda ecuación del modelo (1.5) obteniendo:

$$I' = \beta I(K - I) - \gamma I = (\beta K - \gamma)I - \beta I^2$$

$$I' = (\beta K - \gamma)I \left(1 - \frac{I}{K - \frac{\gamma}{\beta}} \right) \quad (1.6)$$

Como (1.6) corresponde a una ecuación diferencial logística con $r = \beta K - \gamma$ y con $L = K - \gamma/\beta$ nuestro resultado cualitativo nos muestra que si $\beta K - \gamma < 0$ ($\beta K/\gamma < 1$), entonces todas las soluciones del modelo (1.6) con valores iniciales no negativos exceptuando la constante de la solución $I = K - \beta/\gamma$ se aproxima al limite cero cuando $t \rightarrow \infty$, mientras si $\beta K/\gamma > 1$, entonces todas las soluciones con valores iniciales no negativos exceptuando la constante $I = 0$ se aproxima, al limite de $K - \gamma/\beta > 0$

cuando $t \rightarrow \infty$. Así hay siempre un solo valor limitativo para I pero el valor de la cantidad de $\beta K / \gamma$ se aproxima sin tomar en cuenta el estado inicial de la enfermedad. En términos epidemiología esto significa que si la cantidad $\beta K / \gamma < 1$ la infección muere en el sentido que el número de infectados se aproxima a cero. Por esta razón el equilibrio $I = 0$, al cual le corresponde $S = K$ es llamado *equilibrio libre de enfermedad*. En otro caso si la cantidad $\beta K / \gamma > 1$ excede de uno la infección persiste. El equilibrio de $I = K - \gamma / \beta$ al cual corresponde $S = \gamma / \beta$ es llamado *equilibrio endémico*.

Como se ha visto previamente la cantidad sin dimensión $\beta K / \gamma$ es el número básico reproductivo o el número de contacto de la enfermedad denotado usualmente por R_0 . Estudiando enfermedades contagiosas, la determinación del número básico reproductivo es invariablemente un primer paso. El valor uno para el número básico reproductivo define un umbral el cual cambia según el curso de la enfermedad entre la desaparición y la persistencia. Además si βK es el número de contactos hechos por un promedio de infectados por unidad de tiempo y $1/\gamma$ es un periodo corto de la infección, R_0 representa el número promedio de infecciones secundarias causadas por cada infectado durante el curso de la infección. Así que intuitivamente si $R_0 < 1$ la infección debería de extinguirse, mientras si $R_0 > 1$ la infección debería establecerse por si misma. Si hay muertes debido a la enfermedad se viola esta suposición, y sería necesario el uso de un sistema bidimensional como modelo.

1.4 Modelos con Efectos Demográficos.

El sarampión es una enfermedad para la cual los equilibrios endémicos han sido observados en muchos lugares, frecuentemente con oscilaciones sostenidas cerca del equilibrio. Como la recuperación para el sarampión provee inmunidad permanente, los modelos *SIS* visto anteriormente son inapropiados. El modelo epidémico de la sección (1.2) asume que la escala de tiempo de la epidemia es corto en relación con la escala de

tiempo demográfica parte que los efectos demográficos pueden ser ignorados. Para el sarampión, sin embargo, la razón de la naturaleza endémica de la enfermedad es que hay un flujo de nuevos miembros susceptibles a la población, y para tratar de modelar esto se debe incluir nacimientos y muertes en el modelo. La forma más simple de incorporar nacimientos y muertes en un modelo de una enfermedad contagiosa es asumir un número constante de nacimientos igual a un número constante de muertes por unidad de tiempo a fin de que el tamaño demográfico de la población total permanezca constante. Esto es, por supuesto factible si no hay muertos debido a la enfermedad. En países desarrollados, tal supuesto es plausible por que hay pocas muertes por sarampión. En países menos desarrollados hay a menudo una tasa de mortalidad muy alta y por consiguiente hay otro tipo de supuestos. La primera tentativa de formular un modelo *SIR* con nacimientos y muertes que describiera la enfermedad del sarampión fue dada por H.E. Soper (1929) quien asumió una tasa constante de natalidad μK en la clase susceptible y una tasa constante de mortalidad μK en la clase de recuperados.

Tal modelo es:

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \mu K \\ I' &= \beta SI - \gamma I \\ R' &= \gamma I - \mu K \end{aligned}$$

El modelo de Soper es biológicamente poco satisfactorio por que la vinculación de nacimientos susceptibles y la muerte de miembros recuperados eran irrazonables. El modelo es inapropiado matemáticamente porque si $R(0)$ e $I(0)$ son suficientemente pequeños, entonces $R(t)$ será negativo. Para cualquier enfermedad que va a ser modelada es esencial que el problema tenga una postura adecuada en el sentido que el número de miembros en cada clase sea no-negativo. Un modelo de Kermack y McKendrick (1932), incluye nacimientos en la clase susceptible proporcionales al tamaño total de la población y una tasa de muertes en cada clase proporcional al número de miembros en la clase. Este modelo permite que el tamaño de la población total crezca exponencialmente o muera exponencialmente si las tasas de natalidad y mortalidad son diferentes. Es

aplicable a las preguntas de que si realmente una enfermedad controlará el tamaño de una población que de otra manera crecería exponencialmente. Volveremos a tratar más adelante ya que es importante en el estudio de muchas enfermedades en países menos desarrollados con altas tasas de natalidad. Por el momento continuara un planteamiento más apropiado sugerido por Hethcote (1976) en el cual el tamaño de la población es constante sosteniendo que la tasa de natalidad y mortalidad son iguales. Tal modelo es:

$$S' = -\beta SI + \mu(K - S)$$

$$I' = \beta SI - \gamma I - \mu I$$

$$R' = \gamma I - \mu R$$

Por que $S + I + R = K$, podemos eliminar R y considerar un sistema en dos dimensiones

$$S' = -\beta SI + \mu(K - S)$$

$$I' = \beta SI - \gamma I - \mu I$$

Examinemos de una forma más general el modelo SIR con nacimientos y muertes para una enfermedad que puede ser fatal para algunos infectados. Para tal enfermedad la clase de los miembros recuperados R debería contener solo miembros recuperados; un modelo plausible para una enfermedad que sea fatal para algunos infectados debe permitir a la población total variar con el tiempo.

Sea el modelo:

$$S' = \mu K - \beta SI - \mu S$$

$$I' = \beta SI - \mu I - \alpha I - \gamma I \quad (1.7)$$

$$R' = \gamma I - \mu R$$

con un número constante de nacimientos μK por unidad de tiempo, una tasa proporcional de mortalidad μ a cada clase, una fracción α de contagiosos que se mueren por la infección y un fragmento γ de infectados que se recuperaron con inmunidad contra la reinfección. En este modelo si $\alpha > 0$ el tamaño de la población total no es constante y K representa la capacidad de carga o un posible máximo en el tamaño de la población. Como el caso en que $\alpha = 0$ se puede descartar la tercera ecuación pero el razonamiento es algo diferente. Con las dos primeras ecuaciones determinamos S e I y entonces con la tercera ecuación se determina R una vez conocido S e I . Esto es posible por que R no está presente en las dos primeras dos ecuaciones. Analizando el modelo (1.7) cualitativamente se hacen algunas inferencias o predicciones, las cuales se siguen del modelo sobre la inmunidad de grupo, edad promedio de infección y un periodo inter epidémico. Estas inferencias pueden ser de valor para probar el modelo o en la estimación de los parámetros. Este método involucra la identificación del equilibrio (soluciones constantes) y entonces se determina la estabilidad asintótica para cada equilibrio. Para encontrar el equilibrio del sistema, las dos ecuaciones se igualan a cero. (resultando un factor algebraico que da origen a dos alternativas)

La primera situación es cuando $I = 0$ en la cual la enfermedad tiene un equilibrio libre y la segunda es cuando $\beta S = \mu + \gamma + \alpha$ la cual da un equilibrio endémico o cuando $\beta S = \mu + \gamma + \alpha < \beta K$. Si $I = 0$ la otra ecuación es $S = K$. Para el equilibrio endémico la primera ecuación esta dada por:

$$I = \frac{\mu K}{\mu + \gamma + \alpha} - \frac{\mu}{\beta} \quad (1.8)$$

se puede linealizar cerca del equilibrio (S_∞, I_∞) dejando que $y = S - S_\infty$ y $z = I - I_\infty$ y escribiendo el nuevo sistema en términos de las nuevas variables y y z y reteniendo solo las condiciones lineales en la expansión de Taylor. Obtenemos un sistema de dos ecuaciones diferenciales lineales,

$$y' = -(\beta I_\infty + \mu)y - \beta S_\infty z$$

$$z' = \beta I_{\infty} y + (\beta S_{\infty} - \mu - \gamma - \alpha) z$$

este sistema lineal tiene una matriz de coeficientes

$$\begin{pmatrix} -\beta I_{\infty} - \mu & -\beta S_{\infty} \\ \beta I_{\infty} & \beta S_{\infty} - \mu - \gamma - \alpha \end{pmatrix}$$

se buscan soluciones cuyas componentes sean múltiplos constantes de $e^{\lambda t}$; esto significa que λ es un valor propio de la matriz de coeficientes. La condición que todas las soluciones de la linearización sobre un equilibrio tienda a cero cuando $t \rightarrow \infty$ es que todos los valores propios de la matriz de coeficientes tengan parte real negativa. En el equilibrio libre de enfermedad la matriz es

$$\begin{pmatrix} -\mu & -\beta K \\ 0 & \beta K - \mu - \gamma - \alpha \end{pmatrix}$$

la cual tiene los valores propios $-\mu$ y $\beta K - \mu - \gamma - \alpha$, así el equilibrio libre de enfermedad es asintóticamente estable si $\beta K < \mu + \gamma + \alpha$ y es inestable cuando $\beta K > \mu + \gamma + \alpha$. Note que la condición de inestabilidad del equilibrio libre de enfermedad es una condición de existencia para el equilibrio endémico. En general, la condición de que los valores propios de una matriz 2×2 tengan parte real negativa es que el determinante sea positivo y la traza (la suma de los elementos de la diagonal) sea negativa. Como $\beta S_{\infty} = \mu + \gamma + \alpha$ en el equilibrio endémico, la matriz de la linearización en el equilibrio endémico es

$$\begin{pmatrix} -\beta I_{\infty} - \mu & -\beta S_{\infty} \\ \beta I_{\infty} & 0 \end{pmatrix} \quad (1.9)$$

y esta matriz tiene determinante positivo y un traza negativa. Así el equilibrio endémico, si existe uno es siempre asintóticamente estable. Si la cantidad:

$$R_0 = \frac{\beta K}{\mu + \gamma + \alpha} = \frac{K}{S_\infty} \quad (1.10)$$

es menor que uno, entonces el sistema tiene sólo el equilibrio libre de enfermedad y este equilibrio es asintóticamente estable. Si la cantidad R_0 es más grande que uno, entonces el equilibrio libre de enfermedad es inestable, pero hay un equilibrio endémico que es asintóticamente estable. Además la cantidad R_0 es el número básico reproductivo. Esto depende particularmente de la enfermedad (determinando los parámetros de γ y α) y la tasa de contacto la cual depende de la densidad de la población en la comunidad que inicialmente se ha comenzado a estudiar. El modelo de una enfermedad exhibe el *comportamiento del umbral*. Nuestro primer modelo también exhibió un comportamiento umbral pero de un tipo ligeramente diferente. Para este modelo, el cuál fue un modelo *SIR*, sin nacimientos ni muertes naturales, el umbral se distinguió entre la extinción de la enfermedad y una epidemia.

El modelo *SIR* y el modelo *SIS* ambos con nacimientos y muertes dan un soporte al equilibrio endémico. Esto sugiere ser un requisito para que un equilibrio endémico sea el flujo de nuevos miembros susceptibles, a través de nacimientos o de una recuperación sin inmunidad permanente. Si sumamos las tres ecuaciones del modelo (1.7) se obtiene

$$N' = \mu K - \mu N - \alpha I$$

donde $N = S + I + R$. De esto se observa que el equilibrio endémico $N = K - \alpha / \mu I$ y la reducción demográfica para la capacidad de carga K es

$$\frac{\alpha}{\mu} I = \frac{\alpha K}{\mu + \gamma + \alpha} - \frac{\alpha}{\beta}$$

El parámetro α en el modelo *SIR* puede ser considerado para describir el sistema patológico de la enfermedad. Si α es grande es menos probable que $R_0 > 1$. Si α es pequeño entonces el equilibrio endémico de la población total esta próximo a la capacidad de carga K de la población.

Algunas predicciones implicadas por este modelo acerca de aspectos cualitativos de la expansión de la enfermedad son los siguientes.

1. **La Inmunidad Grupal.** En el orden de prevenir una enfermedad antes de que llegue a ser endémica es necesario reducir el número básico reproductivo debajo de uno. Esto puede ser logrado algunas veces por la inmunización. Un fracción p de μK , de miembros recién nacidos por unidad de tiempo de la población son exitosamente inmunizados, el efecto de esto es reemplazar K por $K(1-p)$ y así reducir el número básico reproductivo para $R_0(1-p)$. Esto requiere que: $R_0(1-p) < 1$ dado que $1-p < 1/R_0$ o

$$p > 1 - \frac{1}{R_0}$$

Una población se dice que tiene inmunidad grupal si una fracción bastante grande ha sido inmunizada para asegurar que la enfermedad no se vuelva endémica. La única enfermedad que se ha observado a nivel mundial fue la viruela, en la cual R_0 era aproximadamente 5 tal que requirió el 80 % de inmunizados, proporcionando la inmunidad grupal. Para la epidemia del sarampión los datos epidemiológicos de Estados Unidos indicaron que R_0 para la población rural alcanzó un rango entre 5.4 y 6.3, requiriendo la vacunación del 81.5 % a un 84.1 % de la población. En las áreas urbanas el rango de R_0 se encontró entre 8.3 a 13.0 requiriendo la vacunación del 88.05% a un

92.3% de la población. En Gran Bretaña el rango de R_0 se encontró entre 12.5 a 16.3 y requirió la vacunación del 92% al 94% de la población. La vacuna para prevenir el sarampión no siempre es efectiva, y las campañas de vacunación no siempre logran cubrir toda la población. Como resultado, la inmunidad grupal contra el sarampión no ha sido aún lograda. Desde que la viruela es vista de una forma más seria es preciso inmunizar un porcentaje mayor de la población y por lo tanto la inmunidad grupal es alcanzable para viruela. De hecho la viruela ha sido casi eliminada en algunas partes del mundo; el último caso conocido fue en Somalia en 1977 y ahora el virus es mantenido únicamente en laboratorios. La erradicación de la viruela fue más difícil de lo que se esperaba ya que se logra una tasa alta de vacunación en varios países pero no en todas partes del mundo y la enfermedad siempre persiste. La erradicación de la viruela fue posible únicamente después de una campaña intensiva de vacunación a nivel mundial. [Hethcote (1978)].

2. Edad de Infección. En el orden de calcular el número básico reproductivo R_0 para una enfermedad, se necesita conocer el valor de los parámetros μ, γ y α , los parámetros μ, γ y α , pueden ser usualmente medidos experimentalmente, pero la tasa de contacto β es difícil determinarla directamente. Hay una manera indirecta para estimar R_0 en términos de la esperanza de vida y la edad media de infección. Consideremos un Cohorte por años de miembros de una población nacidos en algún tiempo t_0 y sea a la edad de los miembros del cohorte. Si $y(a)$ representa un fragmento de miembros del cohorte de quienes sobreviven a la edad a , entonces suponemos que una fracción μ de la población muere por unidad de tiempo lo que significa que $y'(a) = -\mu y(a)$. Además si $y(0) = 1$ resolvemos la ecuación diferencial de primer orden con valor inicial y obtenemos la solución $y(a) = e^{-\mu a}$. La fracción que muere (exactamente) a la edad a es $-y'(a) = \mu y(a)$, lo que significa que el intervalo de duración de la vida media es la edad promedio de la muerte, lo cual es:

$$\int_0^{\infty} a(-y'(a))da$$

y si integramos por partes nos encontramos que esta esperanza de vida es

$$\int_0^{\infty} a[y'(a)]da = [ay(a)]_0^{\infty} + \int_0^{\infty} y(a)da = \int_0^{\infty} y(a)da$$

Además $y(a) = e^{-\mu a}$, esto se reduce a $1/\mu$. De modo que la esperanza de vida denotada por L , se puede escribir

$$L = \frac{1}{\mu}$$

La tasa a la que sobreviven los miembros susceptibles de la población a volver a infectarse a la edad a , tiempo $t_0 + a$ es $\beta I(t_0 + a)$. Así si $z(a)$ es la fracción de la edad del cohorte viva y todavía susceptible a la edad a . La solución de esta ecuación diferencial de primer orden lineal esta dada por

$$z(a) = e^{-\left[\mu a + \int_0^a \beta I(t_0+b)db\right]} = y(a)e^{-\int_0^a \beta I(t_0+b)db}$$

La longitud media de tiempo en la clase susceptible para miembros que puedan volver a contagiarse u opuesto a morir mientras que aún son susceptibles, es

$$\int_0^{\infty} e^{-\int_0^a \beta I(t_0+b)db} da$$

y esta es la edad media en la cual los miembros vuelven a infectarse. Si el sistema tiene un equilibrio I_∞ , esta integral puede ser evaluada, y la edad media de la infección, denotar por A , esta dada por

$$A = \int_0^{\infty} e^{-\beta I_\infty a} da = \frac{1}{\beta I_\infty}$$

para nuestro modelo se debe encontrar el equilibrio endémico

$$I_\infty = \frac{\mu K}{\mu + \alpha + \gamma} - \frac{\mu}{\beta}$$

y esto implica que

$$\frac{L}{A} = \frac{\beta I_\infty}{\mu} = R_0 - 1$$

Esta relación es muy usual para estimar el número básico reproductivo. Por ejemplo en algunas comunidades urbanas de Inglaterra y Wales entre 1956 y 1969 la edad promedio para contraer el sarampión estuvo en los 4.8 años. Si la esperanza de vida promedio se asume que es de 70 años esto indica que $R_0 = 15.6$. La relación entre la edad en que se puede contagiar y el número básico reproductivo indica que se miden las inoculaciones, las cuales reducen R_0 , aumentando la edad promedio en la infección. Para tal enfermedad como la rubéola, de quien se conocen efectos más serios en adultos que en niños, indica que es más peligrosa de lo que se consideraba. Mientras que el número de casos inoculados en niños decrece, aumenta el peligro de la enfermedad para los que no han sido aún inoculados o para quien la inoculación no ha sido exitosa. No obstante el número de casos de contagio disminuye, aunque una fracción de casos de gente mayor aumentará.

3. El periodo de Inter-epidémico. Muchas enfermedades de infancia como el sarampión, tos, varicela, la difteria y la rubéola exhiben variaciones de año en año en el número de

casos. Estas fluctuaciones son frecuentemente oscilaciones regulares, sugiriendo que las soluciones del modelo podrías ser periódicas. Esto no esta de acuerdo con la predicción del modelo que se tiene, sin embargo no sería inconsistente que la solución de la ecuación característica, la cuál es conjuga compleja con una pequeña parte real negativamente corresponda a oscilaciones cercanas al equilibrio endémico. Tal comportamiento podría significar un brote epidémico. Si los valores propios de la matriz linealizada sobre el equilibrio endémico son $-u \pm iv$, donde $-i^2 = 1$ entonces las soluciones son de la forma $Be^{-ut} \cos(vt + c)$ las cuales tiene una “amplitud” que decrece por Be^{-ut} y son de período $\frac{2\pi}{v}$. Para el modelo (1.7) recordamos que de (1.8) el equilibrio endémico que tenemos es

$$\beta I_{\infty} + \mu = \mu R_0, \quad \beta S_{\infty} = \mu + \gamma + \alpha$$

y para (1.9) la matriz de la linearización es

$$\begin{pmatrix} -\mu R_0 & -(\mu + \gamma + \alpha) \\ \mu(R_0 - 1) & 0 \end{pmatrix}$$

Los valores propios son las raíces de la ecuación cuadrática

$$\lambda^2 + \mu R_0 \lambda + \mu(R_0 - 1)(\mu + \gamma + \alpha) = 0$$

en la cual la solución esta dada por:

$$\lambda = \frac{-\mu R_0 \pm \sqrt{\mu^2 R_0^2 - 4\mu(R_0 - 1)(\mu + \gamma + \alpha)}}{2}$$

En un periodo de contagio $1/(\gamma + \alpha)$ que es más corto que la duración media de la vida $1/\mu$, podemos desechar los términos que son cuadráticos en μ . Así los valores propios son aproximadamente

$$\frac{-\mu R_0 \pm \sqrt{-4\mu(R_0 - 1)(\gamma + \alpha)}}{2}$$

y esto es un complejo con parte imaginaria $\sqrt{\mu(R_0 - 1)(\gamma + \alpha)}$. Esto indica que las oscilaciones tiene un periodo aproximadamente de

$$\frac{2\pi}{\sqrt{\mu(R_0 - 1)(\gamma + \alpha)}}$$

Usamos la relación entre $\mu(R_0 - 1) = \mu L / A$ y el periodo contagioso $\tau = 1/(\gamma + \alpha)$ observamos que el periodo ínter epidémico T es aproximadamente $2\pi\sqrt{A\tau}$. Así, por ejemplo, para los brotes de sarampión que se repiten con un período contagioso de 2 semanas o de 1/26 año en la población con una esperanza de vida de 70 años, R_0 es estimado como 15, esperaríamos que los brotes se espaciaran 2.76 años de separación. También, como la “amplitud” en el tiempo t es $e^{-\mu R_0 t}$ la dislocación máxima para el equilibrio es multiplicada por un factor $e^{-(15)(2.76)/70} = 0.55$ sobre cada ciclo. De hecho, muchas observaciones sobre los brotes del sarampión indicaron menos amortiguación en las oscilaciones, sugiriendo que debe haber influencias adicionales que no son incluidas en nuestro modelo simple. Para explicar que las oscilaciones están cerca del equilibrio endémico es necesario un modelo más complicado y posiblemente asumir variaciones estacionales en la tasa de contacto. Estas suposiciones son razonables para una enfermedad de infancia ya que comúnmente en la escuela se transmiten de forma directamente por contacto, especialmente en el invierno o en los climas fríos.

4. **“Epidemia”**. *Acercamiento al equilibrio endémico*. En el modelo (1.7) la escala de tiempo demográfica describe las tasas de natalidad y muerte natural $\mu K, \mu$ y la escala de tiempo epidemiológica describe la tasa de recuperación $(\alpha + \gamma)$ para la clase de los

infectados que puede ser substancialmente distinta. Por ejemplo. Pensemos en una tasa natural de muerte $\mu=1/75$ correspondiente a la esperanza de vida de 75 años y los parámetros epidemiológicos $\alpha=0$ y $\gamma=25$ describe una enfermedad para la cual todos los infectados se recuperan después de un periodo corto de infección de $1/25$ años o lo equivalente a dos semanas. Si se supone que la capacidad de carga $K=1000$ y se toma $\beta=0.1$ indicando que el promedio de contactos con infectados por año es $(0.1)(1000)=100$. Entonces $R_0=400$ y el equilibrio endémico esta dado por: $I_\infty=.040$, $S_\infty=250.13$, $R_\infty=749.47$, este equilibrio es globalmente asintóticamente estable y es aproximado a cada estado inicial. Sin embargo si se toma $S(0)=999$, $I(0)=1$, $R(0)=0$ simulando la introducción de un solo contagioso en una población susceptible y solucionando el sistema numéricamente se encuentra que el número de los infectados crece agudamente hasta alcanzar un máximo de 400 y después disminuyen a casi cero en un período de 0.4 año, o a cerca de 5 meses. En este intervalo de tiempo la población susceptibles disminuye a 22 y luego comienzan a aumentar, mientras el recuperados (recuperado e inmune contra la nueva infección) aumenta a casi 1000 y luego comienzan una disminución gradualmente. El tamaño de la epidemia inicialmente no se podría haber predicho del análisis cualitativo del sistema (1.7). Por otra parte, desde que μ sea tan pequeño comparado a otros parámetros del modelo, se puede sustituir μ , y reemplazarlo por cero en el modelo. Si hacemos esto, el modelo se reduce al modelo epidémico simple de Kermack-McKendrick (sin nacimientos y muertes) de la sección 1.2.

Si se sigue el modelo sobre un intervalo de tiempo más largo se encuentra que la población susceptible crece a 450 después de 46 años, entonces decrece a 120 durante una pequeña epidemia con un máximo de 18 infectados y exhibe ampliamente que la epidemia disminuye de tamaño. Esto toma un tiempo muy largo antes que el sistema venga cerca del equilibrio endémico y le permanezca en el. Inicialmente la epidemia que estaba conformada era a menudo observada en la práctica, como cuando una infección es

presentada en una población sin la inmunidad, como la viruela que infecto a los aztecas por la invasión de Cortéz.

Si se usa el modelo (1.7) con algunos valores de β, K y μ pero tomando $\alpha = 25, \gamma = 0$ para describir una enfermedad que es fatal a todo el infectados, se obtienen resultado muy similares. Ahora la población total es $S + I$, la cual disminuye de un tamaño inicialmente de 1000 a un mínimo de 22 y luego aumenta gradualmente aproximándose al equilibrio de 250.53. Así, la enfermedad reduce el tamaño de la población total a 1/4 de su valor original, sugiriendo que las enfermedades infecciosas pueden tener un efecto grande sobre poblaciones con alta demografía. Esto es verdadero aún para las poblaciones que crecen rápidamente en ausencia de una infección.

5. El modelo SIS con nacimientos y muertes. Para describir un modelo para una enfermedad en la cual los infectados se recuperan contra la reinfección y que incluya nacimientos y muertes como en el modelo (1.7), modificamos el modelo (7.7) quitando la ecuación para R' , y moviendo el términos γI describe la tasa de recuperación para los infectados a la ecuación para S' . Así el modelo esta dado por:

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \mu(K - S) + \gamma I \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I - \gamma I \end{aligned} \quad (1.11)$$

y describe una población con un número constante de nacimientos μK por unidad de tiempo, una tasa de mortalidad μ en cada clase, con una fracción α de infectados que mueren de la infección y una fracción γ de infectados que se han recuperado sin inmunidad contra la reinfección. En este modelo, si $\alpha > 0$ el tamaño de la población total no es constante y K representa la *capacidad de carga*. El análisis del modelo (1.11) es similar a lo que se hizo con el modelo *SIR* de (1.7) excepto que no hay ecuación para R' que pueda ser eliminada. La única diferencia es el término adicional γI en la ecuación

de S' y esto no cambia cualquier resultado cualitativo. Como en el modelo SIR se puede tener el número reproductivo básico

$$R_0 = \frac{\beta K}{\mu + \gamma + \alpha} = \frac{K}{S_\infty}$$

y si $R_0 < 1$ el equilibrio libre de enfermedad $S = K$, $I = 0$ es asintóticamente estable, mientras que si $R_0 > 1$ hay un equilibrio endémico (S_∞, I_∞) con $\beta S_\infty = \mu + \gamma + \alpha$ y I_∞ dado como en (1.8) es asintóticamente estable. Hay, sin embargo, diferencias que no se revelan por el análisis cualitativo. Si la escala epidemiología y demográfica son muy diferentes para el modelo SIR se observa que el equilibrio endémico se aproxima a una epidemia rápida y severa. Lo mismo ocurre en los modelos SIS especialmente si hay un número significativo de muertes debido a la enfermedad. Para ambos modelos SIR y SIS la ecuación diferencial para I puede ser escrita como:

$$I' = I[\beta S - (\mu + \gamma + \alpha)] = \beta I[S - S_\infty]$$

la cual implica que si S excede el valor del equilibrio endémico, I aumenta y es posible que se observe el comportamiento de una epidemia. Si $R_0 < 1$ y $S < K$ se sigue que $I' < 0$ y así I disminuye. Por lo tanto si $R_0 < 1$ la epidemia no puede ocurrir.

1.5 La Enfermedad Como Un Control Demográfico.

Muchas partes del mundo experimentaron un crecimiento demográfico en el siglo XVIII. La población de Europa creció de 118 millones en 1700 a 187 millones en 1800. En el mismo lapso de tiempo en que la población de Gran Bretaña aumento de 5.8 millones a 9.15 millones y la población de china aumento de 150 millones a 313 millones [McNeill (1992)]. La población en las colonias inglesas en Norte América crecieron mucho más rápido ya que estaban auxiliadas sustancialmente de inmigraciones, pero la población

nativa, la cual había sido reducida a una decida parte de su tamaño original por las enfermedades Europeas crecieron no tan rápidamente. Mientras que algunos de estas poblaciones se incrementaban se podían dar mejoras en la producción de alimentos y en la agricultura, aparece un factor importante que es la disminución de la tasa de mortalidad debido a las enfermedades la cual descendió agudamente durante el siglo XVIII; esto es comprensible debido a la inmunidad y el saneamiento, por otra parte la invasión persistente de los brotes de la peste bubónica que se habían asentado y la de algún tipo de inmunidad adquirida. Una explicación para este crecimiento poblacional es que las severas invasiones de la peste bubónica tomo control del tamaño de la población, y cuando este control era suprimido el tamaño de la población crecía rápidamente.

En países en vías de desarrollo es bastante común tener tasas de natalidad y tasas de mortalidad altas debido a las enfermedades. De hecho cuando la enfermedad muere, las tasas son reducidas por las mejoras en el cuidado de la salud y el saneamiento igualmente declina las tasas de natalidad. Así se asume que el tamaño de la población crecerá exponencialmente a falta de enfermedades. El modelo *SIR* con nacimientos y muertes de Kermack and Mc Kendrick (1932), incluye nacimientos en la clase susceptible proporcionales para el tamaño de la población y una tasa de muerte natural en cada clase proporcional al tamaño de la clase. Si se analiza un modelo de este tipo con una tasa de natalidad r y una tasa de muerte natural $\mu < r$. Por simplicidad se asume que la enfermedad es fatal para todos los contagiados con la enfermedad con una tasa de muerte por la enfermedad α , tal que la clase de los recuperados no exista y el tamaño de la población es $N = S + I$. Nuestro modelo es:

$$\begin{aligned} S' &= r(S + I) - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - (\mu + \alpha)I \end{aligned} \quad (1.12)$$

para la segunda ecuación se observa que el equilibrio esta dado cuando $I = 0$ ó $\beta S = \mu + \alpha$. Si $I = 0$ la primera ecuación de equilibrio es $rS = \mu S$, la cual implica que

$S = 0$, además $r > \mu$. Esto es fácil de ver ya que el equilibrio es $(0,0)$ el cual es inestable. Lo que realmente puede ocurrir si $I = 0$ es que la población susceptible podría crecer exponencialmente, con un exponente $r - \mu > 0$. Si $\beta S = \mu + \alpha$ el primer equilibrio esta dado bajo la siguiente condición

$$r \frac{\mu + \alpha}{\beta} + rI - (\mu + \alpha)I - \frac{\mu(\mu + \alpha)}{\beta} = 0,$$

lo que conduce a

$$(\mu + \alpha - r)I = \frac{(r - \mu)(\mu + \alpha)}{\beta}$$

Así hay un equilibrio endémico si se mantiene $r < \alpha + \beta$, el cual es asintóticamente estable. Por otra parte, si $r > \alpha + \beta$ no hay un valor de equilibrio positivo para I . En este caso podemos sumar las dos ecuaciones diferenciales del modelo obteniendo

$$N' = (r - \mu)N - \alpha I \geq (r - \mu)N - \alpha N = (r - \mu - \alpha)N$$

y de esto se deduce que N crece exponencialmente. Para este modelo se tiene un equilibrio endémico asintóticamente estable o que el tamaño de la población crece exponencialmente. En el caso en que la población crezca exponencialmente se tiene que la infección desaparezca ó crezca exponencialmente el número de infectados.

Si sólo los susceptibles contribuyen al tasa de natalidad, se esperar que si la enfermedad es suficientemente debilitada, el comportamiento del modelo es bastante diferente.

Consideremos el modelo

$$\begin{aligned} S' &= rS - \beta SI - \mu S = S(r - \mu - \beta I) \\ I' &= \beta SI - (\mu + \alpha)I = I(\beta S - \mu - \alpha) \end{aligned} \quad (1.13)$$

el cual tiene la misma forma que el modelo de depredador-presa del famoso Lotka-Volterra en la dinámica poblacional el cual estudiaremos en el capítulo 3. Este sistema tiene dos equilibrio, $(0,0)$ y un equilibrio endémico $((\mu+\alpha)/\beta, (r-\mu)/\beta)$. Lo que resulta del análisis cualitativo es que el equilibrio $(0,0)$ es inestable y los valores propios de la matriz de coeficiente en el equilibrio endémico son imaginarios puros. En este caso el comportamiento de la linearización no necesariamente implica el comportamiento del sistema completo. Sin embargo, se puede obtener información sobre el comportamiento del sistema por un método que se inician con la aproximación elemental de separación de variables [Ecuaciones Diferenciales de primer Orden de Dennis Zill]. Se comienza con obtener el cociente de las dos ecuaciones diferenciales

$$\frac{I'}{S'} = \frac{dI}{dS}$$

se obtener la ecuación diferencial de primer orden separable

$$\frac{dI}{dS} = \frac{I(\beta S - \mu - \alpha)}{S(r - \beta I)}$$

la separación de variables da

$$\int \left(\frac{r}{I} - \beta \right) dI = \int \left(\beta - \frac{\mu + \alpha}{S} \right) dS$$

la integrando da la relación

$$\beta(S + I) - r \log I - (\mu + \alpha) \log S = c$$

donde c es la constante de integración. Esta relación muestra que la cantidad

$$V(S, I) = \beta(S + I) - r \log I - (\mu + \alpha) \log S$$

es constante sobre cada órbita (la trayectoria de la solución). Cada uno de estas órbitas es una curva cerrada que corresponde a una solución periódica. Este procedimiento es paralelo al tratamiento del modelo de Lotka Volterra que se estudiara en el capítulo 3.

Este modelo es el mismo modelo epidémico en la sección 1.2 excepto por los términos de natalidad y mortalidad y en muchos ejemplos la escala de tiempo de la enfermedad es mucho mas rápido que la escala de tiempo de los procesos demográficos. Se puede observar como el modelo describe inicialmente una epidemia, dejando una pequeña parte de la población susceptible. Entonces hay un constante crecimiento poblacional hasta que el número de susceptible sea bastante grande para que una epidemia pueda ocurrir. Durante esta etapa de crecimiento, la población de infectados es muy pequeña y los efectos aleatorios pueden quedar fuera de la infección, pero la inmigración de un número pequeño de infectados eventualmente hará que el proceso se vuelva a repetir. Como consecuencia, se esperarían recurrentes epidemias. Si se modifica, la parte demográfica del modelo para asumir que el crecimiento demográfico es limitado en vez de que crezca exponencialmente en ausencia de enfermedades, el efecto sería de esperar un comportamiento como el del modelo estudiado previamente, con el equilibrio endémico aproximado lentamente a un modo oscilatorio si $R_0 > 1$.

Capítulo 2

HERRAMIENTAS BÁSICA PARA TRATAR CON ECUACIONES DIFERENCIALES Y SISTEMAS DINÁMICOS.

2.1 Ecuaciones Diferenciales Ordinarias y Operadores Diferenciales.

Dada la ecuación de la forma:

$$\frac{dy}{dt} = f(t,y) \quad (2.1)$$

dada $f(t, y)$ el problema es encontrar todas las funciones $y(t)$ que satisfagan la ecuación diferencial (2.1). Un principio fundamental de las matemáticas es reducir el problema nuevo a la forma de otro problema que ya ha sido resuelto. En realidad la única ecuación diferencial de primer orden que es posible resolver es:

$$\frac{dy}{dt} = g(t) \quad (2.2)$$

donde g es una función integrable en el tiempo. Para resolver la ecuación (2.2), simplemente se integran ambos lados con respecto a t y se obtiene

$$y(t) = \int g(t)dt + c.$$

Por esto, para poder resolver cualquier otra ecuación diferencial hay que reducirla de alguna manera a la forma (2.2).

2.1.1 Ejemplos de Ecuaciones Diferenciales Simples.

Ejemplo 2.1 Dada la ecuación

$$y'(t) = f(t) \quad y(0) = y_0$$

Si la función $f(t)$ integrable, entonces podemos encontrar la solución integrando ambas partes de la ecuación. El lado derecho es integrado de 0 a T y el lado izquierdo $y(0)$ a $y(T)$:

$$y(T) = y_0 + \int_0^T f(t) dt$$

por ejemplo cuando $f(t) = \text{sen}(t)$, resulta que $y(t) = y_0 + (1 - \cos(t))$.

La mayoría de Ecuaciones Diferenciales de primer orden tienen la forma general $y'(t) = f(t, y)$, donde el lado derecho dependa de t y y , esta forma es difícil de solucionar. Si el lado derecho no depende explícitamente de t sino que solo de y , la ecuación es llamada Autónoma.

Ejemplo 2.2 Consideremos la ecuación lineal autónoma.

$$y'(t) = ay, \quad y(0) = y_0$$

La solución es $y(t) = y_0 e^{at}$. Por lo tanto tenemos que aislar la variable independiente t , de la variable dependiente y antes de que integremos

$$\frac{dy}{dt} = ay \rightarrow \frac{dy}{y} = a dt \rightarrow \ln|y| = at + c ; y(T) = y_0 e^{at}$$

Las soluciones encontradas en estos ejemplos son únicas del problema y existen para todos los valores de t .

Ejemplo 2.3 Aplicación de ecuaciones lineales (crecimiento y decrecimiento)

El problema de valor inicial

$$\frac{dy}{dt} = ky \quad x(t_0) = x_0 \quad (2.3)$$

En donde k es una constante. En Biología a menudo se observa que la rapidez con que, en cada instante, ciertas bacterias se multiplican, es proporcional al número de bacterias presentes en dicho instante. Para intervalos de corto tiempo, la magnitud de una población de animales pequeños, como de roedores, puede predecirse con bastante exactitud mediante la solución de (2.3). La constante k se puede determinar a partir de la solución de la ecuación diferencial usando una medida posterior de la población en el instante $t_1 > t_0$

Consideremos el problema:

Se sabe que la población de cierta comunidad aumenta, en un instante cualquiera, con una rapidez proporcional al número de personas presentes en dicho instante. Si la población se duplica en 5 años ¿Cuánto demorara en triplicarse? ¿Cuanto demorara en cuadruplicarse?

Solución:

$$\frac{dP}{dt} = kP, \quad P(5) = 2P$$

$$\frac{dP}{dt} = kP = 0 \Rightarrow \frac{d}{dt}(e^{-kt}P) = 0 \Rightarrow e^{-kt}P = c \Rightarrow P = ce^{kt}$$

Para $t = 0$ se tiene

$$P(t) = P_0 e^{kt}$$

Si $t = 5$ resulta que $k = 0.1386$, por lo tanto

$$P(t) = P_0 e^{0.1386t} \quad (2.4)$$

De la ecuación (2.4) se responde las preguntas anteriores ¿Cuánto demorara en triplicarse?

$$3P_0 = P_0 e^{0.1386t}$$

$$t = \frac{\ln 3}{0.1386} = 7.9 \approx 8 \quad (\text{Años})$$

Ejemplo 2.4 Consideremos la ecuación no lineal autónoma

$$y'(t) = y^2, \quad y(0) = y_0$$

Podemos escribirla

$$y^{-2} dy = dt \quad \Rightarrow \quad -1/y(T) + 1/y_0 = T \quad \text{o} \quad y(T) = \frac{y_0}{1 - y_0 T}$$

hasta ahora todo se ve bien como antes. Pero en alguna función racional podemos considerar la posibilidad que el denominador sea cero. En este caso la condición inicial es positiva, si decimos que $y_0 = 2$. ¿Qué pasara con $T = 1/2$? la solución existe pero no es única para todos los valores de t solo hasta algún tiempo crítico $T_c = 1/y_0$ (a menos de que $y_0 = 0$ en ese caso la solución es simplemente $y(t) = 0$), para los valores de $t > T_c$,

las soluciones también existe. No se pueden encontrar las soluciones en un intervalo de tiempo que contenga a T_c .

Ejemplo 3.5 Consideremos la ecuación no lineal autónoma

$$y'(t) = 3y^{2/3}, \quad y(0) = y_0$$

Como antes, nosotros tenemos

$$y^{-2/3} dy = 3dt \Rightarrow 3[y(T)]^{1/3} - 3y_0^{1/3} = 3T \Rightarrow y(T) = (y_0^{1/3} + T)^3$$

esta ecuación indica que si $y_0 = 0$, la solución esta dada por $y(t) = t^3$. Podemos asegurarnos que esta solución es correcta. Pero por simple inspección esta claro que la ecuación diferencial $y(t) = 0$ es una solución que satisface $y_0 = 0$. Así para esta condición inicial tenemos dos soluciones.

Las soluciones de las ecuaciones no lineales según lo visto pueden ser únicas y existir para todo t , ser únicas pero existir para valores arriba del punto critico ó no pueden ser únicas. Algunas ecuaciones no lineales pueden no tener solución.

Para las ecuaciones de la forma $y'(t) = f(t, y)$, la forma de la función nos proporciona información. Si f y $\frac{\partial f}{\partial t}$ son continuas en alguna región del plano, y si el punto inicial (t_0, y_0) esta en la región, entonces la solución es única en esta región como lo muestra el ejemplo 2.4

2.1.2 Campos Direccionales

A menudo podemos ver la solución de una ecuación diferencial, sin realmente solucionar la ecuación. Hacemos esto representado gráficamente el campo direccional. Consideremos la forma general de la ecuación:

$$y'(t) = f(t, y)$$

Podemos esbozar los caminos de soluciones para la ecuación como sigue. Escogemos un punto (t_0, y_0) y evaluamos en la función para determinada el sentido y dirección mediante en signo, esto se puede hacer esto muchas veces cubriendo una región cuadrada donde las flechas exterioricen la dirección de las soluciones, dependiendo de las condiciones iniciales. Este procedimiento podríamos repetirlo, en principio, para cada punto en el plano, observando que cada ecuación diferencial asociada a un punto del plano es un vector direccional. A esto lo conocemos como un *Campo Direccional*.

Ejemplo 3.6 Mostrar el campo direccional de la ecuación $y'(t) = y^2 / (1 + t^2 + y^2)$ donde se observan dos soluciones.

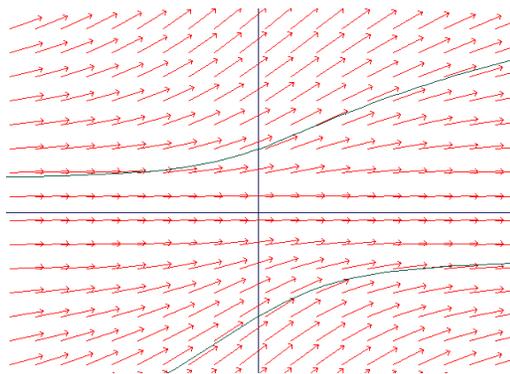


Figura 1: Muestra el campo direccional de $y'(t) = y^2 / (1 + t^2 + y^2)$.

Ejemplo 2.7 Consideremos la siguiente ecuación diferencial $y' = x - y$. Graficamos algunos elementos del campo direccional asociado con esta ecuación diferencial.

Si interpretamos a la derivada como la pendiente de la recta tangente a la grafica de la solución en un punto, vemos que la ecuación diferencial especifica la pendiente de la recta tangente a la grafica de la solución que pasa por un punto determinado.

Por ejemplo $f(1,2)$ es la pendiente de la recta tangente a la grafica de la solución que pasa por $(1,2)$, o que satisface la condición inicial $y(1) = 2$. En principio podríamos asociarle al punto $(1,2)$ un vector pendiente $f(1,2)$, que indica el crecimiento de la solución en ese punto. (Figura 2)

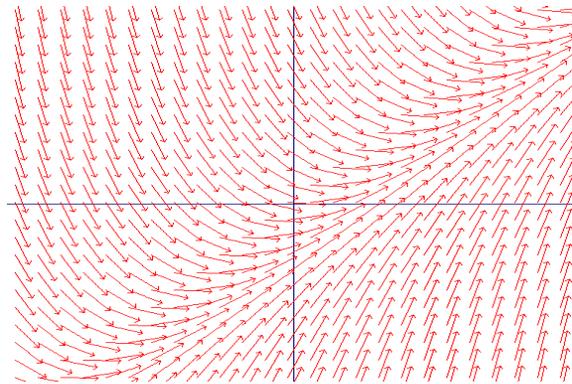


Figura 2: Muestra el campo direccional de la ecuación diferencial $y' = x - y$

Podemos apreciar el comportamiento cualitativo de las soluciones pudiendo deducir el campo direccional sin resolver la ecuación diferencial. Por ejemplo una conclusión que podemos obtener, es que todas las soluciones tienden al infinito conforme x tiende al infinito. Más específicamente, el campo direccional parece indicar que hay una solución cuya grafica es una línea recta; de hecho, parece que $y = x - 1$ es una solución y otra tipo parabólica. (Figura 3)

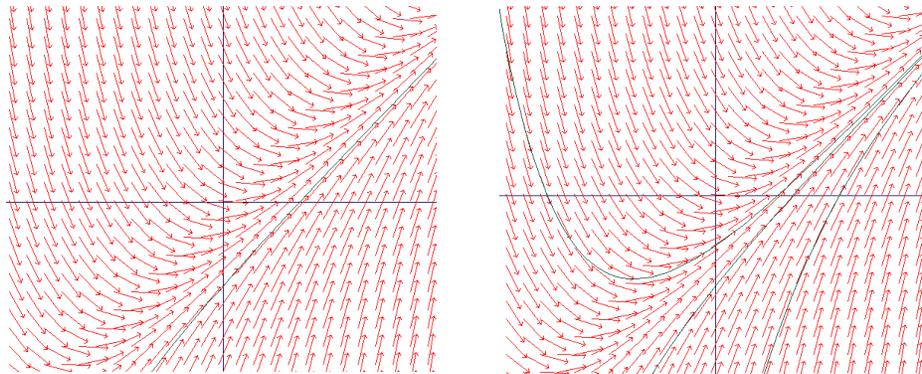


Figura 3: Muestra que la ecuación diferencial posee una solución lineal pero también hay otra solución parabólica.

2.1.3 Ecuaciones no Lineales

La mayoría de veces tenemos una ecuación diferencial no lineal que al tratar de resolverla, no sabemos como encontrar la solución. Generalmente esto ocurre por que la integral que necesitamos resolver es muy difícil. Hay ecuaciones no lineales muy especiales que pueden ser resueltas utilizando algún cambio de variable que transforme la ecuación en una que ya se pueda resolver. Un ejemplo de esto es la Ecuación de Bernoulli [Jacob Bernoulli (1654-1705)]

$$y'(t) = 7y(t) + e^t y^9(t), \quad y(0) = y_0$$

Asumamos que $y(t)$ es no cero y realicemos un cambio de variables, sea $u(t) = 1/y^8(t)$. Por la regla de la cadena, las derivadas satisfacen $u'(t) = -8y'(t)/y^9(t)$, tal que si multiplicamos la ecuación diferencial original por $[-8/y^9(t)]$, tenemos

$$-8y'(t)/y^9(t) = -56/y^8(t) - 8e^t$$

En términos de la variable $u(t)$, esto es igual a $u'(t) = -56u(t) - 8e^t$, $u(0) = 1/y_0^8$, la cual es una ecuación diferencial en términos de $u(t)$ y puede ser resuelta con un cambio de variable y multiplicándola por un factor integrante. Este tipo de procedimiento se enseña a veces en cursos de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (Denis G. Zill), pero ayuda solamente para ecuaciones que tiene una estructura específicas. En general, no hay procedimientos generales que se pueda aplicar a las ecuaciones no lineales.

2.1.4 Sistemas de Ecuaciones de Primer Orden

En general nos encontramos en la situación en la cual dos o más ecuaciones diferenciales están relacionadas con dos variables independientes. Sea $x(t)$ y $y(t)$ dos ecuaciones que se relacionan de la siguiente manera

$$\begin{aligned}x'(t) &= f(t, x, y) & x(0) &= x_0 \\y'(t) &= g(t, x, y) & y(0) &= y_0\end{aligned}$$

las dos ecuaciones están acopladas; además no pueden solucionarse por separación de variable; por lo que deben ser resultas simultáneamente. Para hacer la notación más simple, podríamos definir un vector \vec{z} consistente en las dos variables dependientes $\vec{z} = (x(t), y(t))$, y un vector \vec{F} tal que $\vec{F} = (f, g)$, entonces podemos escribir el sistema de ecuaciones como un vector singular:

$$\vec{z}'(t) = \vec{F}(t, \vec{z}) \quad \vec{z}(0) = \vec{z}_0$$

Esto muestra la notación más simple.

Ejemplo 2.8 Considere el sistema no lineal autónomo.

$$\begin{aligned}x'(t) &= x(t) - 0.01y^2(t) & x'(0) &= x_0 \\y'(t) &= x(t) + y(t) & y'(0) &= y_0\end{aligned}$$

Se debe hacer un intento hasta que encontremos la solución o hasta que quedemos convencidos que no puede resolverse. Esta ecuación puede ser resuelta usando aproximaciones gráficamente en MATLAB.

Hay diferentes formas de mostrar las soluciones; se pueden dibujar dos curvas una para $x(t)$ y otra para $y(t)$ en gráficos diferentes. Esto es bueno por que se muestra como se comporta cada variable en el tiempo. Otra forma es estimar x vrs. y , la cual conocemos como *plano fase* mostrando la trayectoria de las soluciones de (x, y) .

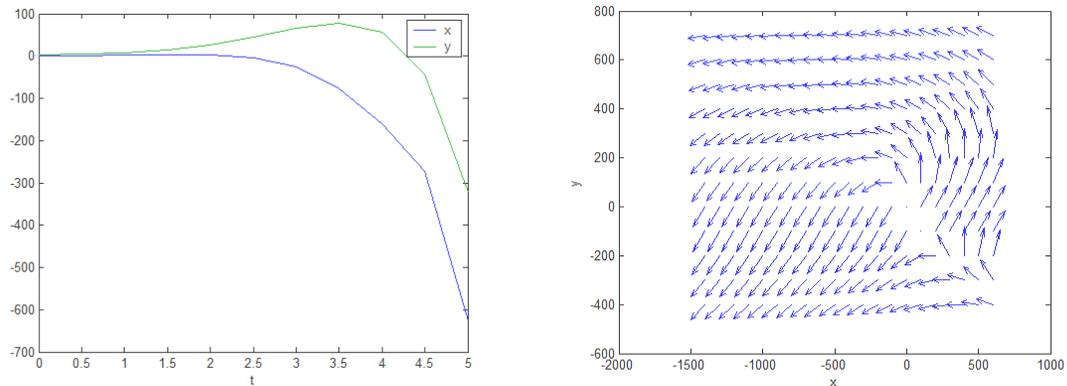


Figura 4: La figura de la izquierda muestra $x(t)$ y $y(t)$ como funciones de t , y el grafico de la derecha muestra el campo direccional en el plano fase.

Cuando el tiempo no es uno de los ejes, es más difícil interpretar con qué rapidez cambian las variables con el tiempo en el plano de fase. En otras palabras, no podemos

decir como queda en el tiempo cualquier punto dado en una trayectoria. Como antes, el campo de dirección puede ser incluido en esta gráfica, aunque en este caso ella representa la pendiente

$$\frac{dy}{dx} = \frac{y'(t)}{x'(t)}.$$

Ejemplo 2.9 Considere el sistema no lineal autónomo:

$$\begin{aligned} x'(t) &= \text{sen}(y(t)) & x(0) &= x_0 \\ y'(t) &= \cos(x(t)) & y(0) &= y_0 \end{aligned}$$

Este sistema puede ser resuelto por aproximación usando MATLAB y la solución para las condiciones iniciales $(x_0, y_0) = (-1, 0)$ se muestran en la figura 5 junto al plano fase

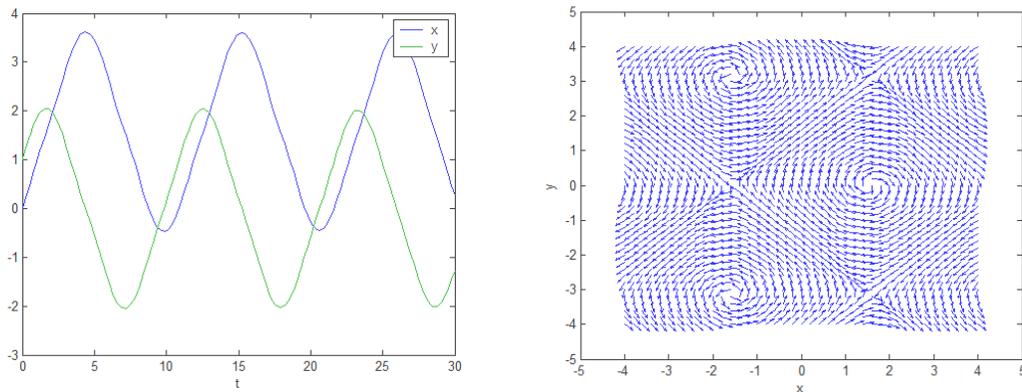


Figura 5: Muestra la solución del sistema no lineal autónomo junto al plano fase

2.1.5 Linearización ó Primera Aproximación.

Dado un sistema

$$\begin{aligned}x' &= P(x, y) \rightarrow x' = f(x) \\ y' &= Q(x, y)\end{aligned} \quad (2.5)$$

veamos, $x' = f(x)$ y consideremos x_0 es un punto de equilibrio tal que $f(x_0) = 0$, realicemos el desarrollo de Taylor:

$$f(x) = f(x_0) + f'(x_0)(x - x_0) + \frac{f''(x_0)(x - x_0)^2}{2!} + \dots$$

luego realicemos un cambio de variable.

Sea

$$\begin{aligned}y &= x - x_0 \\ y' &= x'\end{aligned}$$

entonces de $x' = f(x)$ resulta que $y' = f'(x_0)y + \frac{f''(x_0)y^2}{2!} + \dots$ y así

$$x' = f(x) \Rightarrow y' = f'(x_0)y \quad (2.6)$$

Donde (2.6) garantiza la estabilidad del punto crítico, es decir si la derivada es positiva se aleja del origen y si es negativa se acercan al origen.

Llamamos linearización en x_0 , a lo que es valido en una vecindad del mismo punto. En base a esto se puede ver el comportamiento de cada punto crítico. En el sistema (2.6), tomamos un punto crítico del sistema.

Sea (x_∞, y_∞) , tal que anule a $P(x, y) = 0$ y a $Q(x, y) = 0$, escribiendo la serie de Taylor para x' y y'

$$x' = P(x, y) = P(x_\infty, y_\infty) + \frac{\partial P}{\partial x} \Big|_{(x_\infty, y_\infty)} (x - x_0) + \frac{\partial P}{\partial y} \Big|_{(x_\infty, y_\infty)} (y - y_0) + \text{Términos de orden 2}$$

$$y' = Q(x, y) = Q(x_\infty, y_\infty) + \frac{\partial Q}{\partial x} \Big|_{(x_\infty, y_\infty)} (x - x_0) + \frac{\partial Q}{\partial y} \Big|_{(x_\infty, y_\infty)} (y - y_0) + \text{Términos de orden 2}$$

Así

$$u(t) = x(t) - x_0$$

$$v(t) = y(t) - y_0$$

entonces

$$u' = \frac{\partial P}{\partial x} \Big|_{p_\infty} u + \frac{\partial P}{\partial y} \Big|_{p_\infty} v \quad v' = \frac{\partial Q}{\partial x} \Big|_{p_\infty} u + \frac{\partial Q}{\partial y} \Big|_{p_\infty} v$$

ó

$$\begin{pmatrix} u' \\ v' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\partial P}{\partial x} & \frac{\partial P}{\partial y} \\ \frac{\partial Q}{\partial x} & \frac{\partial Q}{\partial y} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} \quad (\text{Jacobiano})$$

Se puede hacer para cada punto de equilibrio.

2.1.6 Plano Fase y Puntos de Equilibrio.

Un sistema de ecuaciones diferenciales a menudo tiene puntos de equilibrio que son soluciones del sistema.

Ejemplo 2.10 Dado el sistema no lineal autónomo:

$$\begin{aligned}y_1'(t) &= y_1(t) - 0.01y_2^2(t) \\ y_2'(t) &= y_1(t) + y_2(t)\end{aligned}$$

se asume que las condiciones iniciales son $(y_1(0), y_2(0))$. Para las ecuaciones se observa que $y_1'(0) = y_2'(0) = 0$ a fin que las soluciones permanezcan constantes en el tiempo. Por consiguiente el punto $(0,0)$ es un punto de equilibrio ya que satisface el sistema.

Un sistema puede tener más de un equilibrio. Podríamos poner a cero el lado izquierdo de las ecuaciones para obligar las soluciones a permanecer constantes el tiempo. Luego tendríamos dos ecuaciones $y_1 - 0.01y_2^2 = 0$ y $y_1 + y_2 = 0$ que se resuelven simultáneamente. Todas las soluciones de estas ecuaciones algebraicas son puntos de equilibrio. Encontramos además, un segundo punto de equilibrio que es $(-100, 100)$, (Figura 6)

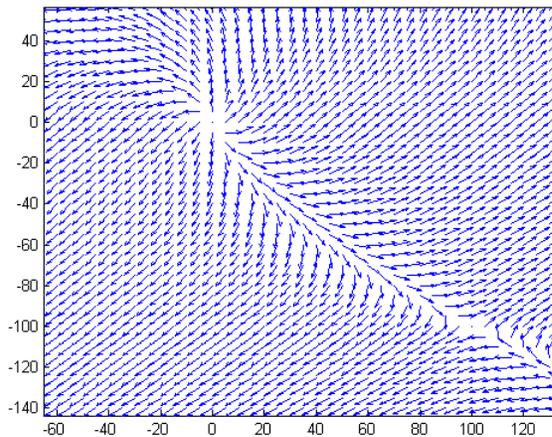


Figura 6: Muestra los dos puntos de equilibrio del sistema no lineal autónomo

2.2 Teoría de Perturbación para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias.

Dado un sistema
$$\begin{cases} x'(t) = f(t, \varepsilon) \\ x(0) = a \end{cases}$$

como f depende de ε , la solución $x(t)$ va a depender también de ε . Como ε es pequeño podemos construir una serie de Taylor alrededor de x

$$x(t, \varepsilon) = x_0(t) + \varepsilon x_1(t) + \varepsilon^2 x_2(t) \dots \quad (2.7)$$

Se tiene que

$$x_0'(t) + \varepsilon x_1'(t) + \varepsilon^2 x_2'(t) + \dots = f(x(t, \varepsilon), \varepsilon)$$

La expansión de Taylor de $f(x(t, \varepsilon), \varepsilon)$ es

$$f(x(t, \varepsilon), \varepsilon) = f(x(t, 0), 0) + \varepsilon \left. \frac{df}{d\varepsilon} \right|_{\varepsilon=0} + \varepsilon^2 \dots$$

donde $\frac{df}{d\varepsilon} = \frac{\partial f}{\partial x} \cdot \frac{dx}{d\varepsilon} + \frac{\partial f}{\partial \varepsilon}$ (regla de la cadena)

$$= f_x [x_1(t) + 2\varepsilon x_2(t) + \dots] + f_\varepsilon$$

por lo tanto $f(x(t, \varepsilon), \varepsilon) = f(x_0(t), 0) + \varepsilon [f_x(x_0(t), 0)x_1(t) + f_\varepsilon(x_0(t), 0)] + \varepsilon^2 \dots$, de lo que resulta $x_0'(t) = f(x_0(t), 0)$ y $x_1'(t) = [f_x(x_0(t), 0)x_1(t) + f_\varepsilon(x_0(t), 0)]$

Ejemplo 2.11 Dado un sistema

$$x'(t) = 1 + (1 + \varepsilon)x^2, \quad x(0) = 0$$

En este caso $f(x, \varepsilon) = 1 + (1 + \varepsilon)x^2$, se supone que la solución tiene la forma de:

$$x(t) = x_0(t) + \varepsilon x_1(t) + \varepsilon^2 x_2(t) + \dots \text{ y } \frac{df}{d\varepsilon} = \frac{\partial f}{\partial x} \cdot \frac{dx}{d\varepsilon} + \frac{\partial f}{\partial \varepsilon} \text{ tendrá que ser}$$

$$\begin{aligned} \frac{df}{d\varepsilon} &= \frac{\partial f}{\partial x} \cdot \frac{dx}{d\varepsilon} + x^2 = (1 + \varepsilon)(2x) \frac{dx}{d\varepsilon} + x^2 \\ &= (1 + \varepsilon)(2x) [x_1(t) + 2x_2(t) + \dots] + [x_0 + \varepsilon x_1 + \varepsilon^2 x_2 + \dots]^2 \end{aligned}$$

$$\text{donde } \left. \frac{df}{d\varepsilon} \right|_{\varepsilon=0} = 2x_0 x_1 + x_0^2$$

$$\text{Entonces } f(x, \varepsilon) = f(x_0, 0) + \varepsilon \left. \frac{df}{d\varepsilon} \right|_{\varepsilon=0} + \dots$$

$$f(x, \varepsilon) = [1 + x_0^2] + \varepsilon (2x_0 x_1 + x_0^2) + \dots$$

Por la ecuación original tenemos

$$\begin{aligned} x_0'(t) &= 1 + x_0^2 & x_0(0) &= 0 \\ x_1'(t) &= 2x_0 x_1 + x_0^2 & x_1(0) &= 0 \end{aligned}$$

La solución es $x(t) \approx x_0(t) + \varepsilon x_1(t)$ y permite determinar:

- $x_0 = \tan(t) \rightarrow 1 + \tan^2(t) = \sec^2(t)$
- $x_1'(t) = 2 \tan(t)x_1(t) + \tan^2(t)$

La ecuación que resulta es

$$x_1(t) = \frac{1}{2}(t \sec^2(t) - \tan(t))$$

Ahora

$$x(t) \approx \tan(t) + \varepsilon \left[\frac{1}{2}(t \sec^2(t) - \tan(t)) \right]$$

$$x(t) \approx (1 + \varepsilon) \tan(t) + \frac{1}{2}(\varepsilon t \sec^2(t))$$

Así $x(t)$ resulta ser una aproximación a la solución.

2.3 Aproximación a Soluciones Usando Métodos Numéricos

Supongamos que solucionamos la ecuación

$$y'(t) = f(t, y) \quad y(0) = y_0$$

Además conocemos la solución cuando $t=0$, como primer paso, podemos tratar de encontrar la solución para $t=\tau$ un tiempo pequeño después. Podemos hacer un primer intento usando el teorema del valor medio para la función desconocida $y(t)$ y evaluarla para algunos valores de r entre 0 y τ entonces

$$y(\tau) - y(0) = y'(r)(\tau - 0) \Rightarrow y(\tau) = y_0 + \tau f(r, y(r)) \quad (2.8)$$

El problema claro está, es que no sabemos quien es r . En la sección siguiente se discutirán métodos que difieren únicamente en la aproximación de los términos $f(r, y(r))$.

2.3.1 Método de Euler

Podemos hacer una elección para aproximar $y'(t)$ en $t = 0$, en este caso

$$y'(t) = y_0 + \tau f(0, y_0)$$

entonces la solución o la aproximación al nivel $t + \tau$ puede ser conocida a partir de la solución que ya se tiene en t . Por ejemplo si se considera $t = 2\tau$ la solución estaría dada por:

$$y'(2\tau) = y(\tau) + \tau f(\tau, y(\tau))$$

Una forma más general es usar la notación $t_n = n\tau$ y $y_n = y(n\tau)$, podemos encontrar nuestra solución aproximada usando la iteración

$$y_{n+1} = y_n + \tau f(\tau, y(\tau)) \quad \text{para } n = 0, 1, 2, 3, \dots$$

Este es el método de Euler.

2.3.2 Método de Euler Modificado.

Otro acercamiento es que la pendiente $y'(r)$ debería ser aproximada por el *promedio de los valores en $r = 0$ y $r = \tau$* . Esto guarda relación con la regla trapezoidal para aproximar integrales. En este caso la pendiente sería

$$y'(r) = f(r, y(r)) \approx \frac{1}{2}(f(0, y_0) + f(\tau, y(\tau)))$$

pero el problema es que en esta ecuación necesitamos conocer $y(\tau)$ la cual es exactamente la que queremos encontrar. Para abordar este problema, podemos por ahora dar supuesto que la función $y(t)$ puede ser aproximada por una función lineal en el intervalo $0 \leq t \leq \tau$. La función lineal podría ser

$$Y_L(t) = y_0 + tf(0, y_0)$$

Entonces podemos aproximar la pendiente $y'(\tau)$ por $\frac{1}{2}(f(0, y_0) + f(\tau, Y_L(\tau)))$ y la podemos usar aproximar a la solución. Podemos escribir el método final en tres pasos:

1. El conjunto $m_1 = f(0, y_0)$
2. El conjunto $m_2 = f(t_{n+1}, Y_L(\tau)) = f(\tau, y_0 + \tau m_1)$
3. Sea $y(\tau) = y_0 + \tau \left(\frac{m_1 + m_2}{2} \right)$

De forma más general, si usamos la notación $t_n = n\tau$ y $y_n = y(n\tau)$ podemos encontrar la aproximación por:

1. El conjunto $m_1 = f(t_n, y_n)$
2. El conjunto $m_2 = f(t_{n+1}, Y_L(t_{n+1})) = f(t_{n+1}, y_n + \tau m_1)$
3. Sea $y_{n+1} = y_n + \tau \left(\frac{m_1 + m_2}{2} \right)$ para $n = 0, 1, 2, 3, \dots$

2.3.3 Método de Taylor (orden 2)

Para cualquier función de la forma $F(x(t), y(t))$ la expansión de la serie de Taylor aproximadamente es encontrada haciendo uso de la regla de la cadena.

Esto es:

$$\frac{d}{dt} F(x(t), y(t)) = F_x(x(t), y(t))x'(t) + F_y(x(t), y(t))y'(t)$$

Las derivadas de orden superiores pueden ser encontradas del mismo modo que haciendo repetidamente el uso de la regla de la cadena. Por consiguiente:

$$F(x(t), y(t)) = F(x(0), y(0)) + t \frac{dF}{dt}(x(0), y(0)) + \frac{t^2}{2} \frac{d^2F}{dt^2}(x(0), y(0)) + \dots$$

$$= F(x_0, y_0) + t \left[F_x(x_0, y_0)x'(0) + F_y(x_0, y_0)y'(0) \right] + O(t^2).$$

Regresando a nuestro problema (2.11), además $y'(t) = f(t, y(t))$, podemos integrar de $t = 0$ a $t = \tau$ obteniendo

$$y(\tau) - y(0) = \int_0^\tau f(r, y(r)) dr$$

Un Ejemplo Usando los Tres Métodos

Ejemplo 2.11 Considere la ecuación diferencial

$$y'(t) = -2ty, \quad y(0) = 2$$

esta es una ecuación muy simple que puede ser solucionada exactamente (realmente no necesitamos tanto un método numérico), utilizaremos la solución exacta para determinar que tan bueno es el método. La solución exacta es

$$y(t) = 2e^{-t^2}$$

se utilizara la notación $t_n = \tau n$ y $y_n = y(t_n)$, para todos los métodos numéricos. Observe que en este caso la función en cuestión es $f(t, y) = -2ty$.

- Recordando el Método de Euler, la solución esta dada aproximadamente por:

$$y_{n+1} = y_n + \tau(-2t_n y_n) = (1 - 2t_n \tau) y_n, \quad \text{para } n = 0, 1, 2, 3, \dots \quad (2.9)$$

- Recordando el Método de Euler Modificado, la solución esta dada aproximadamente por:

1. El sistema $m_1 = -2t_n y_n$
2. El sistema $m_2 = -2t_{n+1} Y_L(t_{n+1}) = 2t_{n+1} (y_n + \tau m_1)$
3. Sea $y_n + \tau \left(\frac{m_1 + m_2}{2} \right)$, para $n = 0, 1, 2, 3, \dots$

Esta última ecuación se convierte (usando $t_{n+1} = t_n + \tau$)

$$y_{n+1} = y_n \left[1 - 2t_n \tau + (1 + 2t_n^2) \tau^2 + 2t_n \tau^3 \right], \text{ para } n = 0, 1, 2, 3, \dots \quad (2.10)$$

Recordando el Método de Taylor, desde entonces $f_t = -2y$ y $f_y = -2t$, la solución esta dada aproximadamente por:

$$y_{n+1} = y_n \left[1 - 2t_n \tau + (-1 + 2t_n^2) \tau^2 \right], \text{ para } n = 0, 1, 2, 3, \dots \quad (2.11)$$

La solución numérica usando $\tau = 0.25$ en los métodos (2.9), (2.10) y (2.11).

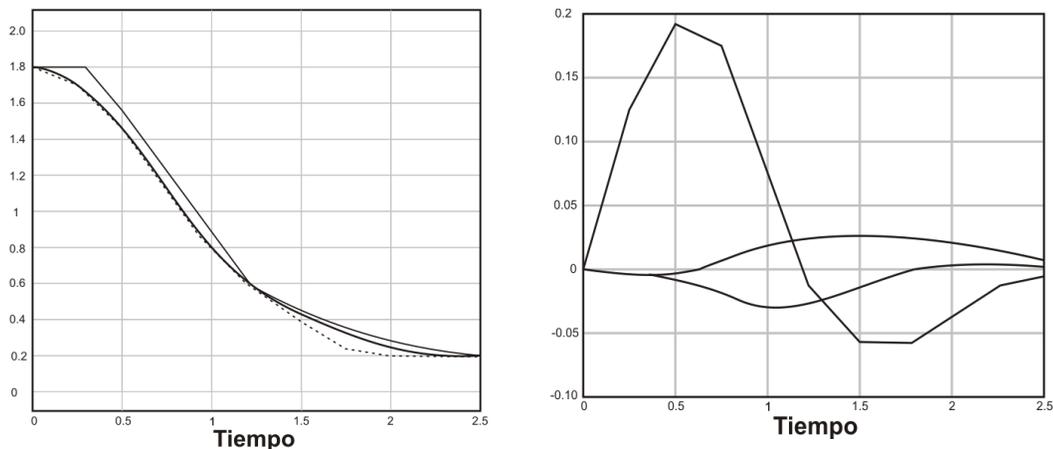


Figura 7: Muestra la solución exacta y las aproximaciones a la ecuación diferencial a través de los tres métodos estudiados.

En la Figura 7 la línea gruesa es la solución exacta. La peor aproximación es la del método Euler. Los otros dos métodos dan aproximaciones mejores y es difícil decir a partir de la figura cuál uno es el mejor. Discutiremos los errores más detalladamente en la sección siguiente pero para ahora, podemos trazar la diferencia entre las soluciones aproximadas y la exacta para exhibir los errores.

Podemos ver que el error del Método de Euler es mucho más grande que el error en otro método. En hecho, el error en el método de Euler parece estar en el mismo orden de la

magnitud que el paso del tiempo τ . El método de Euler modificado y el método de Taylor tiene diferentes errores, pero sus magnitudes son comparables una con otra. En general, estos errores parecen tener un orden de la magnitud comparable a $\tau^2 = 0.0625$.

2.4 Análisis del Error

El error asociado a cada método numérico en el ejemplo anterior puede ser analizado desarrollando la solución exacta en una serie de Taylor. Además cada método numérico puede ser desarrollado por una serie de Taylor para su comparación.

Para $y'(t) = -2ty(t)$, se tiene

$$y''(t) = -2y(t) - 2ty'(t) = -2y(t) + 4t^2y(t) = -2(1 - 2t^2)y(t)$$

$$y'''(t) = -2(-4t)y(t) - 2(1 - 2t^2)y'(t) = 4(3t - 2t^3)y(t)$$

La serie de Taylor para $y(t_n + \tau)$ centrada en t_n es entonces:

$$y(t_n + \tau) = y(t_n) + \tau y'(t_n) + \frac{1}{2} \tau^2 y''(t_n) + \frac{1}{6} \tau^3 y'''(t_n) + \dots$$

$$= y(t_n) + 2t_n \tau y(t_n) - (1 - 2t_n^2) \tau^2 y(t_n) + \frac{2}{3} (3t_n - 2t_n^3) \tau^3 y(t_n) + \dots$$

$$= y(t_n) \left[1 + 2t_n \tau + (-1 + 2t_n^2) \tau^2 + \frac{2}{3} (3t_n - 2t_n^3) \tau^3 + \dots \right]$$

Si se compara esta ecuación con el método de Euler en (2.9), se observa que únicamente los términos arriba de τ son emparejados. Un método numérico tiene generalmente errores pequeños cuando se empareja tantos términos como sea posible en las series de

Taylor. Además que hay una discrepancia en el término τ^2 , se dice que el método de Euler tiene un *error de truncamiento local* de $O(\tau^2)$. La frase de truncamiento local indica que éste es un error después de una unidad de tiempo. Después de dos unidades de tiempo, el error podría ser tan grande como $O(2\tau^2)$, y después de N unidades de tiempo, el error podría ser tan grande como $O(N\tau^2)$. Note que si se tienen N unidades de tiempo para alcanzar el tiempo final T ($= 2.5$ en el ejemplo), entonces $N\tau = T$, el cuál no es más grande a un número pequeño. Por lo tanto, $O(N\tau^2) = O(\tau)$, y se dice que por fines de calculo el *error global* en el método de Euler es $O(\tau)$ (es proporcional a τ). Por esta razón se dice que el método de Euler es exacto de primer orden.

Comparando la solución exacta al método de Euler modificado en (2.10), se observan que los términos arriba de τ^2 son emparejados. El término τ^3 es parcialmente emparejado pero si este no esta emparejado completamente, no ayuda necesariamente. En este caso, el error de truncamiento local es $O(\tau^3)$ además este es el primer término de la expansión donde hay una discrepancia. Esto implica que el error global en el método de Euler modificado es $O(\tau^2)$. Además el error global es proporcional a τ^2 (no a τ), el cual es mucho más pequeño cuando τ es pequeño. Por esta razón decimos que el método de Euler modificado es exacto de segundo orden.

Comparando la solución exacta con el método de Taylor en (2.11), se observa que los términos que se encuentran arriba de τ^2 son también emparejados. Lo que sugiere que el error de truncamiento local no es igual que en el método de Euler modificado, Aun $O(\tau^3)$ implica que el error global es $O(\tau^2)$. Además el Método de Taylor de orden 2 es también exacto de segundo orden.

Estos resultados no son únicamente válidos en la ecuación diferencial del ejemplo anterior, ellos son válidos para cualquiera ecuación $y'(t) = f(t, y)$, donde la función $f(t, y)$ es suave o lisa (tiene muchas derivadas continuas).

2.5 Examinación Numérica del Orden de Exactitud.

En la sección anterior se dice que el error global en los tres métodos numéricos (de Euler, Euler Modificado y de Taylor) es proporcional a τ , τ^2 y τ^2 respectivamente. Esto puede ser corroborado numéricamente.

Una manera de hacer esto es como sigue. Se supone que la solución numérica en un tiempo $t = T$ de un método particular tiene un error global proporcional a τ^p (donde el exponente p representa el orden de exactitud). Entonces para una constante C , se dice que el error en el tiempo T es una función de τ , de como

$$Error(\tau) = C\tau^p$$

Esto significa que si solucionamos el mismo problema con un unidad de tiempo que sea medio $\tau/2$ tan grande como la primera vez, (tenemos que llevar dos veces tantas medidas de tiempo para alcanzar T) el error esta vez debe ser:

$$Error(\tau/2) = C(\tau/2)^p = Error(\tau)/2^p.$$

lo cual muestra que la unidad de tiempo se reduce por el factor de 2 haciendo que el error disminuya por un factor 2^p . Para $p = 2$ qué es un método de segundo orden, el error decrece por un factor de 4 cada vez que se parte en dos la unidad de tiempo. En el ejemplo de la sección pasada, se estima el orden de exactitud de los métodos numéricos de esta manera porque se sabe que la solución es exacta. Por lo tanto, cada vez que

encontramos un a solución numérica se puede calcular el error restándole la solución exacta.

Por ejemplo, en la tabla 1 muestra el error en los tres métodos discutidos en las secciones anteriores. Los tres valores usados de la unidad de tiempo eran τ , $\tau/2$ y $\tau/4$ comenzando con $\tau = 0.0625$

Tabla 1: Muestra el error en los tres métodos numéricos para diferentes unidades de tiempo.

Máximos Errores para $0 \leq t \leq 2.5$			
τ	Euler	Euler Modif.	Taylor 2
0.062500	0.042461259	0.001523347	0.002129333
0.031250	0.020806632	0.000365961	0.000526643
0.015625	0.010282964	0.000089757	0.000130877

Usando las dos filas inferiores de la tabla podemos calcular para el método de euler

$$\frac{Error(\tau/2)}{Error(\tau/4)} = \frac{0.020806632}{0.010282964} = 2.02 \approx 2^1$$

para el método de euler modificado

$$\frac{Error(\tau/2)}{Error(\tau/4)} = \frac{0.000365961}{0.000089757} = 4.08 \approx 2^2$$

y para el método de taylor

$$\frac{Error(\tau/2)}{Error(\tau/4)} = \frac{0.000526643}{0.000130877} = 4.02 \approx 2^2$$

Estos resultados son consistentes con la discusión en la sección anterior.

La mayoría de veces la solución exacta de un problema no se conoce, no se puede calcular el error en una solución numérica dada de manera de cómo se ha hecho aquí. ¿Se puede calcular el orden de exactitud del método? Se puede resolver el problema numéricamente de tres diversas formas con tres diversas unidades de tiempo. Por ejemplo se puede solucionar con la unidad de tiempo τ , entonces con una mitad de la unidad de tiempo tan grande como $\tau/2$ y finalmente con paso del tiempo $\tau/4$. La razón es que el error en una solución numérica está definido como la diferencia entre la solución numérica y la solución exacta:

$$Error(\tau) = Numerico(\tau) - Exacto$$

por lo tanto

$$\begin{aligned} Error(\tau) - Error(\beta\tau/2) &= [Numerico(\tau) - Exacto] - [Numerico(\tau/2) - Exacto] \\ &= Numerico(\tau) - Numerico(\tau/2). \end{aligned}$$

También el error en una solución numérica no puede ser calculado sin la solución exacta pero la **diferencia en errores** entre las dos soluciones numéricas puede ser calculada sin la solución exacta. Si el método depende de τ según lo explicado al inicio de esta sección, entonces

$$\frac{Error(\tau) - Error(\tau/2)}{Error(\tau/2) - Error(\tau/4)} = \frac{C\tau^p - C(\tau/2)^p}{C(\tau/2)^p - C(\tau/4)^p} = 2^p \quad (2.12)$$

de modo que para el cálculo numérico se puede estimar el orden de exactitud p .

Usando las tres filas de la tabla, se forman los cocientes en (2.12) y se estima el orden correspondiente de exactitud p para cada método.

Para el método de euler

$$\frac{0.042461259 - 0.020806632}{0.020806632 - 0.010282964} = 2.06 \approx 2^1$$

para el método de euler modificado

$$\frac{0.001523347 - 0.000365961}{0.000365961 - 0.000089757} = 4.19 \approx 2^2$$

y para el método de taylor

$$\frac{0.002129333 - 0.000526643}{0.000526643 - 0.000130877} = 4.05 \approx 2^2$$

De hecho, estos resultados son consistentes con la discusión en la sección anterior.

2.6 El Método de Runge Kutta

El método de Runge-Kutta es muy popular para la aproximación de las soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias. Se estudiara uno de estos tres métodos porque el método de euler modificado también es conocido como Runge-Kutta de orden 2. Los métodos de Runge-Kutta se caracterizan por aproximar la pendiente $y'(r)$ por una combinación de valores de la función f . El método de euler modificado usa una combinación de dos valores de la función. El método de Runge-Kutta de orden 4 (MRK4) es

1. El sistema $m_1 = f(t_n, y_n)$
2. El sistema $m_2 = f(t_n + \tau/2, y_n + (\tau/2)m_1)$
3. El sistema $m_3 = f(t_n + \tau/2, y_n + (\tau/2)m_2)$
4. El sistema $m_4 = f(t_n + \tau, y_n + \tau m_3)$
5. Sea $y_{n+1} = y_n + \tau \left(\frac{m_1 + 2m_2 + 2m_3 + m_4}{6} \right)$, para $n = 0, 1, 2, 3, \dots$

Si se toma el tiempo para ampliar cada pedazo de esto en una serie de Taylor alrededor de t_n , se observa que este método tiene un error de truncamiento local $O(\tau^5)$ y por lo tanto un error global $O(\tau^4)$. Por lo tanto se puede utilizar el ejemplo anterior e incluir en la tabla de errores lo obtenido por el método de **RK4**. Los valores actualizados están en la tabla 2.

Tabla 2: Muestra los errores en los métodos numéricos incluyendo RK4 para tres diferentes unidades de tiempo τ .

Máximos Errores para $0 \leq t \leq 2.5$				
τ	Euler	Euler Modif.	Taylor	RK4
0.062500	4.24613×10^{-2}	15.2335×10^{-4}	21.2933×10^{-4}	2.09662×10^{-6}
0.031250	2.08066×10^{-2}	3.65961×10^{-4}	5.26643×10^{-4}	0.12220×10^{-6}
0.015625	1.02830×10^{-2}	0.89757×10^{-4}	1.30877×10^{-4}	0.00737×10^{-6}

Note que el error en el método de **RK4** es significativamente pequeño comparado a los errores de los otros métodos cuando se usa alguna unidad de tiempo. Se puede estimar el orden de exactitud usando las dos filas inferiores (como antes):

$$\frac{Error(\tau/2)}{Error(\tau/4)} = \frac{0.12220 \times 10^{-6}}{0.00737 \times 10^{-6}} = 16.58 \approx 2^4$$

Usando el segundo método, se obtiene

$$\frac{2.09662 \times 10^{-6} - 0.12220 \times 10^{-6}}{0.12220 \times 10^{-6} - 0.00737 \times 10^{-6}} = 17.19 \approx 2^4$$

Ilustra la exactitud de orden cuarto.

MÉTODOS BÁSICOS PARA EL DESARROLLO DE MODELOS DETERMINÍSTICOS EN EL AREA DE BIOLOGIA Y EPIDEMIOLOGIA.

3.1 Las Ecuaciones de Lotka Volterra

En 1920 Vito Volterra se preguntó si era posible explicar las fluctuaciones observadas en las poblaciones de peces en el mar Adriático, lo cual era de preocupación para los pescadores en los tiempos en que la población de peces era baja. Volterra en 1926 construyó un modelo que después llegó a ser conocido como el modelo de Lotka Volterra, basándose en la suposición de que los peces y los tiburones tenían una relación depredador-presa. A continuación se da una breve descripción del modelo sugerido por Lotka Volterra.

Sea $x(t)$ el número de peces y $y(t)$ el número de tiburones en el tiempo t . Se asume que el **plancton**, que es la comida de los peces, es ilimitado y de esta manera la razón de crecimiento per-capita de la población de peces en ausencia de tiburones permanecería constante. Además si no hay tiburones la población de peces podría satisfacer una ecuación diferencial de la forma $dx/dt = \lambda x$. Por otra parte, los tiburones dependen de los peces para su alimentación, además considerando que si no hay peces los tiburones tendrán una razón de mortalidad per-capita constante; así, en ausencia de peces, la población de tiburones satisface una ecuación diferencial de la forma $dx/dt = -\mu y$. Se asume que la presencia de peces incrementa la razón de crecimiento de los tiburones, cambiando la razón de crecimiento per-capita de los tiburones de $-\mu$ a $-\mu + cx$. La presencia de tiburones reduce la población de peces, cambiando la razón de crecimiento

per-capita de los peces de λ a $\lambda - by$. Esto nos da el sistema de ecuaciones de Lotka Volterra.

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= x(\lambda - by) \\ \frac{dy}{dt} &= y(-\mu + cx) \end{aligned} \quad (3.1)$$

El sistema no puede ser resuelto analíticamente, pero se puede obtener alguna información sobre el comportamiento de estas soluciones. En lugar de intentar resolver el sistema para x e y como funciones de t , eliminemos t y busquemos la relación entre x e y . En términos geométricos, estudiemos el *plano de fase*. Busquemos las orbitas o trayectorias de las curvas solución en el plano fase representando así la relación funcional entre x e y con el tiempo t como parámetro. Eliminemos t de las ecuaciones del sistema de Lotka-Volterra por división

$$\frac{dy/dt}{dx/dt} = \frac{dy}{dx} = \frac{y(-\mu + cx)}{x(\lambda - by)}$$

resolviendo la ecuación diferencial por variables separadas

$$\int \frac{-\mu + cx}{x} dx = \int \frac{\lambda - by}{y} dy \rightarrow -\mu \log x + cx = \lambda \log y - by + h$$

donde h es una constante de integración, o $-\mu \log x + cx - \lambda \log y + by = h$. El valor mínimo de la función $V(x, y) = -\mu \log x + cx - \lambda \log y + by = h$ es obtenido colocando $\partial V / \partial x = 0$ y $\partial V / \partial y = 0$. Entonces $c - \mu/x = 0$ y $b - \lambda/y = 0$ ó $x = \mu/c$ y $y = \lambda/b$.

Este es un equilibrio del sistema de Lotka Volterra. (Si definimos una solución constante como $x \equiv \mu/c \equiv x_\infty$ y $y \equiv \lambda/b \equiv y_\infty$), el cual también se puede describir por la ecuación.

$$V(x, y) = h_0 = -\mu \log x_\infty - \lambda \log y_\infty + by_\infty + cx_\infty = -\mu \log \frac{\mu}{c} - \lambda \log \frac{\lambda}{b} + \mu + \lambda$$

Cada orbita del sistema se da implícitamente por la ecuación $V(x, y) = h$ para alguna constante $h > h_0$, la cual esta determinada por la condición inicial. Si se realiza un cambio de variable $x = x_\infty + u = \mu/c + u$ y $y = y_\infty + v = \lambda/b + v$, resulta

$$V(x, y) = -\mu \log\left(\frac{\mu}{c} + u\right) - \lambda \log\left(\frac{\lambda}{b} + v\right) + c\left(\frac{\mu}{c} + u\right) + b\left(\frac{\lambda}{b} + v\right) = h$$

Se observa que
$$\log\left(\frac{\mu}{c} + u\right) = \log \frac{\mu}{c} + \log\left(1 + \frac{cu}{\mu}\right)$$

y si $h - h_0$ es pequeño se puede utilizar la aproximación de $\log(1+x) \approx x - x^2/2$ para aproximar esta expresión cerca de

$$\log \frac{\mu}{c} + \frac{cu}{\mu} - \frac{c^2 u^2}{\mu^2}.$$

Similarmente podemos aproximar $\log(\lambda/b + v)$ por $\lambda/b + bv/\lambda - b^2 v^2/\lambda^2$. Entonces las orbitas $V(x, y) = h$ se aproxima cerca de

$$-\mu \log \frac{\mu}{c} - cu + \frac{c^2}{\mu} u^2 - \lambda \log \frac{\lambda}{b} - bv + \frac{b^2}{\lambda} v^2 + \mu + cu + \lambda + bv = h \quad \text{ó}$$

$$\frac{c^2}{\mu}u^2 + \frac{b^2}{\lambda}v^2 = h + \mu \log \frac{\mu}{c} + \lambda \log \frac{\lambda}{b} - \mu - \lambda = h - h_0$$

lo cual representa una elipse (Si $h > h_0$) con el equilibrio (x_∞, y_∞) en el centro. Esto muestra que si $h - h_0$ es pequeño y positivo las órbitas son curvas cerradas alrededor del equilibrio; además como las soluciones se extienden alrededor de las órbitas cerradas entonces debe ser *periódica*. Así el modelo de Lotka Volterra predice fluctuaciones que habían sido observadas experimentalmente. Es posible demostrar que el período de oscilación de está aproximadamente es dado por $2\pi / \lambda\mu$, y es fácil ver el retrato de fase que la población máxima de la presa viene un cuarto de ciclo antes que la población máxima depredadora. (Figura 8).

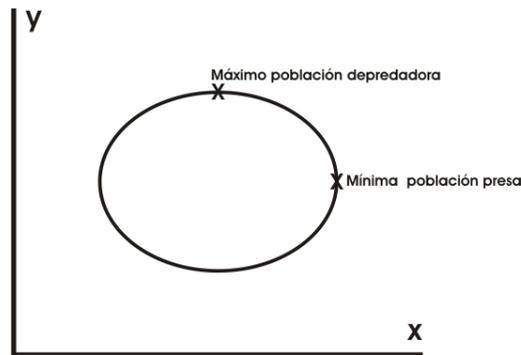


Figura 8: La población máxima de la presa viene en un cuarto de un ciclo ante la población depredadora máxima

El modelo de Lotka Volterra representó un primer triunfo en las tentativas del modelaje matemático en biología poblacional. Sin embargo, fuera de esto hay serios defectos en el modelo. Cualquier tentativa en el refinamiento por la introducción de términos en el crecimiento de la tasa per-capita, tal como en la ecuación logística para una sola población conduce a que las soluciones tienen un comportamiento cualitativamente diferente, las órbitas se mueven en espiral hacia el equilibrio en vez de orbitas periódicas.

Para construir un modelo que predice soluciones periódicas, se tendrá que asumir que las tasas de crecimiento per-capita para las dos especies sean no lineales.

Ejemplo 3.1. Describa las orbitas del sistema

$$\begin{aligned}x' &= y \\ y' &= -x\end{aligned}$$

Solución. Si consideramos a y en función de x tenemos

$$\int y dy = -\int x dx = \frac{y^2}{2} = -\frac{x^2}{2} + c$$

Así cada orbita es un círculo $x^2 + y^2 = 2c$ con centro en el origen. Alternativamente se puede definir la función $V(x, y) = x^2 + y^2$ y calcular

$$\frac{d}{dt}[V(x(t), y(t))] = 2x \frac{dx}{dt} + 2y \frac{dy}{dt} = 2xy - 2xy = 0$$

se observa $V(x, y) = x^2 + y^2$ es constante.

3.2 Equilibrio y Linearización

Una de las herramientas principales en el estudio de los modelos continuos para dos poblaciones que interactúan recíprocamente es la linearización de equilibrios. Sin embargo, como la linearización que resulta puede dar únicamente información sobre el comportamiento de la soluciones cerca del equilibrio, entonces no permite examinar preguntas tales como la existencia de órbitas. El hecho básico es el análogo del resultado

establecido para un sistema de una dimensión (o ecuaciones de primer orden), el saber que el comportamiento de las soluciones cerca de un equilibrio esta determinado por el comportamiento de las soluciones de la linearización en el equilibrio. Puesto que hay una variedad de comportamientos posibles de las soluciones de la linearización, también tendremos que realizar una clasificación de equilibrios según el comportamiento de soluciones en el equilibrio. Consideremos una población en la que interactúan dos especies con un tamaño poblacional $x(t)$ y $y(t)$ respectivamente. Como en nuestro estudio de modelos continuos de una sola especie, asumiremos que $x(t)$ y $y(t)$ son funciones continuas y diferenciales de t cuyas derivadas son funciones del tamaño de las dos poblaciones en un mismo tiempo. Así, el modelo será un sistema dos ecuaciones diferenciales de primer orden.

$$\begin{aligned} x' &= F(x, y) \\ y' &= G(x, y) \end{aligned} \quad (3.2)$$

Un *equilibrio* es una solución (x_∞, y_∞) del par de ecuaciones $F(x_\infty, y_\infty) = 0$, $G(x_\infty, y_\infty) = 0$. Así un equilibrio es una solución constante del sistema de ecuaciones diferenciales. Geométricamente un equilibrio es un punto en el plano fase que es la orbita de una solución constante. Si (x_∞, y_∞) es un equilibrio, hagamos un cambio de variables, $u = x - x_\infty$ y $v = y - y_\infty$ para obtener el sistema

$$\begin{aligned} u' &= F(x_\infty + u, y_\infty + v) \\ v' &= G(x_\infty + u, y_\infty + v) \end{aligned}$$

Usando el teorema de Taylor para funciones de dos variables, se puede escribir

$$\begin{aligned} F(x_\infty + u, y_\infty + v) &= F(x_\infty, y_\infty) + F_x(x_\infty, y_\infty)u + F_y(x_\infty, y_\infty)v + h_1 \\ G(x_\infty + u, y_\infty + v) &= G(x_\infty, y_\infty) + G_x(x_\infty, y_\infty)u + G_y(x_\infty, y_\infty)v + h_2 \end{aligned}$$

donde h_1 y h_2 son funciones que son pequeñas para los pequeños u y v . La linearización del sistema, lo obtenemos poniendo

$$F(x_\infty, y_\infty) = 0, G(x_\infty, y_\infty) = 0.$$

y omitiendo los términos de un orden más alto $h_1(u, v)$ y $h_2(u, v)$ se define el sistema lineal bi-dimensional por

$$\begin{aligned} u' &= F_x(x_\infty, y_\infty)u + F_y(x_\infty, y_\infty)v \\ v' &= G_x(x_\infty, y_\infty)u + G_y(x_\infty, y_\infty)v \end{aligned} \quad (3.3)$$

La matriz de coeficientes del sistema (3.3) es

$$\begin{pmatrix} F_x(x_\infty, y_\infty) & F_y(x_\infty, y_\infty) \\ G_x(x_\infty, y_\infty) & G_y(x_\infty, y_\infty) \end{pmatrix}$$

la cual es llamada *matriz comunidad* para el sistema en el equilibrio (x_∞, y_∞) . Esto describe el efecto del tamaño de cada especie sobre la razón de crecimiento de sí mismo y de la otra especie en equilibrio. Frecuentemente escribimos un sistema de la forma

$$\begin{aligned} x' &= xf(x, y) \\ y' &= yg(x, y) \end{aligned} \quad (3.4)$$

de modo que $f(x, y)$ y $g(x, y)$ son las razones de crecimiento per capita para las dos especies respectivamente. La matriz comunidad en el equilibrio, tiene la forma de

$$\begin{pmatrix} x_\infty f_x(x_\infty, y_\infty) + f(x_\infty, y_\infty) & x_\infty f_y(x_\infty, y_\infty) \\ y_\infty g_x(x_\infty, y_\infty) & y_\infty g_y(x_\infty, y_\infty) + g(x_\infty, y_\infty) \end{pmatrix}$$

Son cuatro clases distintas de posibles equilibrios, como se sigue

(i) $(0,0)$, con la matriz comunidad

$$\begin{pmatrix} f(0,0) & 0 \\ 0 & g(0,0) \end{pmatrix}$$

(ii) $(K,0)$ con $K > 0$, $f(K,0) = 0$, la matriz comunidad es

$$\begin{pmatrix} Kf_x(K,0) & Kf_y(K,0) \\ 0 & g(K,0) \end{pmatrix}$$

(iii) $(0,M)$ con $M > 0$, $g(0,M) = 0$, la matriz comunidad es

$$\begin{pmatrix} f(0,M) & 0 \\ Mg_x(0,M) & Mg_y(0,M) \end{pmatrix}$$

(iv) (x_∞, y_∞) con $x_\infty > 0$, $y_\infty > 0$, $f(x_\infty, y_\infty) = 0$, $g(x_\infty, y_\infty) = 0$, la matriz comunidad es

$$\begin{pmatrix} x_\infty f_x(x_\infty, y_\infty) & x_\infty f_y(x_\infty, y_\infty) \\ x_\infty g_x(x_\infty, y_\infty) & x_\infty g_y(x_\infty, y_\infty) \end{pmatrix}$$

Se debe comentar esto desde un punto de vista biológico, ya que sólo nos interesan poblaciones con tamaños no negativos, consideramos solamente los equilibrios que tienen coordenadas no negativas y nos referimos solamente al primer cuadrante del plano fase. En el caso (iv) de la coexistencia de las dos especies, los términos $f(x_\infty, y_\infty)$ y $g(x_\infty, y_\infty)$ en la matriz comunidad son los términos autorreguladores que son normalmente positivos.

Los términos $f_y(x_\infty, y_\infty)$ y $g_x(x_\infty, y_\infty)$ son términos de *interacción*. Hay tres combinaciones posibles. Si ambos términos de la interacción son negativos, las dos especies están en *competencia*. Si hay un término positivo y un negativo de la interacción de las especies es una relación *depredadora- presa*. Un sistema en el cual ambos términos de la interacción son positivos se llama *mutualistico*. Un equilibrio (x_∞, y_∞) se dice estable si cada solución $(x(t), y(t))$ con $(x(0), y(0))$ suficientemente cerca del equilibrio permanece cerca del equilibrio para todo $t \geq 0$. Un equilibrio se dice es *asintóticamente estable* si es estable y si, además, las soluciones con $(x(0), y(0))$ están suficientemente cerca del equilibrio, tendiendo al equilibrio cuando $t \rightarrow \infty$.

Teorema 3.1

Si (x_∞, y_∞) es un equilibrio del sistema (3.4) y si todas las soluciones de la linearización en el equilibrio tienden a cero cuando $t \rightarrow \infty$, entonces el equilibrio (x_∞, y_∞) es *asintóticamente estable*.

Puede ser que parezca que la estabilidad de un equilibrio es un requisito natural para el significado biológico, pero se requiere la estabilidad asintótica debido al siguiente resultado de perturbación.

Teorema 3.2

Bajo las hipótesis del Teorema 3.1:

1. Si

$$\frac{P(x, y)}{((x - x_\infty)^2 + (y - y_\infty)^2)^{1/2}} \quad \text{y} \quad \frac{Q(x, y)}{((x - x_\infty)^2 + (y - y_\infty)^2)^{1/2}}$$

tiende a cero, cuando $(x, y) \rightarrow (x_\infty, y_\infty)$, entonces las soluciones del sistema perturbado son:

$$x' = F(x, y) + P(x, y), \quad y' = G(x, y) + Q(x, y)$$

iniciando lo bastante próximo para que (x_∞, y_∞) tiende a (x_∞, y_∞) cuando $t \rightarrow \infty$.

2. Si $|P(x, y)| \leq A$, $|Q(x, y)| \leq A$ para toda y , además A suficientemente pequeño, entonces las soluciones del sistema perturbado permanecen dentro $K A$, para alguna constante K , de soluciones del sistema no perturbado $x' = F(x, y)$ $y' = G(x, y)$ para $t \geq \infty$

Ejemplo 3.2 Encuentre la linearización de cada equilibrio del sistema de Lotka Volterra. (3.1).

Solución. El equilibrio son las soluciones de $x(\lambda - by) = 0$, $y(-\mu + cx) = 0$, porque son las derivadas parciales de las funciones, en el lado derecho del sistema, respectivamente,

$$\frac{\partial}{\partial x}[x(\lambda - by)] = \lambda - by, \quad \frac{\partial}{\partial y}[x(\lambda - by)] = -bx$$

$$\frac{\partial}{\partial x}[y(-\mu + cx)] = cy, \quad \frac{\partial}{\partial y}[y(-\mu + cx)] = -\mu + cx$$

La linearización sobre un equilibrio (x_∞, y_∞) es

$$u' = (\lambda - by_\infty)u - bx_\infty, \quad v' = cy_\infty u + (-\mu + cx_\infty)$$

Un equilibrio es $(0, 0)$ con la linearización $u' = \lambda u$, $v' = -\mu v$

Un segundo equilibrio, obtenido por resolver $\lambda - by = 0$, $-\mu + cx = 0$ es $\left(\frac{\mu}{c}, \frac{\lambda}{b}\right)$.

Entonces la linearización de este equilibrio es:

$$u' = -\frac{b\mu}{c}v, \quad v' = \frac{c\lambda}{b}u$$

3.3 Comportamiento Cualitativo de Soluciones de un Sistema Lineal

En la sección anterior se dedujo el análisis de estabilidad de un equilibrio (x_∞, y_∞) de un sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\begin{aligned} x' &= F(x, y) \\ y' &= G(x, y) \end{aligned} \quad (3.5)$$

Para determinar el comportamiento de las soluciones de la linearización en el equilibrio

$$\begin{aligned} u' &= F_x(x_\infty, y_\infty)u + F_y(x_\infty, y_\infty)v \\ v' &= G_x(x_\infty, y_\infty)u + G_y(x_\infty, y_\infty)v \end{aligned} \quad (3.6)$$

Después analizaremos varias posibilidades de comportamiento de la solución de un sistema lineal homogéneo bidimensional con coeficientes constantes.

$$\begin{aligned} x' &= ax + by \\ y' &= cx + dy \end{aligned} \quad (3.7)$$

donde a, b, c y d son constantes. Entonces se puede indicar un refinamiento al teorema 3.1 que da información específica sobre el comportamiento de las soluciones cerca del equilibrio según lo determinado por la matriz comunidad en el equilibrio. Se asume $ad - bc \neq 0$. Esto implica que el origen es el único equilibrio del sistema (3.7). Si

este sistema es la linearización de un equilibrio (x_∞, y_∞) de un sistema no lineal (3.5), entonces este equilibrio es *aislado*, lo que significa que hay un disco centrado en (x_∞, y_∞) y no contiene ningún otro equilibrio del sistema no lineal. Es conveniente utilizar la notación de la vector-matriz: Sea \bar{x} que denota el vector columna $\begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$, \bar{x}' el vector columna $\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix}$ y A una matriz 2×2 $\begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix}$. Entonces, usando las propiedades de la multiplicación de matrices, se puede describir el sistema lineal $x' = ax + by$, $y' = cx + dy$ en la forma de $\bar{x}' = A\bar{x}$

Teorema 3.3 La Matriz $A = \begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix}$, con $\det A = ad - bc \neq 0$, bajo la transformación:

$$(i) \begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \mu \end{pmatrix} \quad \lambda > \mu > 0 \quad \text{ó} \quad \lambda < \mu < 0.$$

Dado un sistema transformado $u' = \lambda u$, $v' = \mu v$; con soluciones $u = u_0 e^{\lambda t}$, $v = v_0 e^{\mu t}$. Si $\lambda < \mu < 0$, entonces u, v tienden a cero cuando $t \rightarrow \infty$ y la pendiente

$\frac{v}{u} = \frac{v_0 e^{(\mu-\lambda)t}}{u_0} \rightarrow +\infty$. Así, cada órbita tiende al origen con la pendiente infinita, excepto si

$v_0 = 0$, es el caso la orbita se encuentra sobre el eje- u .

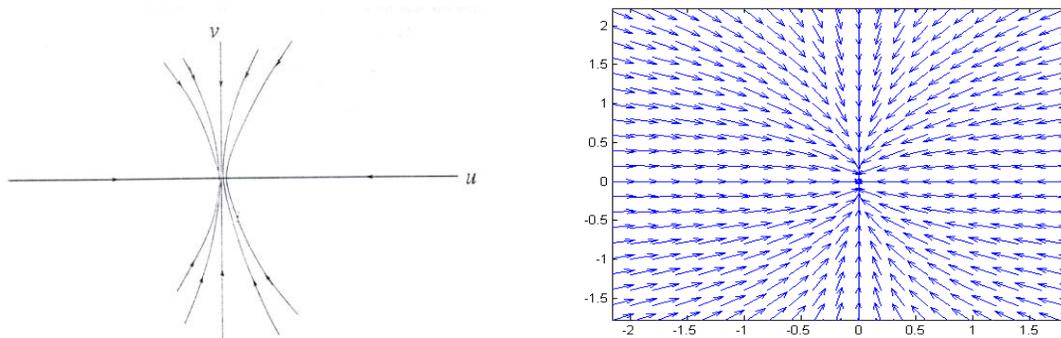


Figura 9: El grafico de la izquierda muestra el retrato fase del sistema (i) y el de la derecha muestra su Campo Direccional.

Ahora si $\lambda > \mu > 0$, se observa en el campo direccional que las flechas están invertidas (Figura 10).

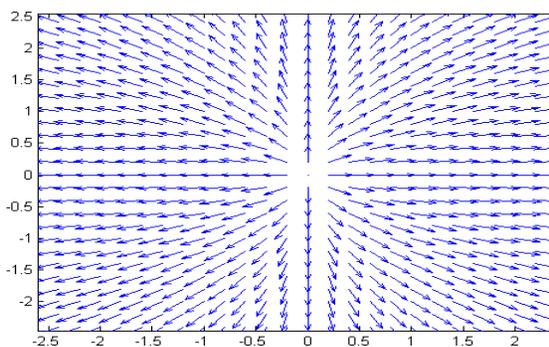


Figura 10: Muestra el campo direccional cuando $\lambda > \mu > 0$

(ii) $\begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{pmatrix}$, $\lambda < 0$ ó $\lambda > 0$

El sistema es $u' = \lambda u$, $v' = \lambda v$, las soluciones están dadas por $u = u_0 e^{\lambda t}$ $v = v_0 e^{\lambda t}$.

Si $\lambda < 0$, entonces $u, v \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y la pendiente $\frac{v}{u} = \frac{v_0}{u_0}$. Así cada órbita es una

línea recta que tiende hacia el origen. (Figura 11)

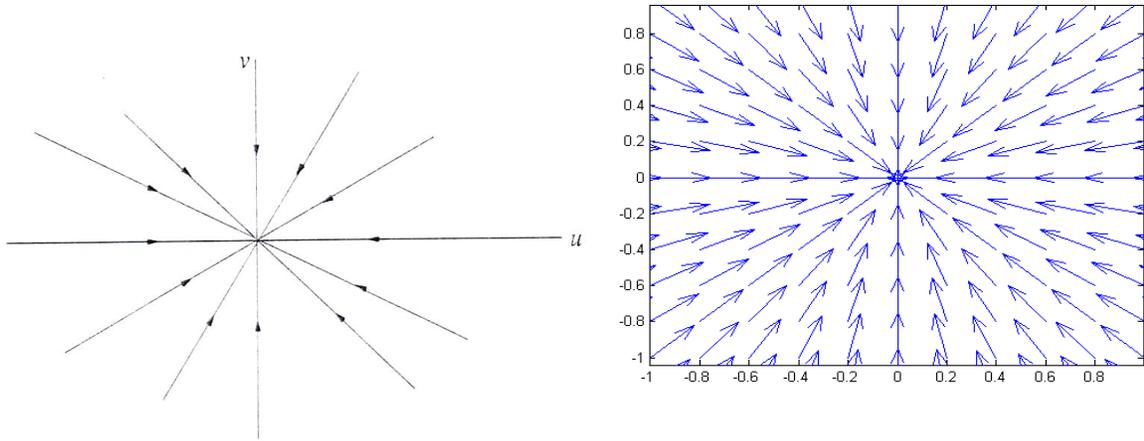


Figura 11: El grafico de la izquierda muestra el retrato fase del sistema (ii) y el de la derecha su respectivo campo direccional.

Si $\lambda > 0$, en el campo direccional cambia únicamente el sentido de flechas (figura 12).

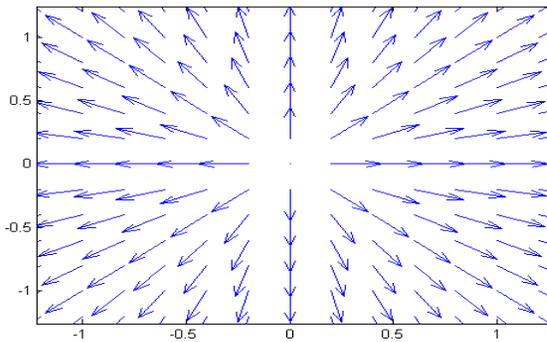


Figura 12: Muestra el campo direccional cuando $\lambda > 0$

$$(iii) \begin{pmatrix} \lambda & 1 \\ 0 & \lambda \end{pmatrix} \lambda < 0 \text{ ó } \lambda > 0$$

Dado el sistema $u' = \lambda u + v$, $v' = \lambda v$. De la segunda ecuación se obtiene $v = v_0 e^{\lambda t}$ por estar acoplada y sustituyéndola en la primera ecuación resulta que la solución de la ecuación lineal de primer orden esta dada por: $u' = \lambda u + v_0 e^{\lambda t}$ de quien la solución es $u = (u_0 + v_0 t) e^{\lambda t}$.

Si $\lambda < 0$, ambos u, v tienden a cero cuando $t \rightarrow \infty$, observando la pendiente

$$\frac{v}{u} = \frac{v_0}{(u_0 + v_0 t)} \rightarrow 0 \text{ a menos que } v_0 = 0 \text{ en tal caso la orbita se encuentra sobre el eje-} u.$$

Pero $u = (u_0 + v_0 t)e^{\lambda t}$, $\frac{du}{dt} = ((u_0 \lambda + v_0) + \lambda v_0 t)e^{\lambda t}$ y $\frac{du}{dt} = 0$ cuando $t = -(v_0 + u_0 \lambda) / \lambda v_0$.

Así a excepción de la orbita sobre el eje- u cada orbita tiene un u -valor máximo o mínimo y entonces retorna al origen (Figura 13).

Si $\lambda > 0$ el retrato es igual, excepto que las flechas están invertidas.

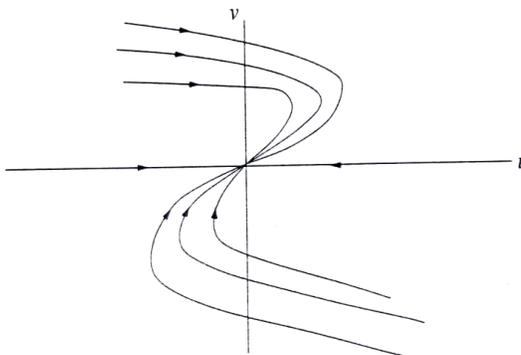


Figura 13: Muestra el retrato fase del sistema (iii)

$$(iv) \begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \mu \end{pmatrix} \lambda > 0 > \mu$$

Las soluciones son exactamente como las del caso (i), $u = u_0 e^{\lambda t}$ y $v = v_0 e^{\mu t}$ pero ahora u esta acotada y $v \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$, a menos que $v_0 = 0$ en tal caso la orbita se encuentra sobre el eje- v . (Figura 14)

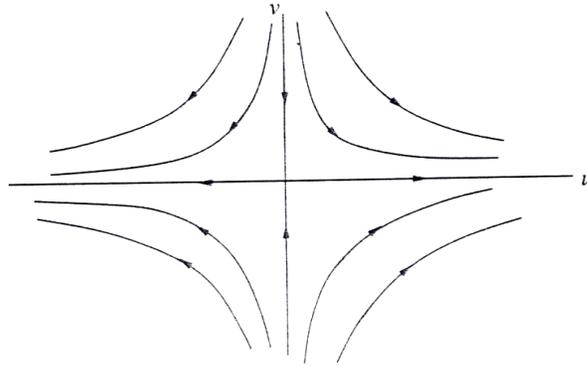


Figura 14: Muestra el comportamiento del sistema (iv)

De la pendiente $\frac{y_1}{y_2} = \frac{y_1^0}{y_2^0} e^{-(\lambda-\mu)t}$ y en la Figura 15 se puede observar que cuando el término $e^{-(\lambda-\mu)t} \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y $e^{-(\lambda-\mu)t} \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow -\infty$. Si se cambia $\lambda > 0 > \mu$, se observa el cambio de dirección de las flechas. (Figura 16)

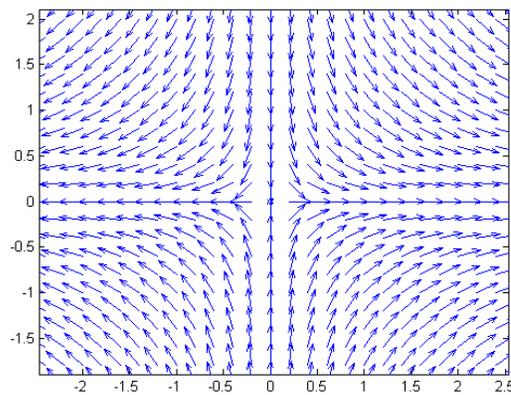


Figura 15: Muestra el campo direccional del sistema (iv) cuando $\lambda > 0 > \mu$

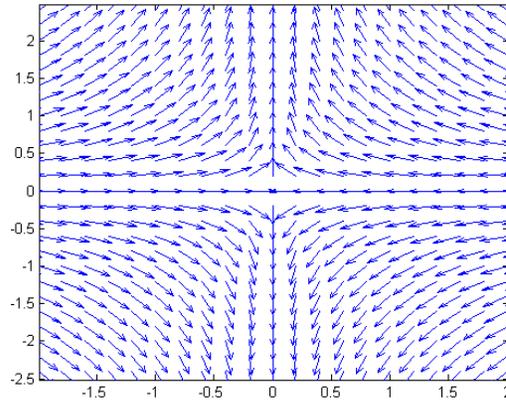


Figura 16: Muestra el campo direccional del sistema (iv) cuando $\lambda < 0 < \mu$

$$(v) \begin{pmatrix} 0 & \beta \\ -\beta & 0 \end{pmatrix} \beta \neq 0$$

El sistema $u' = \beta v$, $v' = -\beta u$ corresponde a valores propios imaginarios. Entonces $u'' = -\beta v' = -\beta^2 u$ y $u = A \cos \beta t + B \sin \beta t$ para algún A, B . Así $v = \frac{u'}{\beta} = -A \sin \beta t + B \cos \beta t$, ambas soluciones son periódicas y además $u^2 + v^2 = A^2 + B^2$. Cada orbita es un círculo que se mueve en sentido de la agujas de reloj si $\beta > 0$ y en sentido contrario si $\beta < 0$. (Figura 17)

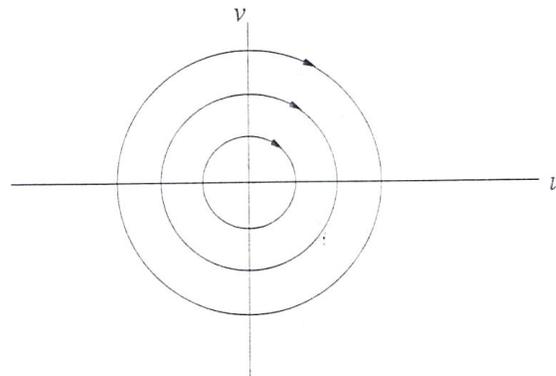


Figura 17: Muestra que las soluciones son periódicas son círculos cuando $\beta > 0$.

$$(vi) \begin{pmatrix} \alpha & \beta \\ -\beta & \alpha \end{pmatrix} \alpha > 0, \beta \neq 0 \text{ ó } \alpha < 0, \beta \neq 0$$

El sistema es $u' = \alpha u + \beta v$, $v' = -\beta u + \alpha v$. Para resolver basta hacer un cambio de variables. Sea $u = e^{\alpha t} p$ y $v = e^{\alpha t} q$, tal que el nuevo sistema de ecuaciones es

$$\begin{aligned} u' &= \alpha e^{\alpha t} p + e^{\alpha t} p' \\ v' &= \alpha e^{\alpha t} q + e^{\alpha t} q' \end{aligned}$$

Sustituyendo

$$\begin{aligned} \alpha p e^{\alpha t} + e^{\alpha t} p' &= \alpha e^{\alpha t} + \beta e^{\alpha t} q \\ \alpha q e^{\alpha t} + e^{\alpha t} q' &= -\beta e^{\alpha t} + \alpha e^{\alpha t} q \end{aligned}$$

Además eliminando el término $e^{\alpha t}$, tenemos: $p' = \beta q$, $q' = -\beta p$; el cual se resolvió en el caso (v), así $u = A \cos \beta t + B \sin \beta t$, $v = -A \sin \beta t + B \cos \beta t$. Por lo tanto $u^2 + v^2 = e^{2\alpha t} (A^2 + B^2)$. Si $\alpha < 0$ la función exponencial decrece y la orbita es una espiral interna en el origen. Es decir los radios del círculo disminuyen. (Figura 18). Donde β indica en que sentido van a ir los radios.

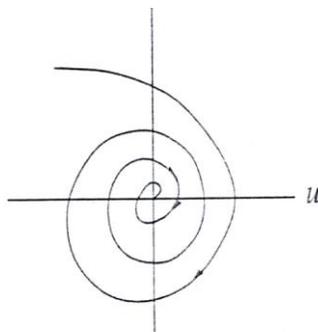


Figura 18: Muestra que los radios del círculo disminuyen si $\beta > 0$

Si $\alpha > 0$, los radios de los círculos se alejan del origen (los radios crecen) (figura 19).

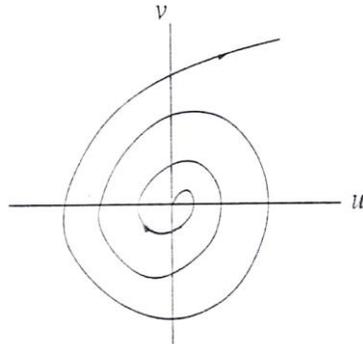


Figura 19: Muestra que los radios del círculo aumentan si $\beta < 0$

En los casos (i), (ii) y (iii) todas las orbitas se aproximan al origen cuando $t \rightarrow +\infty$ ó $t \rightarrow -\infty$ dependiendo de los signos que tenga λ y μ) con una dirección limitada, y el origen es llamado un *nodo* del sistema. En el caso (iv) solo dos orbitas se aproximan al origen cuando $t \rightarrow +\infty$ ó $t \rightarrow -\infty$ y todas las demás orbitas se mueven lejos el origen. En este caso el origen es llamado un *punto de silla*. En el caso (vi) cada orbita se enrolla alrededor del origen en sentido que este argumento angular tienda a $+\infty$ ó $-\infty$ y el origen es llamado un *vértice, punto espiral, o foco*. En el caso (v) cada orbita es periódica en este caso el origen es llamado un *centro*.

Recordando el teorema 3.3, la estabilidad asintótica del origen por la linearización implica la estabilidad asintotita de un equilibrio de un sistema no lineal. Además, la inestabilidad del origen para la linearización implica inestabilidad de un equilibrio del sistema no lineal. La estabilidad asintótica o la inestabilidad del origen de un sistema lineal esta determinado por los *valores propios* de la matriz A , definidos por las raíces de la *ecuación característica*.

$$\det(A - \lambda I) = \det \begin{pmatrix} a - \lambda & b \\ c & d - \lambda \end{pmatrix} = (a - \lambda)(d - \lambda) - bc = \lambda^2 - (a + d)\lambda + (ad - bc) = 0$$

La suma de los valores propios es la traza de la matriz A , que es $a + d$, y el producto de los valores propios es el determinante de la matriz A el cual es $ad - bc$. Así los valores propios de A son λ y μ en el caso (i) y el (iv); λ (un valor propio doble) en el caso (ii) y (iii); la conjugación de complejos $\pm\beta i$ en el caso (v) y $\alpha \pm \beta i$ en el caso (vi). Examinemos el retrato fase en varios casos muestra que el origen es asintóticamente estable. En el caso (i) si $\lambda < \mu < 0$; en el caso (ii) y (iii) si $\lambda < 0$. En el caso (vi) si $\alpha < 0$. Similarmente el origen es inestable en el caso (i) si $\lambda > \mu > 0$. En el caso (ii) y (iii) si $\lambda > 0$. En el caso (iv) y en el caso (vi) si $\alpha > 0$. El origen es estable pero no asintóticamente en el caso (v). Una descripción más simple es que el origen es asintóticamente estable si ambos valores propios tienen parte real negativa y es inestable si al menos un valor propio tiene parte real positiva. Si ambos valor propio tiene parte real cero el origen es estable pero no asintóticamente estable. La suposición que $ad - bc = \det A \neq 0$ excluye la posibilidad que es un valor propio $\lambda = 0$, así, los valores propios con parte real cero puede existir sólo si los valores propios son imaginarios puros, como en el caso (v).

Teorema 3.4

Si (x_∞, y_∞) es un equilibrio del sistema (3.5) y si todos los valores propios de coeficientes de la linearización en este equilibrio tienen parte real negativa, específicamente si

$$\text{tr}A(x_\infty, y_\infty) = F_x(x_\infty, y_\infty) + G_y(x_\infty, y_\infty) < 0$$

$$\det A(x_\infty, y_\infty) = F_x(x_\infty, y_\infty) + G_y(x_\infty, y_\infty) - F_y(x_\infty, y_\infty)G_x(x_\infty, y_\infty) > 0$$

entonces el equilibrio (x_∞, y_∞) es asintóticamente estable.

Se puede ser más específico sobre la naturaleza de las órbitas cerca de un equilibrio. En términos de los elementos de la matriz A , se puede caracterizar los casos siguientes, usando la observación que los valores propios son complejos si y sólo si

$$\Delta = (a + d)^2 - 4(ad - bc) = (a - d)^2 + 4bc < 0$$

1. Si $\det A = ad - bc < 0$ el origen es un punto silla.
2. Si $\det A > 0$ y $\text{tr}A = a + d < 0$, el origen es asintóticamente estable, si $\Delta \geq 0$ es un nodo y $\Delta < 0$ un punto espiral.
3. Si $\det A > 0$ y $\text{tr}A > 0$ el origen es inestable, si $\Delta \geq 0$ es un nodo y si $\Delta > 0$ es un punto espiral.
4. Si $\det A > 0$ y $\text{tr}A = 0$ el origen es un centro.

Es posible mostrar en general que el retrato fase de un sistema no lineal en un equilibrio es similar al retrato de la fase de la linearización en el equilibrio, *excepto posiblemente si la linearización tiene un centro*. Si la linearización en un equilibrio tiene un nodo entonces el equilibrio del sistema no lineal también tiene un nodo, demostrando que cada órbita tiende al equilibrio (como $t \rightarrow \infty$ ó $t \rightarrow -\infty$) con una dirección limitada. Si la linearización en un equilibrio tiene un punto espiral, entonces el equilibrio del sistema no lineal también lo tiene demostrando que cada órbita tiende hacia el equilibrio ($t \rightarrow \infty$ ó $t \rightarrow -\infty$). Si la linearización en un equilibrio tiene un punto silla, entonces el equilibrio del sistema no lineal también tiene un *punto silla*. Un punto silla está definido por la caracterización de que hay una curva cerca del equilibrio tal que las órbitas que comiencen sobre esta curva tienden al equilibrio pero las órbitas que comienzan lejos de esta curva no pueden permanecer cerca del equilibrio. Una formulación equivalente es que si hay dos órbitas tendiendo al equilibrio cuando $t \rightarrow +\infty$ y dos órbitas tendiendo lejos del equilibrio ó tendiendo al equilibrio cuando $t \rightarrow -\infty$. Estas órbitas son llamadas *separatrices*; las dos órbitas tienden a un punto silla son *separatrices estables* mientras que las dos órbitas tendiendo lejos del punto de silla son *separatrices inestables*. Un

centro es definido para ser un equilibrio si en el cual hay una secuencia infinita de orbitas periódicas alrededor del equilibrio y tendiendo a el. Si la linearización en un equilibrio tiene un centro entonces el equilibrio del sistema no lineal pueda que tenga también un centro aunque no necesariamente. Esto podría ser un punto espiral asintóticamente estable o inestable.

Ejemplo 3.3 Si linearizamos el sistema de Lotka Volterra $x' = x(\lambda - by)$, $y' = y(-\mu + cx)$ cerca del equilibrio (x_∞, y_∞) con $x_\infty = \mu/c$, $y_\infty = \lambda/b$ obtenemos el sistema

$$u' = -\frac{\mu b}{c}v$$

$$v' = \frac{\lambda c}{b}u$$

con la matriz de coeficientes

$$A = \begin{pmatrix} 0 & -\frac{\mu b}{c} \\ \frac{\lambda c}{b} & 0 \end{pmatrix}$$

con una traza cero y el determinante $\lambda\mu > 0$. Así la linearización tiene un centro. Para resolver la linearización escribimos

$$u'' = -\frac{\mu b}{c}v' = -\lambda\mu u$$

$$v'' = \frac{\lambda c}{b}u' = -\lambda\mu v,$$

de lo cual veremos que ambos u y v son periódicos con una frecuencia $\sqrt{\lambda\mu}$ y periodo $2\pi/\lambda\mu$. Hemos mostrado que todas las soluciones del sistema de Lotka Volterra cerca

del equilibrio son periódicas y así el equilibrio es un centro. La adición de una pequeña perturbación al modelo de Lotka Volterra podría cambiar el centro a un punto espiral que puede ser asintóticamente estable o inestable. Por eso el modelo de Lotka Volterra es así, sensible a perturbaciones esto no conviene como un modelo demográfico.

Ejemplo 3.4 Determine si cada equilibrio del sistema $x' = y$, $y' = 2(x^2 - 1)y - x$, es asintóticamente estable o inestable.

Solución: El equilibrio es la solución de $y = 0$, $2(x^2 - 1)y - x$ y así el único equilibrio es $(0,0)$. La matriz comunidad en (x_∞, y_∞) es

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 4x_\infty y_\infty - 1 & 2(x_\infty^2 - 1) \end{pmatrix}$$

y así el único equilibrio en $(0,0)$ es:

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 \\ -1 & -2 \end{pmatrix}$$

con un traza $-2 < 0$ y el determinante $1 > 0$. Así el equilibrio $(0,0)$ es asintóticamente estable.

Ejemplo 3.5 Determine para cada equilibrio del sistema (3.1) de Lotka Volterra si es asintóticamente estable o inestable.

Solución: Hemos visto en el primer ejemplo 3.2 que la matriz comunidad en el equilibrio $(0,0)$ es

$$\begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & -\mu \end{pmatrix}$$

ya que el determinante es negativo, por lo tanto $(0,0)$ es inestable. La matriz comunidad en el $(\mu/c, \lambda/b)$ es:

$$\begin{pmatrix} 0 & -\frac{b\mu}{c} \\ \frac{c\lambda}{b} & 0 \end{pmatrix}$$

con traza cero. Así el teorema 3.4 no resuelve la pregunta. Sin embargo, como hemos visto en la sección 3.1, las órbitas del sistema ni mueven lejos del equilibrio, ni se acercan a el. Así, este equilibrio no es, ni asintóticamente estable, ni inestable. [Tal equilibrio a veces, como se dice, es neutramente estable].

3.4 Soluciones Periódicas y Ciclos Límites

En la sección anterior se estudio el comportamiento de soluciones que comienzan cerca del equilibrio. Cuando se estudio Ecuaciones Diferenciales de Primer Orden era suficiente para describir el comportamiento de todas las soluciones, como cada solución era no acotada tendía a un equilibrio. Sin embargo, para sistemas de segundo orden hay otras posibilidades, y los resultados son validos localmente. Se debe considerar que le puede pasar a una solución que no comienza cerca del equilibrio; en particular se quiere examinar el comportamiento de las soluciones del sistema que no tiene ningún equilibrio asintóticamente estable. Se desea estudiar el comportamiento de las soluciones de un sistema bidimensional

$$\begin{aligned} x' &= F(x, y) \\ y' &= G(x, y) \end{aligned} \quad (3.8)$$

para estudiar el retrato fase. Sea $(x(t), y(t))$ una solución que está acotada cuando $t \rightarrow \infty$. La *semi-orbita positiva* C^+ de esta solución esta definida por el conjunto de puntos $(x(t), y(t))$ para $t \geq 0$ en el plano (x, y) . El *conjunto límite* $L(C^+)$ de la semi-

órbita es definido para el conjunto de puntos (\bar{x}, \bar{y}) tal que hay una secuencia de tiempo $t_n \rightarrow \infty$ con $x(t_n) \rightarrow \bar{x}, y(t_n) \rightarrow \bar{y}$ cuando $n \rightarrow \infty$. Por ejemplo si la solución $(x(t), y(t))$ tiende a un equilibrio (x_∞, y_∞) cuando $t \rightarrow \infty$, entonces el conjunto límite consiste del equilibrio (x_∞, y_∞) . Si $(x(t), y(t))$ es una solución periódica tal que la semi-órbita C^+ es una curva cerrada, entonces el conjunto límite $L(C^+)$ consiste de todos los puntos de la semi-órbita C^+ . Un conjunto *invariante* para el sistema (3.8) es un conjunto de puntos del plano que contiene la semi-órbita positiva para cada punto del conjunto. Así por ejemplo, un equilibrio es un conjunto invariante y una órbita cerrada correspondiente a una solución periódica es un conjunto invariante.

Los resultados indicados son validos para sistemas autónomos de ecuaciones diferenciales en todas dimensiones, pero en dos dimensiones la información es más detallada sobre la estructura de conjuntos límites. Las razones que involucran las propiedades topológicas en el plano, especialmente el teorema de la curva de Jordan que declara que una curva simple cerrada en el plano lo divide en dos regiones disjuntas lo cual no es valido en más de dos dimensiones. El resultado fundamental sobre el comportamiento de soluciones de sistemas autónomos en el plano esta dado por el teorema de Poincaré-Bendixson [Poincaré (1881, 1882, 1885, 1886); Bendixson (1901)], el cual dice que si C^+ es una semi-órbita acotada cuyo conjunto límite $L(C^+)$ no contiene ningún punto de equilibrio, entonces cualquiera C^+ es una órbita periódica y $L(C^+) = C^+ \cup L(C^+)$ es una órbita periódica, llamado *ciclo limite*, en el cual C^+ se aproxima a una espiral (hacia dentro o hacia afuera).

No entraremos en la prueba, que puede ser encontrada en mucho libro sobre ecuaciones diferenciales; una fuente particularmente legible y elemental es la de W. Hurewicz (1958). Las propiedades de un conjunto límite nos permiten describir los conjuntos límites que contienen puntos de equilibrio. Por ejemplo, un conjunto límite puede consistir en un solo punto de equilibrio a que la órbita tiende. Si un conjunto límite

contiene un solo punto de equilibrio, pero contiene otros puntos también, entonces esto debe consistir de un punto de equilibrio junto con una órbita que corre del punto de equilibrio a sí mismo para estar conectado e invariante. Así el equilibrio debe ser un punto de silla y el conjunto límite debe ser un separatrix la cual se desplaza hacia el punto silla y a si misma como t hacia $-\infty \rightarrow +\infty$. (Figura 20)

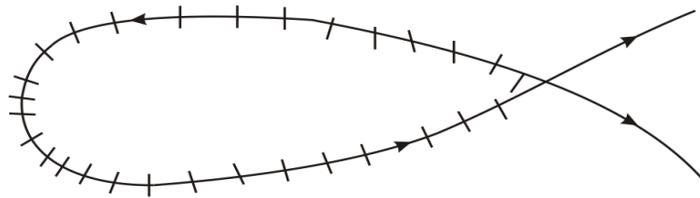


Figura 20: Muestra el desplazamiento de una separatrix

Si el conjunto límite contiene más de un equilibrio entonces debe también contener órbitas que unen este equilibrio. En esencia podemos decir que una solución acotada tiende a cada equilibrio ó al ciclo de límite, pasando por alto tal " improbablemente coincidencia " como la posibilidad de un separatrix que corre de un punto silla de montar a sí mismo. Concluimos esta sección dando algunos criterios que implican que no puede haber una órbita periódica en una región dada. Tales resultados son de interés en situaciones donde sabemos que hay un equilibrio asintóticamente estable y el deseo de concluir que todas las órbitas le tienden. Aprovecharemos del teorema de Green en el plano.

Teorema 3.5 (Green)

Sea D una región simple en el plano con un límite C , y supongamos que $P(x, y)$ y $Q(x, y)$ son continuamente diferenciables en la cerradura de D . Entonces

$$\iint_D (Q_x(x, y) - P_y(x, y)) dA = \int_C (P(x, y)dx + Q(x, y)dy)$$

Teorema 3.6 (Bendixson (1901))

Supongamos que $F_x(x, y) + G_y(x, y)$ son estrictamente positiva o estrictamente negativa en una región simple D . Entonces no hay ninguna órbita periódica de $x' = F(x, y), y' = G(x, y)$ en D .

Prueba. Supongas que C es una orbita cerrada en D correspondiente a una solución periódica $(x(t), y(t))$ con periodo T , y sea Ω el interior de C . Aplicando el teorema de Green con $Q(x, y) = F(x, y)$ y $P(x, y) = -G(x, y)$, se obtiene

$$\iint_{\Omega} (F_x(x, y) - G_y(x, y)) dA = \int_c (-G(x, y)dx + F(x, y)dy) = \int_0^T (-y'(t)x'(t) + x'(t)y'(t)) dt = 0$$

Pero el lado izquierdo no puede ser el cero, y tenemos una contradicción. Así no puede haber ninguna órbita periódica en D .

Teorema 3.7 (Dulac (1934))

Sea $\beta(x, y)$ continuamente diferenciable y supóngase que:

$$\frac{\partial}{\partial x}(\beta(x, y)F(x, y)) + \frac{\partial}{\partial y}(\beta(x, y)G(x, y))$$

son estrictamente positiva o estrictamente negativa en una región simple D . Entonces no hay ninguna orbita periódica $x' = F(x, y), y' = G(x, y)$ en D .

En la siguiente seccion, se estudiaran modelos poblacionales de iteración entre dos especies de la forma

$$\begin{aligned} x' &= xf(x, y) \\ y' &= yg(x, y) \end{aligned}$$

Podemos aplicar el criterio de Dulac con $\beta(x, y) = 1/xy$, $F(x, y) = xf'(x, y)$, $G(x, y) = yg(x, y)$, tal que

$$\frac{\partial}{\partial x}(\beta F) + \frac{\partial}{\partial y}(\beta G) = \frac{\partial}{\partial x}\left(\frac{1}{y}f\right) + \frac{\partial}{\partial y}\left(\frac{1}{x}g\right) = \frac{f_x(x, y)}{y} + \frac{g_y(x, y)}{x}$$

Esto da el siguiente resultado, que se aplicará a modelos para especies en competencia y para mutualismo, pero no para modelos depredador-presa.

Ejemplo 3.6. Determine el comportamiento cualitativo del sistema

$$\begin{aligned}x' &= x\left(1 - \frac{x}{30}\right) - \frac{xy}{x+10} \\y' &= y\left(\frac{x}{x+10} - \frac{1}{3}\right)\end{aligned}$$

Solución: Los equilibrios son las soluciones del par de ecuaciones

$$x\left(1 - \frac{x}{30}\right) - \frac{xy}{x+10} = 0$$

$$y\left(\frac{x}{x+10} - \frac{1}{3}\right) = 0$$

Hay un equilibrio en $(0,0)$. Si $y=0$ la primera ecuación da $x=0$ ó $x=30$, y así hay un segundo equilibrio $(30,0)$. Si $x \neq 0$, $y \neq 0$ se resuelve

$$1 - \frac{x}{30} = \frac{y}{(x+10)} = \frac{1}{3}$$

el cual da el tercer equilibrio $(5,12.5)$. La matriz comunidad en $(0,0)$ es

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1/3 \end{pmatrix}$$

y este equilibrio es inestable por que el determinante es negativo. La matriz comunidad en $(30,0)$ es

$$\begin{pmatrix} -1 & -3/4 \\ 0 & -5/12 \end{pmatrix}$$

y este equilibrio también es inestable por que es determinante es negativo. La matriz comunidad para $(5,12.5)$ es

$$\begin{pmatrix} 1/9 & -1/3 \\ 5/9 & 0 \end{pmatrix}$$

Con traza positiva y $(5,12.5)$ es también inestable. Si sumamos las dos ecuaciones del modelo se obtiene $(x+y)' = x(1-x/30) - y/3$. Así $(x+y)$ decrece excepto en el límite de la región $y/3 < x(1-x/30)$. Además, el teorema Poincaré-Bendixson implica que debe haber una órbita periódica a la cual cada órbita tiende cuando $t \rightarrow \infty$.

Ejemplo 3.7 Determine el comportamiento cuando $t \rightarrow \infty$ de las soluciones en primer cuadrante del sistema

$$\begin{aligned} x' &= x(100 - 4x - 2y) \\ y' &= y(60 - x - y) \end{aligned}$$

Solución: Aquí los equilibrios son: $(0,0)$, $(25,0)$ y $(0,60)$. No hay ningún equilibrio con $x > 0, y > 0$, porque tal equilibrio sería encontrado solucionando $4x + 2y = 100, x + y = 60$ y la sustrayendo dos veces de la primera ecuación para que la

segunda ecuación de $2x = -20$. El equilibrio $(0,0)$ es inestable porque su matriz comunidad es, respectivamente

$$\begin{pmatrix} 100 & 0 \\ 0 & 60 \end{pmatrix} \text{ y } \begin{pmatrix} -100 & -50 \\ 0 & 35 \end{pmatrix}$$

El equilibrio $(0,60)$ es asintóticamente estable por que tiene una matriz comunidad como

$$\begin{pmatrix} -20 & 0 \\ -60 & -60 \end{pmatrix}$$

En el orden de mostrar que cada orbita se aproxima a $(0,60)$, demostrando que no hay orbitas periódicas. Esto se sigue del criterio de Dulac con $\beta(x, y) = 1/xy$, por que

$$\frac{\partial}{\partial x} \left(\frac{100 - 4x - 2y}{y} \right) + \frac{\partial}{\partial y} \left(\frac{60 - x - y}{x} \right) = -\frac{4}{y} - \frac{1}{x} < 0$$

Capítulo 4

MODELO MATEMATICO DE PREDICCIÓN DE LA ENFERMEDAD DEL DENGUE

4.1 Formulación del Modelo

4.1.1 Notación:

\bar{V}_1 : La clase de mosquito sano pero susceptible.

\bar{V}_ℓ : La clase de mosquito infectado no transmisor.

\bar{V}_2 : La clase de mosquito infectante transmisor.

\bar{S} : La clase de humanos sanos pero susceptibles.

\bar{I} : La clase de humanos infeccioso por el zancudo.

\bar{R} : La clase de humanos recuperados.

4.2 Suposiciones y Parámetros

En el modelo se supone una población humana y la población de mosquitos ambas limitadas en lugar y tiempo de modo que inicialmente cada picadura tenga una probabilidad igual de ocurrir en cualquier humano de la población.

- (i) El tamaño de la población humana es N , y el tamaño de la población de mosquitos es V , ambas son constantes, con tasa de mortalidad constante μ y ν respectivamente.
- (ii) $\frac{1}{\sigma}$ es el período de incubación en el mosquito (aproximadamente 8 a 12 días).
- (v) $\frac{1}{\gamma}$ es el período de transmisibilidad del humano al zancudo (aproximadamente de 3 a 5 días).
- (vi) λ_2 denotan la proporción de contacto entre humanos susceptibles y mosquitos infectantes transmisores que pertenecen a la clase V_2 . En el modelo λ_2 tienen la forma:

$$\lambda_2 = b\beta_2 \frac{V}{N + m}$$

donde b es número promedio de picaduras por mosquito por día; m es el número de personas expuestas a ser picadas; β_2 , es la probabilidad que una picadura de un infectante produzca un caso nuevo de humanos infectado.

- (vii) δ es la proporción de contacto entre mosquitos sanos pero susceptibles y humanos infecciosos por el zancudo, y está dada por

$$\delta = b\alpha \frac{N}{N + m},$$

donde α es la probabilidad de transmisión de humanos a mosquitos.

Dado que ambas poblaciones son constantes, es equivalente formular el modelo en cuanto a las proporciones, V_1, V_l, S, I, R de individuos en cada clase. También, dado que $V_1 = 1 - V_l - V_2$ y $R = 1 - S - I$, la población total de humanos es:

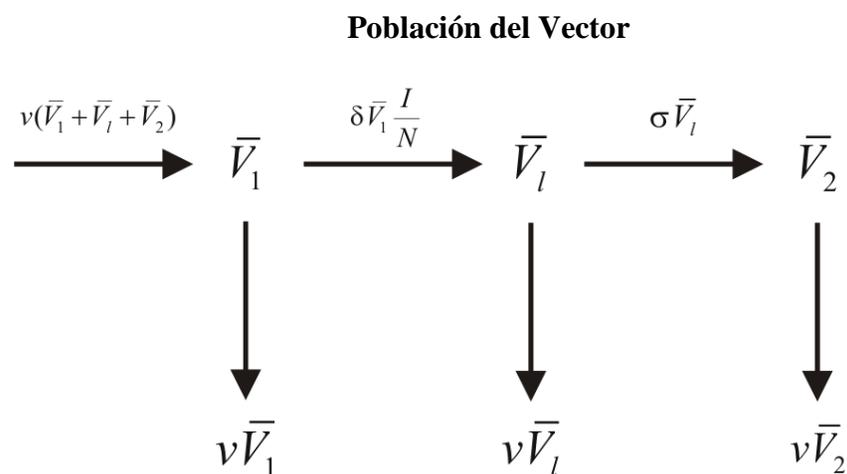
$$N = S + I + R \rightarrow S + I + 1 - S - I = 1 = N$$

Además la población total de mosquitos es:

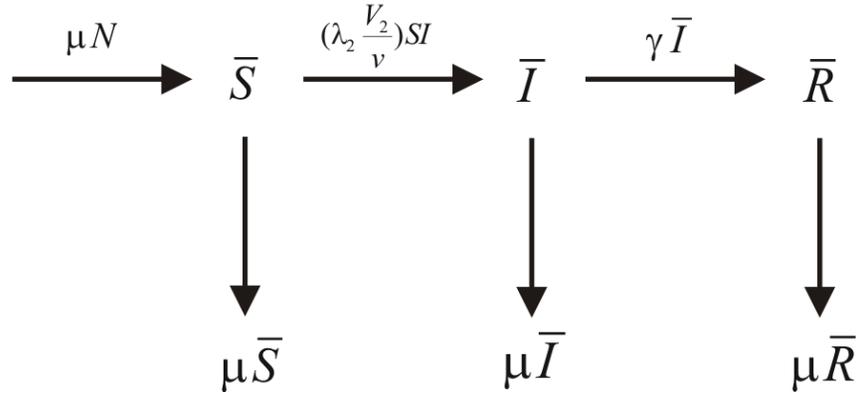
$$V = V_1 + V_l + V_2 \rightarrow 1 - V_l - V_2 + V_l + V_2 = 1 = V$$

4.3 El Modelo

Una representación esquemática del modelo se representa esquemáticamente por el siguiente diagrama de transferencia considerado como un modelo compartamental, es decir que cada población es dividida en clases, y que un individuo de una población pasa de una clase al otro con una proporción conveniente.



Población del Humano



En este gráfico de transferencia, las flechas tienen el siguiente significado: si nos fijamos en un punto cualquiera del diagrama la flecha a su izquierda significa que el parámetro esta aumentando (signo +) en esa cantidad y la flecha a la derecha significa que el parámetro esta disminuyendo (signo -) en esa cantidad, la flecha hacia abajo indica el número de muertes por causas ajenas a la enfermedad.

Así, se tiene el siguiente sistema de ecuaciones que representa al diagrama anterior.

$$\begin{aligned}
 (1) \quad S' &= \mu(1+S) - \lambda_2 S V_2 \\
 (2) \quad I' &= \lambda_2 S V_2 - (\gamma + \mu) I \\
 (3) \quad V_\ell' &= \delta I (1 - V_\ell - V_2) - (v + \sigma) V_\ell \\
 (4) \quad V_2' &= \sigma V_\ell - v V_2
 \end{aligned} \tag{4.1}$$

4.4 Puntos de Equilibrio.

Sea el conjunto Ω dado por:

$$\Omega = \left\{ (S + I + V_\ell + V_2) \in R_+^4 : 0 \leq S + I \leq 1, 0 \leq V_\ell + V_2 \leq 1 \right\}$$

Para encontrar los puntos de equilibrio del sistema (4.1), se expresa a S , V_ℓ y V_2 en términos de I . Sumando la ecuación (1) para S' y (2) para I' del sistema (4.1) se obtiene:

$$S' + I' = 0$$

$$\mu(1-S) - \lambda_2 V_2 S + \lambda_2 V_2 S - (\gamma + \mu)I = 0$$

$$\mu - \mu S - (\gamma + \mu)I = 0$$

$$S = \frac{\mu - (\gamma + \mu)I}{\mu} \quad (4.2)$$

De la ecuación (4) del sistema (4.1) resulta

$$V_2' = 0$$

$$\sigma V_\ell - \nu V_2 = 0 \Rightarrow V_2 = \frac{\sigma}{\nu} V_\ell$$

De la ecuación (3) del sistema (4.1) obtenemos

$$V_\ell' = 0$$

$$\delta I(1 - V_\ell - V_2) - (\nu + \sigma)V_\ell = 0$$

$$\delta I - (1 - V_\ell - \frac{\sigma}{\nu} V_\ell) - (\nu + \sigma)V_\ell = 0$$

$$\delta I = \left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{\nu}\right) + (\nu + \sigma) \right] V_\ell = 0$$

$$V_\ell = \frac{\delta I}{\left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{v}\right) + (v + \sigma) \right]} \quad (4.3)$$

Por lo tanto

$$V_2 = \frac{\sigma \delta}{v \left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{v}\right) + (v + \sigma) \right]} I \quad (4.4)$$

Por lo que se tiene el equilibrio libre de enfermedad $E_0 = (1, 0, 0, 0)$, el cual siempre existe en Ω . Para encontrar el equilibrio no trivial en Ω , se asume $I \neq 0$. Sustituyendo S , V_ℓ y V_2 en la segunda ecuación del sistema (4.1), se obtiene la solución siguiente:

$$0 = \lambda_2 \left[\frac{\sigma \delta}{v \delta I + \sigma \delta I + v(v + \sigma)} I \right] \left(1 - \frac{(\gamma + \mu)}{\mu} I \right) - (\gamma + \mu) I$$

$$0 = \lambda_2 \left[\frac{\sigma \delta}{\delta I(v + \sigma) + v(v + \sigma)} \right] \left(1 - \frac{(\gamma + \mu)}{\mu} I \right) - (\gamma + \mu)$$

$$(\gamma + \mu) [\delta(v + \sigma) I + v(v + \sigma)] = \frac{\lambda_2 \sigma \delta}{\mu} (\mu - (\gamma + \mu) I)$$

$$(\gamma + \mu) \delta(v + \sigma) I + (\gamma + \mu) \frac{\lambda_2 \sigma \delta}{\mu} I = \lambda_2 \sigma \delta - (\gamma + \mu) v(v + \sigma)$$

$$\delta(\gamma + \mu) \left[(v + \sigma) + \frac{\lambda_2 \sigma}{\mu} \right] I = \lambda_2 \sigma \delta - (\gamma + \mu) v(v + \sigma)$$

$$\left[(v + \sigma) + \frac{\lambda_2 \sigma}{\mu} \right] I = \frac{\lambda_2 \sigma}{(\gamma + \mu)} - \frac{v(v + \sigma)}{\delta}$$

$$\frac{1}{\mu}[\mu(v+\sigma)+\lambda_2\sigma]I = \frac{v(v+\sigma)}{\delta} \left[\frac{\lambda_2\sigma\delta}{v(\gamma+\mu)(v+\sigma)} - 1 \right]$$

$$I = \frac{\mu v(v+\sigma)}{\delta\mu(v+\sigma)+\lambda_2\sigma} \left[\frac{\lambda_2\sigma\delta}{v(\gamma+\mu)(v+\sigma)} - 1 \right]$$

$$I = \frac{\mu v(v+\sigma)}{\delta\mu(v+\sigma)+\lambda_2\sigma} [R_0 - 1]$$

$$I = T[R_0 - 1] \quad (4.5)$$

donde

$$R_0 = \frac{\lambda_2\sigma\delta}{v(\gamma+\mu)(v+\sigma)} \quad (4.6)$$

$$T = \frac{\mu v(v+\sigma)}{\delta\mu(v+\sigma)+\lambda_2\sigma}$$

Así se obtiene el siguiente sistema:

$$\begin{cases} S^* = 1 - \frac{(\gamma+\mu)}{\mu} I \\ I^* = T(R_0 - 1) \\ V_\ell^* = \frac{\delta}{\left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{v} \right) + (v+\sigma) \right]} I \\ V_2^* = \frac{\sigma\delta}{v \left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{v} \right) + (v+\sigma) \right]} I \end{cases} \quad (4.7)$$

4.5 Análisis y Estabilidad.

Es fácil verificar que el punto de equilibrio $E_1 = (S^*, I^*, V_1^*, V_2^*)$ cuyas coordenadas satisfacen el sistema (4.7) pertenecen al int (Ω) si y sólo si $R_0 > 1$.

En efecto.

$$S + I = T(R_0 - 1) + 1 - \frac{\gamma + \mu}{\mu} I$$

$$S + I = T(R_0 - 1) + 1 - \frac{\gamma + \mu}{\mu} = T(R_0 - 1)$$

$$S + I = T(R_0 - 1) \left[1 - \frac{\gamma + \mu}{\mu} \right] + 1$$

$$S + I = T(R_0 - 1) \left[\frac{\mu - \gamma - \mu}{\mu} \right] + 1$$

$$S + I = T(R_0 - 1) \left[-\frac{\gamma}{\mu} \right] + 1 \geq 0$$

La última desigualdad es cierta por:

$$R_0 \geq 1 \Rightarrow R_0 - 1 \geq 0 \Rightarrow T(R_0 - 1) \geq 0 \Rightarrow T \frac{\gamma}{\mu} (R_0 - 1) \geq 0$$

Además tenemos:

$$0 < V_\ell + V_2 = \frac{\delta I}{\left[\delta I \left(1 + \frac{\sigma}{v} \right) + (v + \sigma) \right]} \left(1 + \frac{\sigma}{v} \right) < 1$$

Como $I \in [0,1]$, cumple que $(S+I+V_1+V_2) \in \mathbb{R}_+^4$. Con estas consideraciones se ha demostrado el lema siguiente.

Lema 4.1

Sea R_0 definido por (4.6). Si $R_0 \leq 1$, el único punto de equilibrio del sistema (4.1) es el equilibrio libre – enfermedad E_0 . Si $R_0 > 1$, también existe un equilibrio endémico único E_1 en $\text{int.}(\Omega)$ cuyas coordenadas están dadas por el sistema (4.7).

Entonces, se ha visto que si $R_0 > 1$ es la condición umbral que determina cuando la enfermedad muere fuera o en los restos de la población endémica. En seguida, se analizan las propiedades de la estabilidad de E_0 .

Puede verse una prueba de la estabilidad local de este punto de equilibrio usando la teoría de matrices para $R_0 < 1$. Recordemos que la estabilidad local viene dada por los autovalores del Jacobiano del sistema (4.1), evaluado en E_0 :

$$DF(X) = \begin{pmatrix} -\mu - \lambda_2 V_2 & 0 & 0 & -\lambda_2 S \\ \lambda_2 V_2 & -(\gamma + \mu) & 0 & \lambda_2 S \\ 0 & \delta(1 - V_1 - V_2) & -(\delta I + \nu + \sigma) & -\delta I \\ 0 & 0 & \sigma & -\nu \end{pmatrix}$$

donde

$$X = (S, I, V_1, V_2)$$

$$DF(E_0) = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & 0 & -\lambda_2 \\ 0 & -(\gamma + \mu) & 0 & \lambda_2 \\ 0 & \delta & -(\sigma + \nu) & 0 \\ 0 & 0 & \sigma & -\nu \end{pmatrix}$$

Para determinar las propiedades de la estabilidad de la matriz, se usará resultados conocidos de la teoría de Matrices.

Definición 4.2

- Decimos que la matriz $A = [a_{ij}]$ de $n \times n$ es una matriz no singular si $a_{ij} \leq 0, i \neq j$, y existe una matriz $B \geq 0$ y un número real $\varepsilon > 0$ tal que

$$A = sI - B \text{ y } s > \rho(B)$$

Expresión equivalente

- La matriz A es no singular si y solo si la parte real de cada uno de sus autovalores es mayor que cero.*
- La matriz A es no singular si y solo si todas las entras de la diagonal son positivas, y existe una matriz diagonal D , tal que AD es estrictamente diagonal dominante, esto es,*

$$a_{ij} > \sum a_{ij} d_j, \quad i = 1, \dots, n$$

Retornando a nuestro problema, consideremos la matriz $-A_{11}$. Sus elementos en la diagonal son positivos. De acuerdo a la proposición b) $-A_{11}$ es una matriz no singular si y solo si existen números d_1, d_2 y d_3 son mayores que cero tal que satisfacen las siguientes desigualdades

$$\begin{aligned} (\gamma + \mu)d_1 &> \lambda_2 d_3 \\ (\nu + \sigma)d_2 &> \delta d_1 \\ \nu d_3 &> \sigma d_2 \end{aligned} \quad (4.8)$$

Sea

$$d_1 = 1, \quad d_2 = \frac{\delta + \varepsilon}{\sigma + \nu}, \quad d_3 = \frac{\sigma d_2 + \varepsilon}{\nu},$$

donde $\varepsilon > 0$. Verifiquemos que las últimas dos inecuaciones de (4.8) se cumplen.

En efecto:

$$(\gamma + \mu)d_2 > \delta d_1$$

$$\frac{(\gamma + \mu)}{(\nu + \varepsilon)}(\delta + \varepsilon) > \delta \frac{(\gamma + \mu)}{(\nu + \varepsilon)}$$

$$\delta \frac{(\gamma + \mu)}{(\nu + \varepsilon)} + \varepsilon \frac{(\gamma + \mu)}{(\nu + \varepsilon)} > \delta \frac{(\gamma + \mu)}{(\nu + \varepsilon)}$$

$$\nu d_3 > \sigma d_2$$

$$\nu \frac{\sigma d_2 + \varepsilon}{\nu} > \sigma d_2$$

$$\sigma d_2 + \varepsilon > \sigma d_2$$

Para la primera desigualdad observe que:

$$\lambda_2 d_3 = \lambda_2 \frac{\sigma d_2 + \varepsilon}{\nu} = \frac{\lambda_2}{\nu} \sigma \left(\frac{\delta + \varepsilon}{\nu + \sigma} \right) + \varepsilon$$

$$\frac{\lambda_2}{v} \left(\frac{\sigma\delta + \sigma\varepsilon}{v + \sigma} \right) + \varepsilon$$

$$\frac{\lambda_2\sigma\delta + \lambda_2\sigma\varepsilon + \varepsilon v(v + \sigma)}{v(v + \sigma)}$$

$$(\gamma + \mu) \left[\frac{\lambda_2\sigma\delta + \lambda_2\sigma\varepsilon + \varepsilon v(v + \sigma)}{v(v + \sigma)(\gamma + \mu)} \right]$$

$$(\gamma + \mu) \left[\frac{\lambda_2\sigma\delta}{v(v + \sigma)(\gamma + \mu)} \right] + \varepsilon \frac{\lambda_2\sigma + v(v + \sigma)}{v(v + \sigma)}$$

$$(\gamma + \mu)R_0 + A\varepsilon$$

Por lo tanto, tenemos

$$\lambda_2 d_3 = (\gamma + \mu)R_0 + A\varepsilon$$

donde

$$A = \frac{\lambda_2\sigma + v(v + \sigma)}{v(v + \sigma)}$$

Dado que $R_0 < 1$ podemos tomar $0 < \varepsilon < \frac{1 - (\gamma + \mu)R_0}{A}$ y así

$$(\gamma + \mu)R_0 + A\varepsilon < \gamma + \mu = d_1(\gamma + \mu)$$

que es lo que se quería probar.

Por lo tanto, el sistema (4.7) tiene solución positiva cuando $R_0 < 1$. Esto implica que la matriz no singular para $R_0 < 1$, de aquí que sus autovalores tienen parte real positiva de a) esto es equivalente a decir que los autovalores de matriz tienen parte real negativa y por lo tanto que E_0 es localmente asintóticamente estable.

Para probar la estabilidad global de E_0 en Ω para $R_0 \leq 1$, usamos la siguiente función de Lyapunov

$$L = AI + BV_\ell + CV_2$$

donde:

$$A = \frac{\delta}{(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)}, \quad B = \frac{(R_0 + 1)}{2} \frac{1}{(\sigma + \nu)}$$

$$C = \frac{\lambda_2}{\nu(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)}$$

El derivado orbital de L (\dot{L}) está dado por:

$$\dot{L} = \nabla L \bullet f$$

$$\dot{L} = \left(\frac{\partial L}{\partial I}, \frac{\partial L}{\partial V_1}, \frac{\partial L}{\partial V_2} \right) \bullet (I', V_1', V_2')$$

$$\dot{L} = (A, B, C) \bullet (I', V_1', V_2')$$

$$\dot{L} = AI' + BV_1' + CV_2'$$

$$\dot{L} = \frac{\delta}{(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} [(\lambda_2 V_2)S - (\gamma + \mu)I] + \frac{R_0 + 1}{2(\sigma + \nu)} [\delta I(1 - V_\ell - V_2) - (\sigma + \nu)V_\ell] +$$

$$+ \frac{\lambda_2}{\nu(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} [\sigma V_\ell - \nu V_2]$$

$$\begin{aligned} \dot{L} = & \frac{\delta\lambda_2}{(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}V_2S - \frac{\delta}{(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}(\gamma+\mu)I + \frac{R_0+1}{2(\sigma+\nu)}\delta I(1-V_\ell-V_2) - \\ & - \frac{R_0+1}{2(\sigma+\nu)}(\sigma+\nu)V_\ell + \frac{\lambda_2\sigma}{\nu(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}V_\ell - \frac{\lambda_2\nu}{\nu(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}V_2 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \dot{L} = & -\frac{\delta}{(\sigma+\nu)}\left[1-\frac{R_0+1}{2}(1-V_\ell-V_2)\right]I - \left[\frac{R_0+1}{2}-\frac{\delta\lambda_2\sigma}{\nu(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}\right]V_\ell \\ & - \frac{\nu\lambda_2}{\nu(\gamma+\mu)(\sigma+\nu)}(1-\delta S)V_2 \end{aligned}$$

$$\dot{L} \leq -\frac{\delta}{(\sigma+\nu)}\left[1-\frac{R_0+1}{2}\right]I - \left[\frac{R_0+1}{2}-\frac{R_0}{\delta}\right]V_\ell$$

$$\dot{L} \leq -\frac{(1-R_0)}{2}\left[\frac{\delta}{(\sigma+\nu)}I+V_\ell\right]$$

Si $R_0 \leq 1$ entonces $\dot{L} \leq 0$, esto quiere decir que E_0 es estable en el sentido de Lyapunov.

Claramente, $\dot{L} \leq 0$ en Ω cuando $R_0 \leq 1$. Dado que las expresiones dentro del corchete son mayores o iguales a cero; el subconjunto de Ω donde $\dot{L} = 0$ está definido por las ecuaciones:

$$I = 0, V_\ell = 0, (1-S)V_2 = 0; \text{ si } R_0 < 1$$

$$V_\ell = V_2 = 0, \text{ o } I = V_\ell = V_2 = 0, \text{ o } I = 0, S = 1; \text{ si } R_0 = 1.$$

Al observar el sistema (4.1), puede verse en todo caso que E_0 lo único que hace es mantener invariante el conjunto en \dot{L} . Por lo tanto por el Teorema de LaSalle - Lyapunov

todas las trayectorias que comienzan en Ω se aproximan a E_0 cuando $t \rightarrow \infty$. Todos estos resultados se pueden resumir en el teorema siguiente.

Teorema 4.3

El punto de equilibrio E_0 es globalmente asintóticamente estable en Ω para $R_0 \leq 1$, y es inestable para $R_0 > 1$.

A continuación se probará la estabilidad local del equilibrio endémico cuando $R_0 > 1$. Una forma usual de probar la estabilidad asintótica del punto de equilibrio \bar{x}_0 del sistema de ecuaciones diferenciales

$$\bar{x}' = f(\bar{x}) \quad (4.9)$$

es probando que la ecuación linearizada $\bar{Z}' = Df(\bar{x}_0)\bar{Z}$, no tiene soluciones de la forma

$$\bar{Z}(t) = \bar{Z}_0 e^{wt} \quad (4.10)$$

con $\bar{Z}_0 \in \mathbb{C} - \{0\}$, $w \in \mathbb{C}$ y $\text{Re}(w) \geq 0$ donde \mathbb{C} denota el conjunto de los números complejos. En lo que sigue, se trabajará con el sistema equivalente para (4.1) que se obtiene tomando las coordenadas I', V_ℓ', V_2' y $R' = 1 - S' - I'$. Sustituyendo la solución en la forma (4.9) en la ecuación linearizada del equilibrio endémico, se obtienen las siguientes ecuaciones lineales. Obtenemos enseguida el sistema equivalente al sistema (4.1):

$$\begin{aligned} I' &= \lambda_2 V_2 S - (\gamma + \mu) I \\ V_\ell' &= \delta I (1 - V_1 - V_2) - (\sigma + \nu) V_\ell \\ V_2' &= \sigma V_1 - \nu V_2 \\ R' &= 1 - \mu R + \gamma I \end{aligned}$$

Usando el método de Linearización (B2), se obtiene

$$I' \cong \frac{\partial I'}{\partial I}(E_1)(I - I^*) + \frac{\partial I'}{\partial V_1}(E_1)(V_\ell - V_\ell^*) + \frac{\partial I'}{\partial V_2}(E_1)(V_2 - V_2^*) + \frac{\partial I'}{\partial R}(E_1)(R - R^*)$$

$$I' = (-\lambda_2 V_2 - (\gamma + \mu))(E_1)Z_1 + \lambda_2(1 - R - I)(E_1)Z_3 - \lambda_2 V_2(E_1)Z_4$$

$$I' = -\lambda_2 V_2^* Z_1 - (\gamma + \mu)Z_1 + \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 - \lambda_2 V_2^* Z_4$$

$$I' = -(\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu)Z_1 + \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 - \lambda_2 V_2^* Z_4$$

$$V_\ell' \cong \frac{\partial V_\ell'}{\partial I}(E_1)(I - I^*) + \frac{\partial V_\ell'}{\partial V_\ell}(E_1)(V_\ell - V_\ell^*) + \frac{\partial V_\ell'}{\partial V_2}(E_1)(V_2 - V_2^*) + \frac{\partial V_\ell'}{\partial R}(E_1)(R - R^*)$$

$$V_\ell' = \delta(1 - V_\ell - V_2)(E_1)Z_1 - (\delta I + (\sigma + \nu))(E_1)Z_2 - \delta I(E_1)Z_3$$

$$V_\ell' = \delta(1 - V_\ell^* - V_2^*)Z_1 - (\delta I^* + (\sigma + \nu))Z_2 - \delta I^* Z_3$$

$$V_2' \cong \frac{\partial V_2'}{\partial I}(E_1)(I - I^*) + \frac{\partial V_2'}{\partial V_\ell}(E_1)(V_\ell - V_\ell^*) + \frac{\partial V_2'}{\partial V_2}(E_1)(V_2 - V_2^*) + \frac{\partial V_2'}{\partial R}(E_1)(R - R^*)$$

$$V_2' = \sigma Z_2 - \nu Z_3$$

$$R' \cong \frac{\partial R'}{\partial I}(E_1)(I - I^*) + \frac{\partial R'}{\partial V_\ell}(E_1)(V_\ell - V_\ell^*) + \frac{\partial R'}{\partial V_2}(E_1)(V_2 - V_2^*) + \frac{\partial R'}{\partial R}(E_1)(R - R^*)$$

$$R' = \gamma(E_1)Z_1 - \mu(E_1)Z_4$$

$$R' \cong \gamma Z_1 - \mu Z_4$$

Así, el sistema que resulta es:

$$\begin{aligned}
 wZ_1 &= -(\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu)Z_1 + \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 - \lambda_2 V_2^* Z_4 \\
 wZ_2 &= \delta(1 - V_\ell^* - V_2^*)Z_1 - (\delta I^* + \sigma + \nu)Z_2 - \delta I^* Z_3 \\
 wZ_3 &= \sigma Z_2 - \nu Z_3 \\
 wZ_4 &= \gamma Z_1 - \mu Z_4
 \end{aligned} \tag{4.11}$$

Donde $Z_1, Z_2, Z_3, Z_4 \in \mathbb{R}$, y $\bar{Y}^* = (I^*, V_\ell^*, V_2^*, R^*)$ son las coordenadas del equilibrio endémico.

Resolviendo las últimas tres ecuaciones del sistema (4.11) para Z_3 , y Z_4 y sustituyendo en las primeras dos ecuaciones se obtiene, después de algunas manipulaciones:

$$\begin{aligned}
 wZ_3 &= \sigma Z_2 - \nu Z_3 & wZ_4 &= \gamma Z_1 - \mu Z_4 \\
 Z_3(w + \nu) &= \sigma Z_2 & Z_3(w + \mu) &= \gamma Z_1 \\
 Z_3 &= \frac{\sigma}{w + \nu} Z_2 & Z_4 &= \frac{\gamma}{w + \mu} Z_1
 \end{aligned}$$

Sustituyendo en las primeras dos ecuaciones tenemos:

$$wZ_1 = -(\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu)Z_1 + \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 - \lambda_2 V_2^* \frac{\gamma}{w + \mu} Z_1$$

$$Z_1 \left(w + \lambda_2 V_2^* \left(1 + \frac{\gamma}{w + \mu} \right) + (\gamma + \mu) \right) = \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 \quad (4.12)$$

$$Z_1 \frac{1}{\gamma + \mu} \left(w + \lambda_2 V_2^* \left(1 + \frac{\gamma}{w + \mu} \right) + 1 \right) = \frac{1}{\gamma + \mu} \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3$$

$$wZ_2 = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1 - (\delta I^* + \sigma + \nu)Z_2 - \delta I^* \frac{\sigma}{w + \nu} Z_2$$

$$wZ_2 + (\delta I^* + \sigma + \nu)Z_2 + \delta I^* \frac{\sigma}{w + \nu} Z_2 = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

$$Z_2 \left[w + \delta I^* + \sigma + \nu + \delta I^* \frac{\delta \sigma}{w + \nu} \right] = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

$$Z_2 \left[w + \delta I^* \left[1 + \frac{\delta \sigma}{w + \nu} \right] + (\sigma + \nu) \right] = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

$$Z_2(\sigma + \nu) \left[\frac{w}{\sigma + \nu} + \frac{1}{\sigma + \nu} \delta I^* \left[1 + \frac{\delta \sigma}{w + \nu} \right] + 1 \right] = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

$$Z_2 \frac{1}{(\sigma + \nu)} \left[w + \delta I^* \left[1 + \frac{\delta \sigma}{w + \nu} \right] \right] = \frac{1}{(\sigma + \nu)} \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1 \quad (4.13)$$

En efecto

$$\begin{aligned}
 wZ_3 &= \sigma Z_2 - \nu Z_3 \\
 Z_3(w + \nu) &= \sigma Z_2 \quad (4.14) \\
 Z_3\nu\left(\frac{w}{\nu} + 1\right) &= \frac{\sigma}{\nu} Z_2
 \end{aligned}$$

La ecuación wZ_4 no se escribe por que es linealmente dependiente de estas tres anteriores, es decir puede escribirse como combinación lineal de Z_1 , entonces basta trabajar con las primeras tres ecuaciones. Al tomar las ecuaciones (4.12), (4.13), y (4.16), se forma el sistema equivalente

$$(1 + G_i(w))Z_i = (H\bar{Z})_i, \quad i = 1, \dots, 4 \quad (4.15)$$

Donde $\bar{Z} = (Z_1, Z_2, Z_3)$ y

$$\begin{cases}
 G_1(w) = \frac{1}{(\gamma + \mu)} \left[w + \lambda_2 V_2^* \left(\frac{w + \mu + \gamma}{w + \mu} \right) + 1 \right] \\
 G_2(w) = \frac{1}{(\sigma + \nu)} \left[w + \delta I^* \left[1 + \frac{\delta \sigma}{w + \nu} \right] \right] \\
 G_3(w) = \frac{w}{\nu}
 \end{cases} \quad (4.16)$$

Donde H es la matriz

$$H = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \frac{\lambda_2}{\gamma + \mu}(1 - R^* - I^*) \\ \frac{\delta}{\sigma + \nu} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\sigma}{\nu} & 0 \end{pmatrix}$$

Notemos que la matriz H tiene sus entradas no negativas, y $\bar{Y}^* = (I^*, V_l^*, V_2^*)$ satisface

$$\bar{Y}^* = H\bar{Y}^* \quad (4.17)$$

En efecto.

$$\bar{Y}^* = \left(T(R_0 - 1), \frac{\delta I}{\delta I(1 + \frac{\sigma}{\nu} + \nu + \sigma)}, \frac{\sigma \delta I}{\nu \left[\delta I(1 + \frac{\sigma}{\nu}) + (\nu + \sigma) \right]} \right)^t$$

$$H = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \frac{\lambda_2}{\gamma + \mu}(1 - R^* - I^*) \\ \frac{\delta}{\sigma + \nu} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\sigma}{\nu} & 0 \end{pmatrix} * \begin{bmatrix} T(R_0 - 1) \\ \frac{\delta I}{\delta I(1 + \frac{\sigma}{\nu} + \nu + \sigma)} \\ \frac{\sigma \delta I}{\nu \left[\delta I(1 + \frac{\sigma}{\nu}) + (\nu + \sigma) \right]} \end{bmatrix}$$

Verificando

$$\frac{\lambda_2}{(\gamma + \mu)}(1 - R^* - I^*)V_2 = \frac{\lambda_2}{(\gamma + \mu)}S^*V_2^* = \lambda_2 S^*V_2^* = (\gamma + \mu)I^* = \lambda_2 S^*V_2^* - (\gamma + \mu)I^* = I'$$

Dado que $I' = 0$

$$\lambda_2 V_2^* S^* = (\gamma + \mu)I^*$$

Resolviendo como se hizo para obtener (4.5) resulta que

$$I = T[R_0 - 1] \quad (4.18)$$

Luego

$$\frac{\delta(1 - V_\ell^* - V_2^*)}{\sigma + \nu} * I = V_\ell \quad (4.19)$$

Se resuelve de igual forma como se hizo para encontrar (4.3). Finalmente tenemos

$$\frac{\sigma}{p\nu} V_\ell = V_2$$

Haciendo exactamente lo mismo que se hizo cuando se dedujo (4.4). Además, dado que las coordenadas de \bar{Y}^* son positivas, s es el mínimo valor positivo tal que

$$\|\bar{Z}\| \leq s\bar{Y}^*$$

donde $\|\bar{Z}\| = (|Z_1|, \dots, |Z_3|)$ y $\|\bullet\|$ es la norma en \mathbb{R}^3 .

Ahora queremos mostrar que $\text{Re}(w) < 0$. Negando esto distinguimos 2 casos: $w = 0$ y $w \neq 0$. Para el primer caso, $w > 0$ usando las ecuaciones (4.12) y (4.13)

$$wZ_1 = -(\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu)Z_1 + \lambda_2(1 - R^* - I^*)Z_3 - \lambda_2 V_2^* Z_4$$

$$wZ_1 = -(\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu)Z_1 + (1 - R^* - I^*) \frac{\lambda_2 \sigma}{w + \nu} Z_2 - \frac{\lambda_2 \gamma V_2^*}{w + \nu} Z_1$$

$$\left[w + (\lambda_2 V_2^* + \gamma + \mu) + \frac{\lambda_2 \gamma V_2^*}{w + \nu} \right] Z_1 = + (1 - R^* - I^*) \frac{\lambda_2 \sigma}{w + \nu} Z_2$$

$$\frac{1}{(\gamma + \mu)} \left[w + \lambda_2 V_2^* \left(\frac{w + \mu + \gamma}{w + \mu} \right) + 1 \right] Z_1 - \frac{1}{(\gamma + \mu)} (1 - R^* - I^*) \left[\frac{\lambda_2 \sigma}{(w + \nu)} \right] Z_2 = 0 \quad (4.20)$$

$$wZ_2 = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1 - (\delta I^* + \sigma + \nu)Z_2 - \delta I^* \frac{\sigma}{w + \nu} Z_2$$

$$wZ_2 + (\delta I^* + \sigma + \nu)Z_2 - \delta I^* \frac{\sigma}{w + \nu} Z_2 = \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

$$\frac{1}{\sigma + \nu} \left[w + \delta I^* \left(1 + \frac{\delta \sigma}{(w + \nu)} \right) + 1 \right] Z_2 = \frac{1}{\sigma + \nu} \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1$$

Así

$$\frac{\delta}{(\sigma + \nu)} \delta(1 - V_1^* - V_2^*)Z_1 - (\sigma + \nu) \left[\frac{1}{\sigma + \nu} \left(w + \delta I^* \left(1 + \frac{\delta \sigma}{(w + \nu)} \right) + 1 \right) \right] Z_2 = 0 \quad (4.21)$$

Al evaluar $w = 0$ en (4.20) y (4.21) se obtiene el siguiente sistema de ecuaciones

$$\left[\frac{1}{(\gamma + \mu)} (\lambda_2 V_2^*) \frac{\mu + \gamma}{\mu} + 1 \right] Z_1 - \frac{(1 - R^* - I^*)}{(\gamma + \mu)} \left[\frac{\lambda_2 \sigma}{\nu} \right] Z_2 = 0 \quad (4.22)$$

$$\frac{\delta}{(\sigma+\nu)}(1-V_\ell^*-V_2^*)Z_1 - \left[\frac{1}{\sigma+\nu} \left(\delta I^* \left(1 + \frac{\delta\sigma}{\nu} \right) + 1 \right) \right] Z_2 = 0$$

Calculando el determinante del sistema (4.22):

$$\begin{aligned} & - \left[\frac{1}{(\gamma+\mu)} \lambda_2 V_2^* \left(\frac{\mu+\gamma}{\mu} \right) + 1 \right] \left[\frac{1}{\sigma+\nu} \left(\delta I^* \left(1 + \frac{\delta\sigma}{\sigma+\nu} \right) + 1 \right) \right] \\ & - \left[\frac{\delta}{\sigma+\nu} \delta (1-V_\ell^*-V_2^*) \right] \left[- \frac{(1-R^*-I^*)}{(\gamma+\mu)} \left[\frac{\lambda_2\sigma}{\nu} \right] \right] = 0 \end{aligned}$$

Cambiando signos resulta

$$(G_1(0)+1)(G_2(0)+1) - \frac{(1-R^*-I^*)}{(\gamma+\mu)} \left[\frac{\lambda_2\sigma}{\nu} \right] \left[\frac{1}{\sigma+\nu} \delta (1-V_\ell^*-V_2^*) \right] = 0$$

De (4.18) y (4.19) resulta que

$$(G_1(0)+1)(G_2(0)+1) - \frac{(1-R^*-I^*)}{(\gamma+\mu)} \left[\lambda_1 + \frac{\lambda_2\sigma\sigma_m}{p\nu(\sigma+\nu)} \right] \left[\frac{1}{\sigma_m+\nu} \delta (1-V_m^*-V_\ell^*-V_2^*) \right] = 0$$

$$(G_1(0)+1)(G_2(0)+1) - \frac{S^*}{(\gamma+\mu)} \frac{I^*(\gamma+\mu)}{S^*V_\ell^*} \frac{V_\ell^*}{I^*} = 0$$

$$(G_1(0)+1)(G_2(0)+1) - 1 = 0$$

Es decir

$$(G_1(0)+1)(G_2(0)+1) - 1 = G_1(0) + G_2(0) + G_1(0)G_2(0) + 1 - 1 = 0$$

$$G_1(0) + G_2(0) + G_1(0)G_2(0) > 0$$

Como

$$G_1(0) > 0 \text{ y } G_2(0) > 0$$

Entonces para $w = 0$ la única solución del sistema (4.15) es la solución trivial, lo que implica que $w \neq 0$. Supongamos que $\text{Re}(w) > 0$. Sea $G(w) = \min\{(1 + G_i(w)/i = 1, 2, 3, \dots)\}$. Es fácil probar que en este caso $|1 + G_i(w)| > 1$ para todo i , por lo tanto $G(w) > 1$. Tomando la norma sobre ambos lados de la ecuación (4.8) y usando el hecho que H es no negativa, se obtiene la inecuación

$$\begin{aligned} G(w)|\bar{Z}| &\leq H|\bar{Z}| \\ G(w)|\bar{Z}| &\leq G(w)sY^* \\ G(w)|\bar{Z}| &\leq sHY^* \\ G(w)|\bar{Z}| &\leq sY^* \\ \Rightarrow |\bar{Z}| &\leq \frac{s}{G(w)}Y^* < sY^* \end{aligned}$$

Pero esto contradice la minimalidad de s . De donde $\text{Re}(w) < 0$. Con esto hemos probado el siguiente teorema.

Teorema 4.4

Si $R_0 > 1$, el equilibrio endémico E_1 es localmente asintóticamente estable.

4.6 Discusión

Para este modelo la **condición umbral** que determina la existencia y estabilidad del equilibrio endémico esta dado por:

$$R_0 = \frac{\lambda_2 \delta \sigma}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} < 1,$$

Necesitamos analizar como cambia el contacto entre humanos susceptibles y mosquitos infectados a los nuevos nacimientos R_0 . El parámetro λ_2 aparece solo en el numerador de la expresión para R_0 . Si incrementamos λ_2 en alguna cantidad $\varepsilon > 0$, R_0 se incrementará en un factor:

$$A_1(\varepsilon) = \frac{\lambda_2 \sigma + \nu(\sigma + \nu)}{\nu + \sigma}$$

En efecto:

$$\begin{aligned} R_0(\varepsilon) &= \lambda_2 \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} = (\lambda_2 + \varepsilon) \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} \\ &= \lambda_2 \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} + \varepsilon \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} \\ &= \varepsilon \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu)} + R_0 \end{aligned}$$

de lo que resulta que

$$R_0 \left[\varepsilon \frac{\sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu) R_0} + 1 \right] = R_0 \left[\frac{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu) \varepsilon \sigma \delta}{v(\gamma + \mu)(\sigma + \nu) \sigma \delta \lambda_2} + 1 \right]$$

Así

$$A_1(\varepsilon) = 1 + \frac{\varepsilon}{\lambda_2}$$

Se observa que A_1 crece linealmente con incrementos de ε . Por otro parte, para ε cercano a cero, calculando la derivada de $A_1(\varepsilon)$ tenemos

$$A_1'(\varepsilon) = \frac{1}{(\lambda_2)^2}$$

De tal forma que $A_1'(\varepsilon) > 0$ implica que $\lambda_2 < 1$.

4.7 Resultados

Dado que R es una función de los parámetros del modelo definido como el número de los nuevos infectado por un infeccioso en la interacción con susceptibles. Habrá un equilibrio endémico y la enfermedad persistirá. Para ilustrar la dinámica de la epidemia y estudiar diferentes estrategias, una simulación fue realizada usando MATLAB con valores diferentes de los parámetros implícitos en el modelo

Las figuras muestran el curso temporal de los humanos infectados I y los mosquitos infectados V_2 . Los valores para los parámetros están dados en la tabla.1 En todas las figuras $R_0 > 1$. Además se observa a λ_2 que denotan la tasa de contacto entre humanos susceptibles Mosquitos infecciosos que pertenecen a la clase V_2 , entre mas pequeña sea la curvatura de la grafica es menor y el proceso de estabilidad es mas rápido (figura 4)

Tabla 3: Muestra el valor de algunos parámetros utilizados en el modelo del dengue

Notación	Significado de los Parámetros	Valor
μ	Tasa de mortalidad constante de la población humana	65 años
γ	Periodo infecciosos en el humano aproximadamente (4-7 días)	5 días
δ	Tasa de contacto entre mosquitos susceptibles y humanos infecciosos	0.6
ν	Tasa de mortalidad del mosquito	1/25
σ	Periodo latente en el mosquito	1/8

Tabla 4: Muestra como varía el equilibrio endémico al considerar diferentes valores para λ_2

λ_2	R_0	S^*	I^*	V_ℓ^*	V_2^*
0.5	1.1364	0.88002	0.0000010114	0.000003677	0.000011493
0.7	1.5909	0.62861	0.0000031308	0.000011384	0.000035576
0.8	1.8182	0.55004	0.0000037931	0.000013792	0.000043101

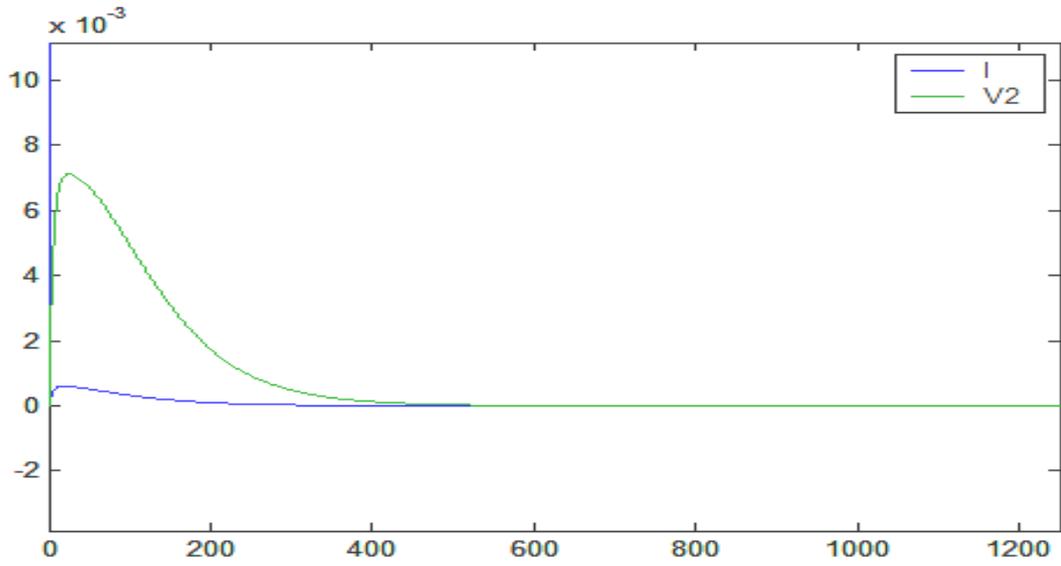


Figura 21: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.5

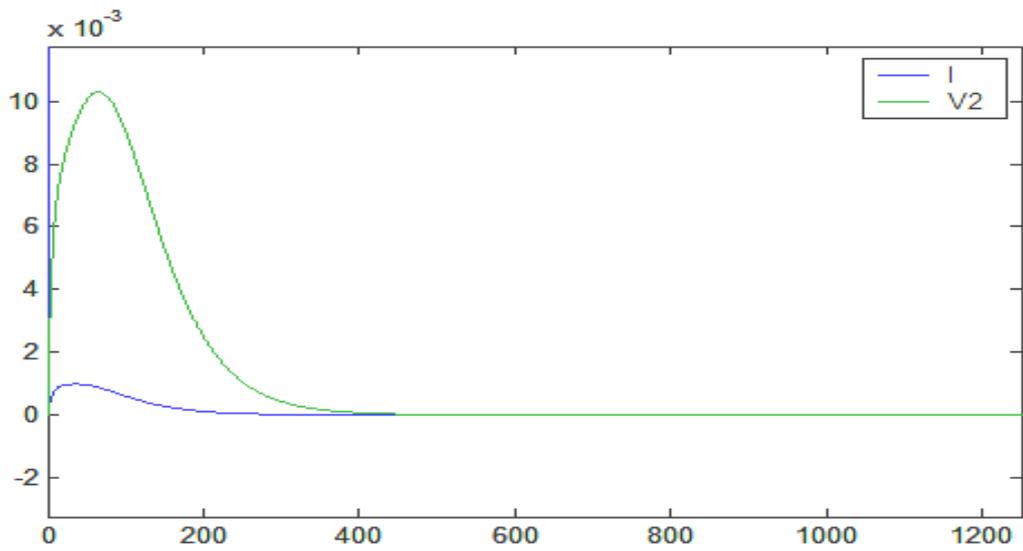


Figura 22: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.7

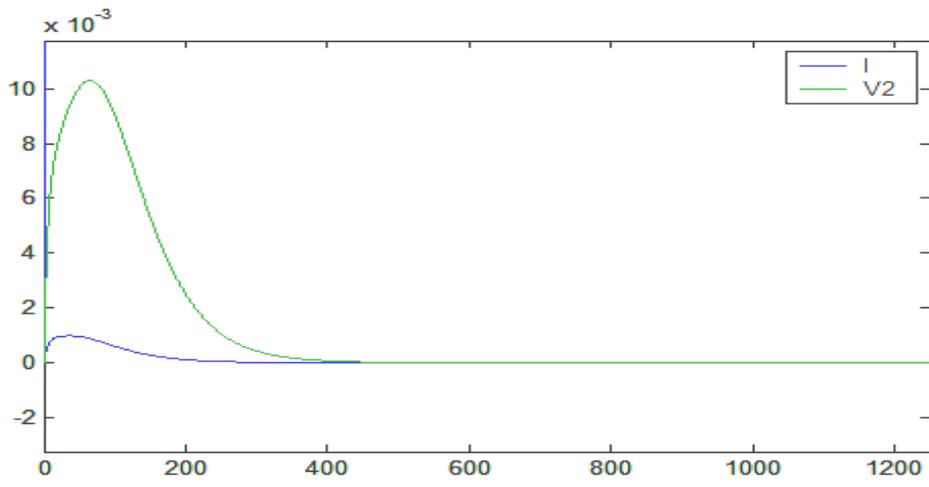


Figura 23: Muestra el comportamiento de una enfermedad si la tasa de contacto λ_2 es de 0.8

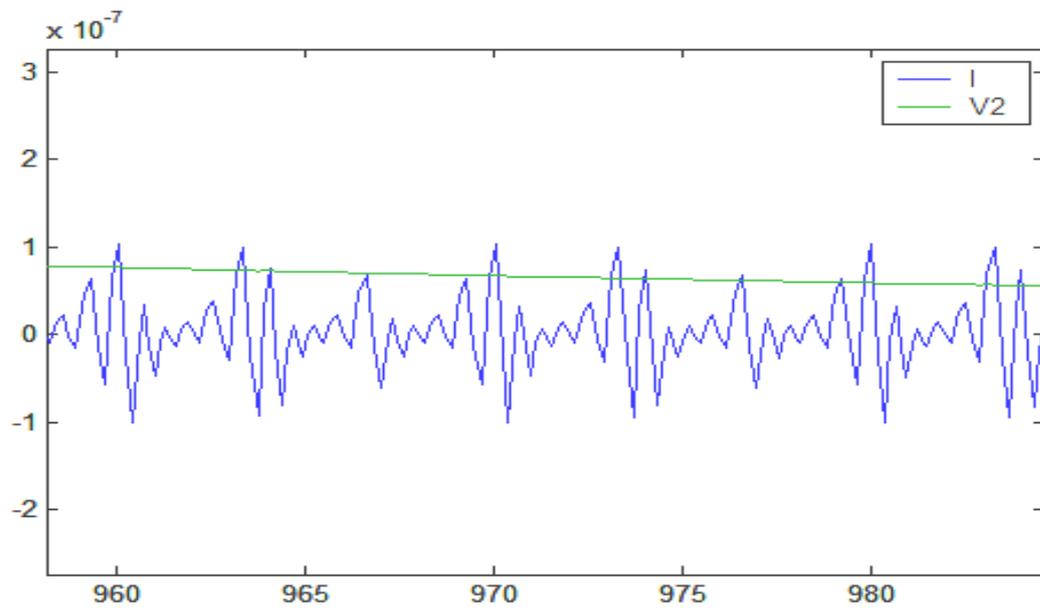


Figura 24: Muestra la estabilidad local del punto de endémico.

GLOSARIO DE SIMBOLOS

$N(t)$: Población inicial al tiempo t .

R_0 : Número reproductivo básico.

$V(S, I)$: Orbita.

(S_∞, I_∞) : Punto de equilibrio.

μ : Tasa proporcional de mortalidad.

L : Esperanza de vida.

A : Edad promedio de la infección.

λ : Simboliza los valores propios de una matriz.

T : Periodo ínter epidémico.

τ : Periodo contagioso, paso de tiempo.

T_c : Tiempo crítico.

\vec{z} : Vector

K : Capacidad de Carga.

$O(\tau)$: Error de truncamiento.

p : Orden de exactitud.

C^+ : Semi-orbita positiva

$L(C^+)$: Conjunto límite.

C : Orbita cerrada.

E_0 : Equilibrio libre d enfermedad.

E_1 : Equilibrio endémico.

$L(\dot{L})$: Función de Lyapunov

GLOSARIO DE TERMINOS

Aedes Albopictus

Es una especie de mosquito que transmite en menor escala el virus del Dengue.

Aedes Aegypti

Es una especie de mosquito diurna, con mayor actividad de picadura. Vive y deposita sus huevos en recipientes donde se almacena el agua.

Anticuerpo

Proteína producida por un tipo de glóbulo blanco (lifocito B) y células plasmáticas en respuesta al ingreso de un antígeno y cuya función es defender el organismo.

Antibiótico

Sustancia antimicrobiana derivada de bacterias, hongos o sintética.

Arbovirus

Virosis transmitida de un huésped a otro por medio de una o más tipos de artrópodos.

Artrópodos

Son invertebrados que tiene exoesqueleto de quitina y patas articuladas móviles.

Campo direccional

Indica a partir de un sistema de ecuaciones diferenciales cuan rápido se mueve una solución a lo largo de su orbita y en que dirección se mueve.

Chagas

En una enfermedad provocada cuando un insecto infectado deposita sus heces en la piel de una persona. La persona a menudo se frota las picaduras, accidentalmente introduciendo las heces en la herida de la picadura, los ojos o la boca.

Cohorte

Un grupo de individuos que tiene un factor estadístico común como edad, clase en un estudio demográfico similar.

Cólera

Es una infección intestinal aguda, grave, que se caracteriza por la aparición de evacuaciones diarreicas abundantes, con vómito y deshidratación que puede llevar al paciente a acidosis y colapso circulatorio en el término de 24 horas y en los casos no tratados puede ocasionar la muerte.

Demografía

Estudio estadístico de una colectividad humana, según su composición y estado en un momento determinado o según su evolución histórica.

Dengue:

Es una enfermedad viral suave transmitida por los mosquitos de género *Aedes*. Se caracteriza por la fiebre, la erupción, y los dolores del músculo y del empalme.

Dengue Clásico

Se caracteriza por un cuadro febril agudo, de duración limitada (2-7 días), con intenso malestar general, (dolor retro ocular, dolor muscular y dolores articulares), acompañado de una erupción cutánea.

Dengue Hemorrágico

Incluye los síntomas del Dengue clásico, a los que se agregan, manifestaciones hemorrágicas con aumento de permeabilidad vascular y anomalías en los mecanismos de coagulación.

Determinístico

Es una palabra que se usa para denotar a un modelo el cual a futuro le esta completamente determinado dado suficiente conocimiento del presente.

Ebola

Es una infección viral y quizás tenga un contenido inmunológico. Sus mecanismos de acción no se conocen, pero es muy similar a otros filovirus

Ecuación Autónoma

Cuando el segundo miembro de una ecuación no depende explícitamente de t sino que solo de y .

Ecuación Logística

Es un modelo simple para una especie que no tiene un depredador.

Enfermedad del Sueño

Es una infección parasitaria que transmiten las moscas. A medida que la enfermedad progresa, el sueño se hace más incontrolable.

Epidemia

Este término proviene del griego *epi*: sobre y *demós*: pueblo, y significa aparición súbita de una enfermedad, que ataca un gran número de individuos que habitan una región determinada.

Equilibrio

Es una solución constante del sistema de ecuaciones diferenciales.

Equilibrio Estable

Cuando al menos un valor propio tiene parte real cero y los otros negativos.

Equilibrio Asintóticamente Estable

Es un equilibrio que además de ser estable las soluciones están suficientemente cerca del equilibrio cuando $t \rightarrow \infty$ y si todos los valores propios de una matriz tienen parte real negativa

Equilibrio inestable

Cuando al menos un valor propio tiene parte real positiva.

Esquitómatosis

Es una enfermedad vinculada con la pobreza y la desnutrición.

Gonorrea

Es una de las enfermedades infecciosas bacterianas más comunes y es frecuentemente transmitida durante las relaciones sexuales, incluyendo las relaciones vaginales y tanto el sexo oral como el sexo anal.

Infeccioso

Individuo que se ha contagiado y es capaz de expandir la enfermedad por el contacto con susceptibles.

Influenza

Es una enfermedad viral altamente contagiosa, se transmite de persona a persona por contacto directo a través de secreciones respiratorias producidas por toser o estornudar, o a través de artículos contaminados recientemente

Inmunidad Heteróloga

Es un tipo de inmunidad que dura un periodo de 6 meses y vuelve a ser susceptible.

Inmunidad Homóloga

Es el tipo de inmunidad de por vida.

Malaria

También conocida como paludismo, es una enfermedad que se transmite a los humanos mediante un vector. El mosquito *Anófeles* es el vector más común de la malaria.

Matriz comunidad

Describe el efecto del tamaño de cada especie sobre la razón de crecimiento de sí mismo y el equilibrio de otras especies.

Meningitis

Consiste de la inflamación de las membranas que cubren el cerebro.

Modelo

Constituye una representación abstracta de cierto aspecto de la realidad.

Modelo Matemático

Es un tipo de modelo basado en la lógica matemática cuyos elementos son esencialmente variables y funciones, y sus interrelaciones viene expresadas a través de relaciones matemáticas como ecuaciones, inecuaciones u operadores lógicas, en correspondencia con el fenómeno representado.

Orbitas

Es la trayectoria de curvas-soluciones en el plano fase representando una relación funcional entre x e y con el tiempo t como parámetro.

Peste Bubónica

Es una enfermedad infecciosa causada por la bacteria *Yersinia Pestis*. Estas bacterias se encuentran en los roedores salvajes pequeños y en sus pulgas.

Población

Es el número de personas u organismos de una especie particular, que viven en área. La población humana es estudiada por la demografía, sociología y geografía. La población de animal es estudiada por biología y en particular, biología demográfica, una rama de ecología, y genética demográfica.

Población Homogénea

Es una en la que todos sus miembros son iguales: pertenecen al mismo grupo racial, hablan un solo idioma y comparten las mismas creencias y costumbres.

Rabia

Es una enfermedad viral causada por un virus neurotrópico hallado a menudo en la saliva de los animales infectados. Se caracteriza por una irritación en los sistemas nerviosos centrales, seguida de parálisis y muerte.

Recuperado

Individuos que después de haber estado contagiados se han recuperado, pero tiene la posibilidad de volverse a contagiar dependiendo del tipo de inmunidad adquirida.

Retrato fase

Es la descripción completa de todas las orbitas de una ecuación diferencial y dependen casi por completo de los valores característicos de la matriz.

Rubéola

Es una infección respiratoria muy contagiosa provocada por un virus, se transmite entre personas a través de estornudos, tos o el contacto con superficies contaminadas (pañuelos, vasos o manos)

Sarampión

Es una enfermedad producida por la infección de un virus (mixovirus) muy contagioso. La infección se transmite por las secreciones nasales y orales o de una persona infectada y la incubación es de 8 a 14 días antes de la aparición de los síntomas. Incapacidad para ver ciertos colores, especialmente el rojo.

Serología

Suma de conocimientos relativos al suero sanguíneo y sueros terapéuticos. Pueden ser un elemento definitorio en el diagnóstico médico.

Serotipo

Inflamación de la piel

Sida:

Es ocasionado por el VIH (Virus de la Inmunodeficiencia Humana). EL SIDA es la etapa final y la más seria de la enfermedad producida por el VIH. Está caracterizado por signos y síntomas de inmunodeficiencia (falta de defensa contra infecciones) muy intensos. Este virus ataca al sistema inmune y deja el cuerpo vulnerable a una gran variedad de enfermedades.

Susceptible

Persona o animal que no posee resistencia contra determinado agente infeccioso; estando así esta expuesto a contraer una enfermedad

Tasa de contagio

Es la distribución de tiempo en que una persona puede contagiarse.

Tasa de Mortalidad

Indica el número de defunciones de una población cada mil habitantes, durante un periodo de tiempo determinado, generalmente un año.

Tasa de Natalidad

Indica el número de nacimientos de una población cada mil habitantes, durante un periodo de tiempo determinado, generalmente un año.

Tasa de recuperación

Es la distribución de tiempo de estancia en la clase infectados.

Tifus

Es una enfermedad infecciosa causada por bacterias. La enfermedad no se transmite de persona a persona sino por el piojo, pero él no nos infecta; nos infectamos nosotros mismos. Cuando el piojo chupa la sangre, defeca. Cuando nos rascamos infectamos la herida con las heces del piojo.

Tuberculosis

Es una enfermedad infecciosa producida por el *Micobacterium tuberculosis*. Normalmente afecta primariamente a los pulmones pero puede extenderse a otros órganos. La enfermedad se propaga a través del aire mediante pequeñas gotitas de secreciones de la tos ó estornudos de personas infectadas.

Umbral

Es llamado también numero reproductivo básico y de el depende la persistencia o la desaparición de una epidemia.

Varicela

Es una enfermedad cosmopolita, muy contagiosa, frecuente en niños en quienes es habitualmente benigna. Es una afección endémica con períodos en que se torna epidémica.

Vector

Es un artrópodo que transfiere un agente de una fuente de infección a un huésped susceptible. Los artrópodos actúan como vectores de enfermedades o como huéspedes intermediarios de patógenos.

Viruela

Es una enfermedad epidémica con erupción, pústulas y manifestaciones generales.

Virus

Es el agente que causan enfermedades. Pertenece al grupo de los arbovirus (se llaman así porque son virus transmitidos por artrópodos),

REFERENCIAS

Capítulo I

- [1] Dietz, K. (1988) The first epidemic model: A historical note on P. D. En'ko, *Australian J. Stat.*, 30:56-65.
- [2] Eller, S., R. Gallant, and J. Theiler (1995) Detecting nonlinearity and chaos in epidemic data In *Epidemic Models: Their Structure and Relation to data*, D. Mollison, eds., Cambridge University Press, Cambridge, 229-247.
- [3] Hethcote, H. W. (1976) Qusntitative analysis for communicable disease models, *Math. Biol.*, 28:335-356.
- [4] Kermack, W. O. and A. G. McKendrinck (1927) A Contribution to the Mathematical theory of epidemics, *Proc. Royal Soc. London*, 115:700-721.
- [5] Kermack, W. O. and A. G. McKendrinck (1932) A Contribution to the Mathematical theory of epidemics, part II, *Proc. Royal Soc. London*, 138:55-83.
- [6] McNeill, W. H. (1976) *Plagues and Peoples*, Doubleday, New York.
- [7] Ross, R. (1911) *The Prevention of Malaria*, 2nd ed., (with Addendum), John Murray, London.
- [8] Soper , H. E. (1929) Interpretation of periodicity in disease prevalence, *J. Roy. Stat. Soc.*, Series B, 92:34-73.

Capítulo II

- [1] Primer Curso Regional de Modelación Matemática, realizado de 10 al 21 de Enero de 2005 en la Universidad de El Salvador, con el auspicio de la Vicerrectoría Académica de la Universidad y The National Science Foundation (NSF)

Capítulo III

- [1] Bendixson, T. (1901) Sus les courbes définies par des équations differentielles, *Acta. Math.*, 24:1-18.

- [2] Dulac, H. (1934) Point Singulieres des Équations Differentielles, *Mén. Sci. Math.*, Fasc. 61, Gauthier-Villars, Paris.
- [3] Hurewicz, W. (1958) *Lectures in Differential Equations*, MIT Press, Cambridge.
- [4] Komolgorov, A. N. (1936) Sulla teoria di Volterra della totta per l'esistenza, *Giorn. Inst. Ital. Attuari*, 7:74-80.
- [5] Poincaré, H. (1881) Sur les courbes définies par des equation differentilles, *J. Math. Pures Appl.*, Vol.1 (1881): 375-427, Vol.8 (1882): 251-286, Vol.11 (1885): 162-244, Vol.12 (1886): 151-217.

Capitulo IV

- [1] V. Jimenes. L. Ecuaciones Diferenciales, Como Aprenderlas, Como Enseñarlas, Universidad de Murcia, 2000.
- [2] Mario Vargas V., Transmisión de Arbovirus, un Fenómeno Biológico de Gran Complejidad., Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica, y Asociación Costarricense de Microbiología y Parasitología (ACMP)
- [3] M. Braun, Ecuaciones Diferenciales y sus aplicaciones (2º edición, en español), matemáticas de ciencias aplicadas 15, Springer-Verlag, Nueva Cork, 1978.
- [4] Zhilan Feng¹, Jorge X. Velasco-Hernández², Competitive exclusion in a vector-host model for the dengue fever,
1: Biometrics Unit, Cornell University, Ithaca, NY 14853–7801, USA
2: Departamento de Matemáticas, UAM-Iztapalapa, México
- [5] Lourdes Esteva, Cristobal Vargas, Coexistence of different serotypes of dengue virus, *Mathematical Biology*, *J. Math. Biol.* Published online: 26 September 2002 – Springer-Verlag 2002
- [6] Estabilidad Interna de los Sistemas No Lineales, Dinámica de los Sistemas Físicos
Análisis de la Estabilidad Interna de los Sistemas No Lineales.
- [8] Real symmetric matrices, School of Mathematical, Sciences University of Nottingham.
- [9] w. B. Fitzgibbon, y s. L. Hollis, z and j. J. Morgan xc , Stability and Lyapunov Functions for Reaction-Diffusion Systems, 1997 Society for Industrial and Applied Mathematics, Vol. 28, No. 3, pp. 595610, May 1997

ANEXOS

```
% Solución grafica del sistema
```

```
% f=x-0.01*y.^2;
```

```
% g=x+y;
```

```
function dw=ejemplo(t,w)
```

```
dw=zeros(size(w));
```

```
dw(1)=w(1)-0.01*w(2).^2;
```

```
dw(2)=w(1)+w(2);
```

```
% Campo Direccional del sistema
```

```
% f=x-0.01*y.^2;
```

```
% g=x+y;
```

```
[x,y]=meshgrid (-1400:100:600,-400:100:700);
```

```
f=x-0.01*y.^2;
```

```
g=x+y;
```

```
quiver(x,y,f,g)
```

```
temp=sqrt(f.^2+g.^2);
```

```
quiver(x,y,f./temp,g./temp);
```

```
xlabel('x');
```

```
ylabel('y');
```

```
% Grafico del sistema
```

```
% f=x-0.01*y.^2;
```

```
% g=x+y;
```

```
clear
```

```
clf
```

```
x0=1; y0=2;
```

```
w= [x0 y0]';
```

```
[t,u]=ode45('ejemplo',[0:0.5:5],w);
```

```
plot(t,u(:,1),t,u(:,2))
```

```
xlabel('t');
```

```
legend('x','y')
```

```
% Función para el sistema de
```

```
% senos y cósenos
```

```
function dw=ejem(t,w)
```

```
dw=zeros(size(w));
```

```
dw(1)=sin (w(2));
```

```
dw(2)=cos (w(1));
```

```
% Graficas del Sistema
```

```

% f=sen(y)
% g=cos(x)
clear
clf
x0=0; y0=1;
w= [x0 y0]';
[t,u]=ode45('ejem',[0 30],w);
plot(t,u(:,1),t,u(:,2))
xlabel('t');
legend('x','y')

```

```

% Campo Direccional del Sistema
% f=sen(y)
% g=cos(x)
[x,y]=meshgrid (-4:0.2:4);
f=sin (y);
g=cos (x);
quiver(x,y,f,g)
temp=sqrt(f.^2+g.^2);
quiver(x,y,f./temp,g./temp);
xlabel('x');
ylabel('y');

```

```

% Programa para el sistema S-I-R
% con dos parámetros

```

```

function dw=sirs(t,w)
    dw = zeros(size(w));

```

```

% Parámetros
a=4;
b=3;
S = w(1); H = w(2); R = w(3);

```

```

% Ecuaciones
dw(1) = -b.*S*H;
dw(2) = b.*S*H - a*H;
dw(3) = a*H;

```

```

% Programa para el S-I-R
% con un parámetros

function dw=sirp(t,w)
    dw = zeros(size(w));

% Parámetros
k=4/15000;
S = w(1); H = w(2); R = w(3);

% Ecuaciones
dw(1) = -S*H;
dw(2) = S*H - k*H;
dw(3) = k*H;

% Condiciones Iniciales para el Sistema S-I-R
% con uno o dos parámetros

S0 =0.9; H0 =0.1; R0 = 0;
wo=[S0 H0 R0 ]';
[t,u]=ode45('sirp',[0:0.01:50],wo);
plot(t,u(:,1),t,u(:,2),t,u(:,3))
% Grafica
legend('S','I','R')
xlabel('tiempo')

% Programa de Modelos Epidemiologicos SIR
close all
clear all
clc
S = zeros(1, 100);
EI = zeros(1, 100);
R = zeros(1, 100);
C = input('Ingrese tasa de contagio: ');
TR = input('Ingrese tasa de recuperacion: ');
SA = input('Ingrese poblacion inicial sana: ');
N = input('Ingrese poblacion inicial infectada: ');
J = input('Ingrese cantidad de periodos a calcular N: ');
S(1) = SA;
EI(1) = N;
R(1) = 0;
fid = fopen('episir.txt', 'w');
fprintf(fid, '\t\tS\tI\tR\n');
for k = 1:J+1

```

```

S(k+1) = round(S(k) - C*S(k).*EI(k) + 0.5);
EI(k+1) = round(EI(k) + C*S(k).*EI(k) - TR*EI(k));
R(k+1) = SA + N - S(k+1) - EI(k+1);
fprintf(fid, '\t%g\t%g\t%g\t%g\n', k - 1, S(k), EI(k), R(k));
if (S(k)-1 < 0)
    break;
end
if (EI(k) - 1 < 0)
    break;
end
end
fclose(fid);
scrsz = get(0,'ScreenSize');
figure('Position',[1 scrsz(4)/2 scrsz(3)/2 scrsz(4)/2]);
%subplot(4,1,1);
plot(S(1:J));
grid on
title(['Numero de susceptibles en ', int2str(J), ' iteraciones']);
xlabel('Tiempo (meses)');
ylabel('Poblacion Sana');
%subplot(4, 1, 2);
figure('Position',[scrsz(3)/2 scrsz(4)/2 scrsz(3)/2 scrsz(4)/2]);
plot(EI(1:J));
grid on
title(['Numero de infectados en ', int2str(J), ' iteraciones']);
xlabel('Tiempo (meses)');
ylabel('Poblacion Infectada');
figure('Position',[1 scrsz(4) scrsz(3)/2 scrsz(4)/2]);
%subplot(4, 1, 3);
plot(R(1:J));
grid on
title(['Numero de recuperados en ', int2str(J), ' iteraciones']);
xlabel('Tiempo (meses)');
ylabel('Poblacion Recuperada');
figure('Position',[scrsz(3)/2 scrsz(4) scrsz(3)/2 scrsz(4)/2]);
%subplot(4, 1, 4);
plot(S(1:J), EI(1:J));
grid on
title(['Numero de infectas respecto al numero de susceptibles']);
xlabel('Poblacion Sana');
ylabel('Poblacion Infectada');

```

% Programa para el Modelo del Dengue

```
function dw = den (t,w)
    dw = zeros(size(w));
```

% Parámetros

```
a = 1/(65*365);
b = 0.8;
c = 5;
d = 0.6;
e = 1/25;
f = 1/8;
R0 = b*f*d/( e*(e+f)*(c+a) );
T = a*e*(e+f)/( d*a*(e+f)+b*f*d );
Ie = T*(R0-1);
Se = 1 - (a+c)/a * Ie;
V2e = f*d*Ie/(e*(d*Ie*(1+f/e)+(e+f)));
VLe = e/f * V2e;
```

```
if t==0, R0,
    disp('Equilibrio: (S,I,VL,V2): ')
    disp([num2str(Se),' ',num2str(Ie),' ',num2str(VLe),' ',num2str(V2e)]),
end;
```

```
S = w(1); H = w(2); V1 = w(3); V2 = w(4);
```

% Ecuaciones

```
dw(1) = a*(1-S) - b*V2.*S;
dw(2) = b*V2.*S - (c+a)*H;
dw(3) = d*H.*(1-V1-V2) - (e+f)*V1;
dw(4) = f*V1 - e*V2;
```

% Condiciones iniciales para el Modelo del Dengue

```
S0 = 4.5; H0 = 0.5; VL0 = 0; V20 = 0;
N = S0 + H0; V = VL0 + V20;
w = [S0/N H0/N VL0 V20];
options = odeset('RelTol',1e-7,'AbsTol',1e-7);
[t,u]=ode45('den',[0 10000],w,options);
plot(t,u(:,2),t,u(:,4))
legend('I','V2')
xlabel('tiempo')
```