

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



Universidad de El Salvador
Hacia la libertad por la cultura

TRABAJO DE INVESTIGACIÓN:

**AJUSTE DE UN MODELO *SEIR* PARA
LA TUBERCULOSIS EN EL SALVADOR**

PRESENTADO POR:

BR. DIANA MARCELA HERRERA POLANCO

PARA OPTAR AL GRADO DE:

LICENCIATURA EN MATEMÁTICA

ASESORES:

LIC. MAURICIO HERNÁN LOVO CÓRDOVA

M.SC. CARLOS ERNESTO GÁMEZ HERNÁNDEZ

SAN SALVADOR, EL SALVADOR, 30 DE AGOSTO DE 2013.

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR

RECTOR:

Ingeniero Mario Roberto Nieto Lovo

VICE-RECTORA ACADÉMICA:

Maestra Ana María Glower de Alvarado

SECRETARIA GENERAL:

Doctora Ana Leticia de Amaya

FISCAL GENERAL:

Licenciado Francisco Cruz Letona

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

DECANO:

Master Martín Enrique Guerra Cáceres

VICE-DECANO:

Licenciado Ramón Aristides Paz Sánchez

SECRETARIO:

Licenciado Carlos Antonio Quintanilla Aparicio

ESCUELA DE MATEMÁTICA

DIRECTOR DE ESCUELA:

Doctor José Nerys Funes Torres

ASESORES:

Licenciado Mauricio Hernán Lovo Córdova

Master Carlos Ernesto Gámez Hernández

ASESORES DEL TRABAJO DE GRADUACIÓN

LICENCIADO MAURICIO HERNÁN LOVO CÓRDOVA
ESCUELA DE MATEMÁTICA

MASTER CARLOS ERNESTO GÁMEZ HERNÁNDEZ
ESCUELA DE MATEMÁTICA

Dedicada a mi madre Silvia Polanco y a mi padre Jorge Herrera por su apoyo incondicional. A mi tía María Elisa Polanco por ayudarme a culminar mi carrera.

Con especial agradecimiento a mi hermano Diego Herrera. Mis asesores Mauricio Lovo y Carlos Gámez. A mis amigos Gerver Castro y Yoceman Rivas.

Resumen

En el presente trabajo se aborda un modelo epidemiológico SEIR para la tuberculosis. Para su estudio se han incluido teorías básicas sobre la existencia, unicidad y estabilidad de soluciones de sistemas de ecuaciones diferenciales obteniéndose una caracterización de las soluciones por medio de sus puntos singulares, estabilidad e inestabilidad de los mismos, y el parámetro umbral \mathcal{R}_0 . Se realizaron simulaciones del modelo utilizando MATLAB para poder contrastar la teoría con los resultados empíricos.

Abstract

In the present paper a study regarding the SEIR model for tuberculosis is being presented. For this, theory on existence, uniqueness and stability on solutions of systems of differential equations has been included. A characterization of the solutions is made through its singular points, its stability and instability and the threshold parameter \mathcal{R}_0 . Simulations using MATLAB were performed in order to compare the theoretical results with the empirical ones.

Índice general

Índice general	7
Introducción	9
1. Teoría Fundamental sobre EDO's	11
1.1. La ecuación de primer orden	12
1.2. Ecuaciones autónomas	19
1.3. Modelos no lineales de primer orden	23
1.4. Existencia y unicidad de soluciones. Resultados locales	29
1.5. Estabilidad	37
1.6. Sistemas Autónomos.	43
1.7. Aspectos locales y globales del diagrama de fases	59
1.8. Estabilidad de un modelo matemático	67
2. Modelos Matemáticos en Biología y Epidemiología	74
2.1. El modelo Malthusiano.	75
2.2. Modelos no lineales.	80
2.3. Analizando modelos no lineales.	85
2.4. Variaciones en el modelo logístico.	90
2.5. Modelos Lineales de Interacciones.	97
2.6. Modelando enfermedades infecciosas.	108
3. Modelando la Tuberculosis	120

3.1. Un modelo <i>SEIR</i> para la Tuberculosis.	124
3.2. Análisis del modelo <i>SEIR</i> para la Tuberculosis.	130
3.3. Simulación del Modelo <i>SEIR</i>	138
A. Ecuaciones diferenciales de primer orden	156
A.1. Ecuaciones separables	157
A.2. Ecuaciones diferenciales exactas	158
A.3. Ecuaciones lineales	159
A.4. La ecuación de Bernoulli	161
B. Desigualdad de Gronwall y las Iterantes de Picard.	163
B.1. Desigualdad de Gronwall.	163
B.2. Iterantes de Picard.	164
C. Aprenda sobre la Tuberculosis	165
C.1. ¿Qué es la tuberculosis y cómo se contagia?	165
C.2. Cómo hace el cuerpo para combatir la TB	166
Índice alfabético	168
Bibliografía	170

Introducción

Durante unas cuantas décadas, los matemáticos se han preocupado por estudiar enfermedades epidemiológicas mediante modelos matemáticos. El interés de estudiar estas enfermedades mediante modelos matemáticos surgieron por la preocupación de que se diera lugar de pandemias o plagas en poblaciones enteras. Además, ha sido de interés buscar soluciones factibles para controlar estas enfermedades y que sus daños y pérdidas disminuyan.

Los orígenes de la modelación moderna de epidemias datan desde 1927, con la propuesta de Kendrick y McCormick del modelo *SIR* (Susceptible, Infectado, Removido). Este enfoque ha impactado positivamente en el área de modelación y control de epidemias. En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una amenaza muy grave para la sociedad. Durante la mayor parte del siglo **XX** las pandemias (epidemias que se propagan por áreas y poblaciones de enorme tamaño) se habían ya considerado amenazas del pasado; la medicina moderna se había ocupado para siempre de la peste, la viruela y otras catástrofes de carácter contagioso. No obstante, los cambios ambientales actuales han propiciado cambios en las distribuciones geográficas de organismos en general y de parásitos en particular.

En el primer capítulo de este trabajo se presenta la teoría básica sobre ecuaciones diferenciales, y sobre sistemas de ecuaciones diferenciales. Se aborda un resultado muy importante, el Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad de soluciones de una ecuación diferencial, resultado que será aplicado en el capítulo 3. Además, se aborda, si de manera muy superficial, el concepto de estabilidad de una solución de una ecuación diferencial, tanto estabilidad asintótica como la inestabilidad.

En el capítulo 2 se abordan los modelos matemáticos biológicos y epidemiológicos. En los modelos biológicos podemos encontrar el modelo Malthusiano, modelo básico que permite representar el desarrollo de una población que crece sin límite conforme avanza el tiempo, y el modelo logístico discreto, modelo más realista que limita el crecimiento de una población a un valor K llamado capacidad del ambiente, y a partir del cual la población

comienza a decrecer en caso de llegar hasta este punto. Se establece la definición de ecuación en diferencia, y algunos aspectos importantes sobre un modelo matemático como lo son los puntos de equilibrio y su estabilidad. En los modelos epidemiológicos se aborda únicamente el modelo conocido como *SIR* que básicamente consiste en dividir una población N en tres clases: Susceptible, Infeccioso y Recuperado, y se define el número básico de reproducción \mathcal{R}_0 tanto para el modelo *SIR* como para cualquier modelo epidemiológico en general catalogándolo como un valor umbral.

En el último capítulo se presenta un análisis teórico de un modelo matemático para la tuberculosis y se sustentan los resultados obtenidos en esta parte con simulaciones hechas mediante MATLAB. El modelo estudiado es del tipo *SEIR* y se estudian sus puntos críticos y la estabilidad en dichos puntos.

Capítulo 1

Teoría Fundamental sobre Ecuaciones Diferenciales Ordinarias

En el primer apartado de este capítulo se plantean las cuestiones generales relativas a las ecuaciones no lineales, poniendo de relieve las dificultades que surgen con respecto a la teoría desarrollada para las ecuaciones lineales, se enuncian y comentan los resultados fundamentales de existencia y unicidad de soluciones, posponiendo su demostración para el capítulo posterior.

En la sección 1.2 se estudian con cierto detalle las ecuaciones *autónomas* escalares¹. Para ellas, es posible realizar un estudio *cualitativo* sin grandes complicaciones, lo que permite ilustrar, a un nivel elemental, aspectos del tratamiento avanzado de las ecuaciones diferenciales. En este apartado no se utiliza en él la teoría fundamental de existencia y unicidad que se comenta en la sección 1.1 y que se desarrolla en el capítulo 2.

La sección 1.3 está dedicada a distintas aplicaciones de las ecuaciones diferenciales de primer orden. Las secciones 1.1 y 1.2 contienen los elementos esenciales del tratamiento de las ecuaciones de primer orden.

¹Escalares porque la variable dependiente x es tomada en \mathbb{R} .

1.1. La ecuación de primer orden

Comenzamos presentando, en este apartado, un panorama general sobre los problemas y resultados de la teoría de ecuaciones diferenciales, señalando, en particular, que son muy excepcionales las ecuaciones que se pueden resolver explícitamente (por métodos especiales que se pueden estudiar en el apéndice); ello conduce a abordar su estudio por una doble vía: un estudio *cualitativo* que, basado en los resultados de la teoría fundamental de existencia y unicidad, permite obtener el máximo de información sobre las propiedades de las soluciones, aun cuando no conocen éstas de modo explícito, y un análisis *numérico* que permite aproximar los valores de dichas soluciones con la precisión deseada.

El problema de valor inicial

Definición 1. Consideramos la ecuación diferencial de primer orden en forma normal

$$x' = f(t, x) \tag{1.1}$$

donde f es una función definida y continua en cierto subconjunto abierto D de \mathbb{R}^2 . Se dice que $x(t)$ es solución de (1.1) en el intervalo $I \subseteq \mathbb{R}$ si $x(t)$ tiene derivada continua en I y verifica:

1. $(t, x(t)) \in D$ para todo $t \in I$, y
2. $x'(t) = f(t, x(t))$ para todo $t \in I$.

Observación. Si I es un intervalo cerrado en alguno de sus extremos, habrá que considerar en el punto 2) la correspondiente derivada lateral.

Nos interesa entonces, saber de la *existencia de soluciones, modo de obtenerlas, propiedades que poseen, etc.* Las respuestas no son tan simples como para las ecuaciones lineales. Por ejemplo, ([11, Capítulo 1]), la ecuación (1.1) es lineal, o sea de la forma

$$x'(t) = a(t)x + b(t) \tag{1.2}$$

con $a(t)$ y $b(t)$ funciones continuas en un intervalo $(\alpha, \omega) \subseteq \mathbb{R}$, las soluciones están dadas explícitamente por la fórmula

$$x(t) = \left(K + \int_{t_0}^t b(s) e^{-\int_{s_0}^s a(u) du} ds \right) \left(e^{-\int_{t_0}^t a(s) ds} \right) \quad (1.3)$$

con $t \in (\alpha, \omega)$ (en el Apéndice se detalla el procedimiento con el que se obtiene esta solución). Para cada valor de $K \in \mathbb{R}$ se tiene una solución de (1.2), y toda solución de (1.2) es de la forma (1.3) para un cierto valor de la constante K . Se puede decir por ello, muy apropiadamente, que (1.3) es la *solución general* de la ecuación lineal (1.2). Para las ecuaciones no lineales, la situación es más compleja, y la noción de solución general como fórmula que depende de una constante arbitraria y de la que se obtiene explícitamente cada solución de la ecuación especificando un valor de dicha constante, puede no tener sentido. En resumen, al tener una ecuación diferencial pueden darse tres casos:

- Puede obtenerse una fórmula de la solución pero puede no abarcar todas las soluciones.
- No pueda encontrarse una fórmula que me represente la solución de la ecuación diferencial, pero que sí pueda expresarse en función de integrales.
- La ecuación diferencial no pueda resolverse mediante integración elemental.

Veamos unos ejemplos.

Ejemplo 1. Sea la ecuación

$$x' = x^2 \quad (1.4)$$

Se trata de una ecuación de Bernoulli (ver Apéndice) con $(n = 2)$. El cambio de variable $v = x^{-1}$ la convierte en

$$v' = -1$$

cuya solución de esta última ecuación diferencial de primer orden es $v(t) = -t + K$.

Deshaciendo el cambio de variable,

$$\begin{aligned} v(t) &= -t + K \\ &= x^{-1}(t) \\ \Leftrightarrow x(t) &= \frac{1}{K - t} \end{aligned} \quad (1.5)$$

tenemos la fórmula $x(t) = \frac{1}{K-t}$, que, al variar $K \in \mathbb{R}$, obtenemos las soluciones de (1.4). Pero la función $x(t) = 0$ es también solución de la ecuación (puede comprobarse directamente), y, sin embargo, no se obtiene de (1.5) para ningún valor de K . Ello es porque en el cambio de variable $v = 1/x$ queda excluido precisamente el valor cero para la variable x^2 . Vemos pues, que aun siendo posible obtener, mediante las técnicas del cálculo infinitesimal, una fórmula dependiente de una constante arbitraria que proporcione soluciones de la ecuación, puede ocurrir que no estén incluidas en ella todas las soluciones. En muchos casos, es posible “recuperar” todas las soluciones que se pierden, revisando los pasos que se han dado para obtener la fórmula. Las ecuaciones diferenciales $x' = -\frac{t}{x}$ y $x' = 3x^{2/3}$ son otros ejemplos de este tipo.

Estos ejemplos muestran que, incluso cuando son aplicables, los métodos elementales basados en las técnicas del cálculo infinitesimal tienen sus limitaciones en cuanto al objetivo de obtener mediante una fórmula todas las soluciones de una ecuación diferencial: puede obtenerse una fórmula explícita, pero no da todas las soluciones, o bien, en otros casos, se obtiene una ecuación implícita, y no es posible expresar x explícitamente en función de t . Pero aun hay más, en realidad, son casos muy específicos de ecuaciones diferenciales que pueden resolverse mediante fórmulas. Entonces, diremos que una función es representable por una fórmula, o que es una función elemental, si es una combinación finita de las operaciones *elementales* del cálculo, a saber, operaciones algebraicas, más la composición con funciones exponenciales, logarítmicas y trigonométricas, y sus inversas.

Ejemplo 2. Las soluciones de la ecuación

$$\frac{dx}{dt} = e^{-t^2}$$

son las funciones

$$x(t) = \int e^{-t^2} dt + C$$

y no se puede explicitar más porque la primitiva que aparece en esta última expresión **no** es una función elemental.

Pues bien, aun incluyendo la operación de integración indefinida en la noción de función elemental, *hay ecuaciones diferenciales cuyas soluciones no son funciones elementales*, y

serán, por tanto, imposibles de resolver mediante técnicas de integración elemental que conduzcan a fórmulas.

Ejemplo 3. La ecuación

$$x' = t + x^2$$

no es resoluble elementalmente a pesar de la simplicidad de la ecuación diferencial.

Nos interesa saber si, dada una ecuación diferencial $x' = f(t, x)$, ésta tiene solución (*existencia*) por vías indirectas, sin pretender obtenerlas de manera explícita. Los resultados que constituyen la *teoría fundamental* de las ecuaciones diferenciales ordinarias garantizan, como veremos, dicha existencia bajo hipótesis muy generales sobre la función f . Vamos a abordar la cuestión centrando la atención, como para las ecuaciones lineales, en el problema de valor inicial, al cual nos referiremos de ahora en adelante como PVI

Definición 2. Un problema de valor inicial o problema de Cauchy para una ecuación diferencial es un problema de la forma

$$\begin{cases} x' &= f(t, x) \\ x(t_0) &= x_0 \end{cases} \quad (1.6)$$

que consiste en: dado $(t_0, x_0) \in \mathcal{D}$, determinar si existe (y hallarla explícitamente si es posible) una solución de la ecuación diferencial $x' = f(t, x)$ que satisfaga además la condición inicial $x(t_0) = x_0$.

Geoméricamente, se tiene que dado un punto $(t_0, x_0) \in \mathcal{D}$, se quiere encontrar una solución de la ecuación $x(t)$ tal que su gráfica $\{(t, x(t)), t \in I\}$ pase por el punto (t_0, x_0) (ver figura 1.1).

Cualquier solución de la ecuación $x' = f(t, x)$ es solución de un cierto problema de valor inicial (para los datos $(t_0, x(t_0))$, con cualquier t_0 perteneciente a su intervalo de definición), y viceversa, con lo que la cuestión general de la existencia de soluciones de la ecuación se reduce al de la existencia de soluciones del problema de valor inicial a ella asociado. Resumiendo, si se tiene un problema de valor inicial antes de resolverlo deberemos preguntarnos si existe solución al problema y si ésta es única. Veamos un resultado general de existencia y unicidad.

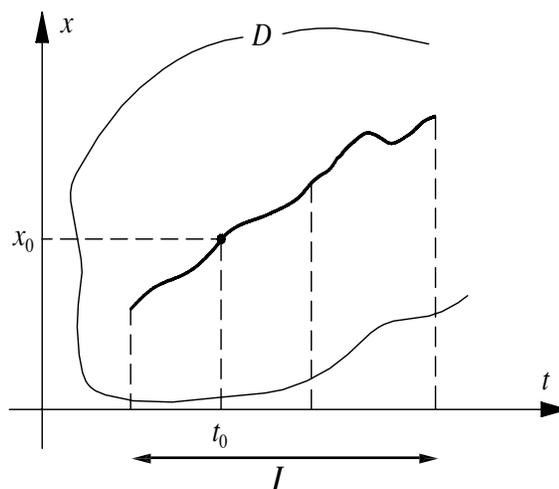


Figura 1.1: Solución geométrica de un PVI

Teorema 1. Sea $f(t, x)$ una función continua en un conjunto abierto \mathcal{D} del plano. Supongamos que $\partial f/\partial x$ existe para todo punto de \mathcal{D} y que es continua en \mathcal{D} . Dado $(t_0, x_0) \in D$, existe un número $h > 0$ con la propiedad de que el problema de valor inicial

$$\begin{cases} x' &= f(t, x) \\ x(t_0) &= x_0 \end{cases}$$

tiene una, y sólo una, solución en el intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$.

En el siguiente capítulo se verá la demostración para un problema más general.

Observemos que la existencia y unicidad de la solución se asegura sólo en un entorno de x_0 . Por el momento, se discutirá y profundizará un poco sobre el teorema.

- **Las hipótesis sobre la función f .** La hipótesis de que $\partial f/\partial x$ sea continua se puede sustituir por la condición algo más general de que f sea localmente *lipschitziana* (respecto a la variable x), definición que se dará más adelante. Aunque en la demostración que allí se verá se utiliza esa condición para establecer la existencia de solución, es posible probar por otros medios que el problema de valor inicial tiene *al menos* una solución con sólo suponer f continua. Por otro lado, se necesita algún tipo de hipótesis adicional sobre f , además de la continuidad, para garantizar la

unicidad de la solución. Por ejemplo, el PVI

$$\begin{cases} x' &= 3x^{2/3} \\ x(0) &= 0 \end{cases}$$

tiene infinitas soluciones en cualquier intervalo $(-h, h)$

$$\begin{aligned} 1. \quad x(t) &= \begin{cases} (t-a)^3 & t \leq a \\ 0 & t > a \end{cases} \\ 2. \quad x(t) &= \begin{cases} 0 & t < b \\ (t-b)^3 & t \geq b \end{cases} \\ 3. \quad x(t) &= \begin{cases} (t-a)^3 & t \leq a \\ 0 & a < t < b \\ (t-b)^3 & t \geq b \end{cases} \end{aligned}$$

por pequeño que sea h ; aparte de $x(t) = 0$ y $x(t) = t^3$, se pueden construir infinitas soluciones de la forma ya mostrada anteriormente. Observemos que la función $f(t, x) = 3x^{2/3}$ es continua en todo $(t, x) \in \mathbb{R}^2$, pero su derivada parcial $\partial f / \partial x = 2x^{-1/3}$ no es continua en ningún subconjunto abierto del plano que contenga al origen $(0, 0)$ (f tampoco es localmente lipschitziana).

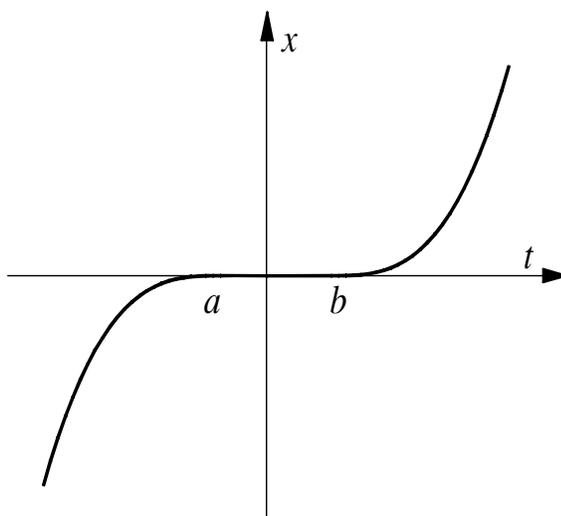


Figura 1.2: Solución de $x' = 3x^{2/3}$

Definición 3. Sea $u(t)$ una solución de la ecuación diferencial $x' = f(t, x)$ definida en el intervalo I_u . Sea I_v el intervalo de definición de otra solución $v(t)$ de x' tal que $I_u \subset I_v$. Se dice que $v(t)$ es una prolongación de $u(t)$ si $v|_{I_u} = u$.

Lo que establece el teorema 1 es que existe un número $h > 0$ y una solución $x(t)$ del PVI (1.6) definida en $I = [t_0 - h, t_0 + h]$, tales que, si $v(t)$ es cualquier otra solución del problema de valor inicial con intervalo de definición I_v , entonces $x(t)$ es una prolongación de la restricción de $v(t)$ a $I \cap I_v$. Esto se traduce, en que mientras estemos dentro de $I = (t_0 - h, t_0 + h)$, no hay ninguna función con definición distinta de $x(t)$ que satisfaga la ecuación diferencial y la condición inicial $x(t_0) = x_0$. Pero a su vez, esa solución $x(t)$ definida en $I = (t_0 - h, t_0 + h)$ se puede prolongar a un intervalo más amplio. Veamos: sea $t_1 = t_0 + h$ y $x_1 = x(t_0 + h)$, entonces el PVI

$$\begin{cases} x' &= f(t, x) \\ x(t_1) &= x_1 \end{cases}$$

tiene, por el teorema 1, una solución única $x_1(t)$ en un intervalo $[t_1 - h_1, t_1 + h_1]$, para un cierto $h_1 > 0$. Por la unicidad, tenemos que $x(t) = x_1(t)$ para $t \in [a, t_0 + h]$, siendo a el mayor de los números $t_0 - h, t_1 - h_1$; por lo tanto, la función $v(t)$ definida por

$$v(t) = \begin{cases} x(t), & \text{para } t \in (t_0 - h, t_0 + h) \\ x_1(t), & \text{para } t \in [t_0 + h, t_0 + h + h_1] \end{cases}$$

es una prolongación de la solución $x(t)$ (sería una prolongación “a la derecha”); análogamente se procederá hacia la izquierda de $t_0 - h$.

Si continuamos así, iríamos prolongando la solución local proporcionada por el teorema 1.

1.2. Ecuaciones autónomas

Una ecuación diferencial ordinaria del tipo

$$x' = f(x) \tag{1.7}$$

se llama *autónoma* por la independencia del tiempo t de $f(t, x)$, “autónoma” respecto al tiempo.

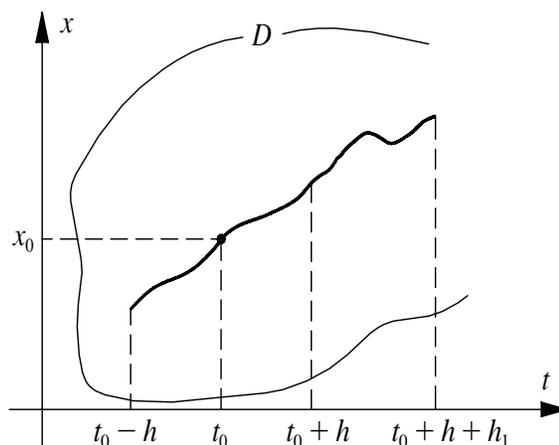


Figura 1.3: Prolongación de solución de un PVI

Se sabe que uno de los principales objetivos de la teoría de las ecuaciones diferenciales es el de lograr una descripción lo más completa posible del *comportamiento* de las soluciones de una ecuación y, en definitiva, del sistema físico modelado por ésta, cuando no se dispone de una fórmula que las represente.

En este apartado se pretende mostrar cómo para las ecuaciones autónomas escalares es posible desarrollar un estudio *cualitativo* de las soluciones a partir de la propia ecuación sin grandes complicaciones técnicas. Ello permite ilustrar a un nivel elemental algunas de las cuestiones importantes del análisis “moderno” de las ecuaciones diferenciales ordinarias, introduciendo conceptos como los de estabilidad y bifurcación, y técnicas características de esta teoría.

El problema de valor inicial.

Supondremos, por simplicidad, que f está definida en todo \mathbb{R} y nos planteamos el problema de valor inicial

$$\begin{cases} x' &= f(x) \\ x(t_0) &= x_0, \quad t_0, x_0 \in \mathbb{R} \text{ dados.} \end{cases} \quad (1.8)$$

Las ecuaciones autónomas son un caso particular de ecuaciones en variables separables

(ver Apéndice), con lo que, supuesta f continua en \mathbb{R} , el PVI (1.8) tiene, si $f(x_0) \neq 0$, una solución única definida implícitamente por

$$\int_{x_0}^{x(t)} \frac{1}{f(s)} ds \quad (1.9)$$

en un cierto intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$.

Si $f(x_0) = 0$, la función constante $x(t) = x_0$ es solución de (1.8), aunque no necesariamente única. Vamos a probar que, si f tiene derivada continua en \mathbb{R} , también hay unicidad local de solución en el caso $f(x_0) = 0$. Supongamos que la función $u(t) = x(t; t_0, x_0)$ es solución de (1.8) en un intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$. Entonces,

$$u(t) = x_0 + \int_{t_0}^t u'(s) ds = x_0 + \int_{t_0}^t f(u(s)) ds \quad (1.10)$$

Como u es continua, se tendrá que $u(t) \in [x_0 - r, x_0 + r]$ para todo $t \in (t_0 - h, t_0 + h)$, para un cierto $r > 0$. Sea

$$K = \max\{|f'(x)| : x \in [x_0 - r, x_0 + r]\}$$

Por el teorema del valor medio

$$|f(x) - f(x_0)| \leq K|x - x_0|, \text{ si } x \in [x_0 - r, x_0 + r]$$

lo que, si suponemos $f(x_0) = 0$, da

$$|f(x)| \leq K|x - x_0|, \text{ si } x \in [x_0 - r, x_0 + r] \quad (1.11)$$

Utilizando (1.11), se obtiene de (1.10)

$$|u(t) - x_0| \leq K \int_{t_0}^t |u(s) - x_0| ds$$

de donde, por la desigualdad de Gronwall, se deduce que

$$u(t) = x_0 \text{ para todo } t \in (t_0 - h, t_0 + h)$$

Tenemos entonces, el siguiente resultado para ecuaciones autónomas:

Teorema 2. Sea f una función continua y con derivada continua en \mathbb{R} . Dados $t_0, x_0 \in \mathbb{R}$, existe un número $h > 0$ con la propiedad de que el problema de valor inicial

$$\begin{cases} x' &= f(x) \\ x(t_0) &= x_0, t_0, x_0 \in \mathbb{R} \text{ dados.} \end{cases} \quad (1.12)$$

tiene una, y sólo una, solución en el intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$.

Antes de tratar el problema del *intervalo maximal* de existencia de la solución de un problema de valor inicial, veamos una importante propiedad de invariancia por traslaciones en el tiempo del conjunto de soluciones de una ecuación autónoma:

Proposición 1. Sea $x(t)$ una solución de la ecuación (1.7). Entonces, para cada $C \in \mathbb{R}$, la función $y(t) = x(t + C)$ es también solución de (1.7).

Demostración. Si $y(t)$ es una solución de (1.7) entonces debe satisfacerla. Entonces

$$y'(t) = x'(t + C) \cdot \frac{d(t + C)}{dt} = x'(t + C) = f(x(t + C)) = f(y(t))$$

■

Observación. Este resultado de invariancia es aplicable sólo para las ecuaciones autónomas; es decir, no es cierto para las ecuaciones no autónomas. Para ello, considérese la ecuación lineal $x' = x/t$.

Uno de los aspectos más importantes sobre las ecuaciones autónomas es el siguiente:

Toda solución de (1.7) es o constante, o estrictamente creciente, o estrictamente decreciente en todo su intervalo de definición.

Una ecuación autónoma escalar no tiene, por lo tanto, soluciones oscilatorias. Si es un modelo para la evolución de un determinado fenómeno físico, sólo habría en éste, procesos de crecimiento o de decrecimiento, o bien situaciones de *equilibrio* correspondientes a las soluciones constantes, las cuales, como después veremos, juegan un papel decisivo en el comportamiento de conjunto de las soluciones de la ecuación. Estas soluciones son constantes, denominadas *soluciones estacionarias* o *equilibrio* por su significado dinámico para

el sistema físico bajo estudio, están dadas por los ceros de la función f , pues el que la función constante $x(t) = \bar{x}$ sea solución de (1.7) es equivalente a que $f(\bar{x}) = 0$.

Obsérvese cómo la existencia o no de soluciones estacionarias (determinadas por los ceros de la función f) informa sobre el intervalo de existencia, el recorrido y el comportamiento asintótico de las demás soluciones. Así, si f no tiene ningún cero a la derecha de $x_0 \in \mathbb{R}$, entonces $x(t; x_0)$ no es acotada para $t \in [0, \omega)$ si $f(x_0) > 0$, o para $t \in (\alpha, 0]$ si $f(x_0) < 0$ ($\{x(t; x_0) : t \in [0, \alpha)\} = [x_0, \infty)$, si $f(x_0) > 0$, y $\{x(t; x_0) : t \in (\alpha, 0]\} = [x_0, \infty)$, si $f(x_0) < 0$). Y análogamente si no hay ceros a la izquierda de x_0 .

En particular,

Si f no se anula nunca (o sea, la ecuación (1.7) no tiene soluciones estacionarias), entonces toda solución de (1.7) toma todos los valores reales.

Si hay alguna solución estacionaria, el intervalo de existencia de cualquier solución es no acotado. Si f tiene dos ceros z_1 y z_2 , con $z_1 < z_2$, las soluciones correspondientes a valores iniciales $x_0 \in (z_1, z_2)$ y se aproximan a uno de ellos cuando $t \rightarrow \infty$ y al otro cuando $t \rightarrow -\infty$, dependiendo del signo de $f(x_0)$.

Si se puede afirmar de una solución $x(t; x_0)$ que es acotada para $t \in [0, \omega)$, entonces, aunque no conozcamos exactamente los ceros de la función f , sólo puede suceder que, de acuerdo a lo anterior, que $f(x_0) = 0$, y se trata de una solución estacionaria, o que exista un cero de f a la derecha de x_0 , si $f(x_0) > 0$, o a la izquierda si $f(x_0) < 0$. Esto implica que $\omega = \infty$ y que $x(t; x_0)$ converge a una solución estacionaria cuando $t \rightarrow \infty$.

1.3. Modelos no lineales de primer orden

En [11] se describen algunos modelos que dan lugar a ecuaciones de primer orden. Analizaremos algunos *modelos no lineales* de primer orden, o que son reducibles a primer orden.

Dinámica de poblaciones

Un sistema dinámico es una manera de describir cómo cambian en el tiempo todos los puntos de un espacio dado. Así entonces, estudiar los cambios que ocurren en los fenómenos naturales implica señalar qué es lo que cambia, cómo, dónde, para qué y cuándo se efectúa el cambio. Un sistema dinámico es aquel que estudia el movimiento o cambio de los cuerpos o de las cosas. La teoría sobre dinámica de poblaciones es también muy extensa. Si el lector desea profundizar más sobre ello, puede consultar cualquiera de los textos citados en la bibliografía.

Las ecuaciones diferenciales que describen los fenómenos demográficos (en una primera aproximación) son bastante sencillas; además, la interpretación de los resultados en términos del modelo es muy directa e intuitiva; finalmente, en estos modelos se aprecia muy claramente la gran diversidad de comportamientos cualitativos diferentes que, con base en una misma ecuación general, se pueden presentar según se concreten los *parámetros* en unos u otros valores. Más adelante se verá en el estudio de los *sistemas* de ecuaciones diferenciales, los ejemplos extraídos de la dinámica de poblaciones vuelven a ser los más intuitivos y de interpretación más directa.

Recordaremos, de manera breve, algunos conceptos básicos. Se considera una población aislada formada por x individuos. Por lógica, x es una variable entera, pero los modelos diferenciales de dinámica de poblaciones suponen, por simplificar, que x es una variable real, así como t el tiempo. Cuando hablamos de *tasa instantánea de crecimiento*, nos referimos (que es el término que nos interesa utilizar) a la *derivada* $x'(t)$ o como $x'(t)/x(t)$ a la *tasa relativa*. En todo este contexto, el crecimiento se entiende en sentido neto, es decir, puede ser tanto positivo como negativo.

Las hipótesis usuales sobre la evolución de x a lo largo del tiempo suponen tasas (relativas) de mortalidad $m = m(x)$ y de natalidad $n = n(x)$ que pueden depender de la población presente.

La *ecuación básica de la dinámica de poblaciones aisladas* está dada por

Tasa de crecimiento = Tasa de natalidad – Tasa de mortalidad

que se traduce en

$$\frac{x'(t)}{x(t)} = n(x(t)) - m(x(t)) = r(x(t))$$

donde $r(x)$ es la *tasa* (relativa) *neto de crecimiento*. Es decir,

$$x'(t) = x(t)r(x(t))$$

que por comodidad, escribiremos

$$x' = xr(x) = f(x) \tag{1.13}$$

El carácter autónomo de la ecuación se debe a la hipótesis de que la evolución de la población es aislada e independiente del tiempo: las tendencias de la natalidad y la mortalidad sólo dependen de cuánta población hay en un momento dado, y no del momento en sí. Se trataría así, de leyes demográficas “invariables”.

Una primera observación que puede hacerse que, si $f(x)$ es una función continua con derivada continua, se puede aplicar el teorema de existencia y unicidad, y concluir que si inicialmente $x(0)$ es positivo, entonces x sigue siendo positivo para todo $t > 0$ para el que esté definida. Esto se debe a que, al ser $f(0) = 0$, $x(t) \equiv 0$ es *solución* de (1.13), y la unicidad hace imposible que exista $t^* > 0$ para el cual $x(t^*) = 0$. La *importancia* de esta conclusión reside en la posibilidad de limitarse a analizar el comportamiento de las soluciones en el semiplano $x > 0$, a efectos de interpretar los resultados en términos de poblaciones. Es claro si $x(t) < 0$, no tendría sentido, si hablamos de poblaciones.

El comportamiento de la función $r(x)$ es muy diverso. En orden de complejidad creciente, examinemos algunos de ellos:

- *Tasa de crecimiento constante*. En este caso obtenemos la ecuación lineal

$$x' = rx$$

cuya solución sabemos que está dada por

$$x(t) = x(0)e^{rt}$$

cuyo comportamiento es exponencial creciente (si $r > 0$) o decreciente (si $r < 0$). En dinámica de poblaciones, este modelo se llama también **malthusiano**².

- *Tasa de crecimiento decreciente.* Supongamos que $r(x)$ es decreciente y negativa para valores grandes de x (a partir de un cierto K)

$$\begin{cases} r(x) > 0 & \text{para } 0 < x < K \\ r(x) < 0 & \text{para } x > K \end{cases}$$

Estas condiciones se imponen cuando el hábitat es limitado, y un número excesivo de individuos trae consigo un elevado índice de mortalidad y, por tanto, una tasa de crecimiento negativa.

En este caso, tenemos para $f(x) = xr(x)$ los siguientes datos:

- $f(0) = 0$
- $f(x) > 0$ para $0 < x < K$
- $f(K) = 0$
- $f(x) < 0$ para $x > K$

Puede observarse el gráfico, para constatar estos datos.

La *ecuación logística*

$$x' = ax - bx^2$$

es un ejemplo a este tipo de ecuaciones, con tasa de crecimiento decreciente, con $a > 0$ y $b > 0$.

Si reescribimos la ecuación como $x' = x(a - bx)$ vemos que $r(x) = a - bx$ cumple las hipótesis de (b), ya que $r(x)$ es lineal y $K = a/b$.

²Debido a *Malthus*, economista y demógrafo inglés que postuló que las poblaciones humanas crecen a ritmo exponencial, mientras que los recursos alimenticios crecen linealmente, profetizando así la catástrofe demográfica en tiempo muy corto.

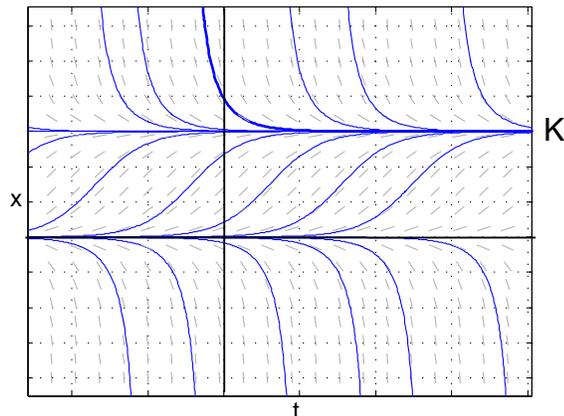


Figura 1.4: Campo de direcciones y soluciones de $x' = xr(x)$ cuando $r(x)$ es decreciente y negativa para valores grandes de x .

Una de las técnicas más interesantes de la teoría de ecuaciones es que, con independencia de la expresión analítica de las soluciones (si es que se puede obtener), su *comportamiento cualitativo depende exclusivamente de la estructura de signos de f* , y ésta, a su vez, sólo depende de hipótesis de tipo muy general sobre la población. Dicho de otra manera, las meras hipótesis enunciadas sobre f garantizan que *toda solución $x(t)$ con $x(0) > 0$ tiende a estabilizarse en K cuando $t \rightarrow \infty$* . Esta propiedad hace que se le conozca como *población de saturación o capacidad de soporte* del hábitat dado.

- *Tasa de crecimiento con dos ceros.* Suponemos ahora que $r(x)$ se anula para dos valores $k < K$ y que tiene la siguiente estructura de signos:

$$\begin{cases} r(x) < 0 & \text{si } 0 < x < k \\ r(x) > 0 & \text{si } k < x < K \\ r(x) < 0 & \text{si } x > K \end{cases}$$

Esta situación se presenta en diversas circunstancias, en particular cuando la población es relativamente compleja y sensible al entorno, y requiere un mínimo de individuos presentes para poderse desarrollar, dándose así un *fenómeno de umbral*, llamado también *efecto Allee* en este contexto biológico: si $x(0) < k$, la población se

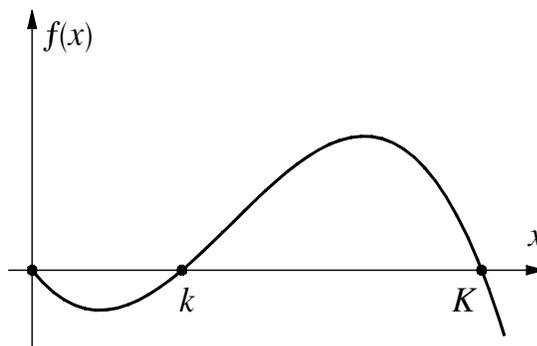


Figura 1.5: Gráfica de $f(x)$, tasa de crecimiento con dos ceros, $r(x)$ se anula para dos valores.

extinguirá, en el sentido de que $x(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$, si bien, desde el punto de vista puramente matemático, nunca llega a hacerse exactamente cero (ello violaría la unicidad de soluciones). En la práctica esto significa que a partir de cierto instante t la población $x(t)$ es tan pequeña que el modelo deja de tener sentido.

Obsérvese el campo de direcciones y las soluciones de (1.13) en la figura 1.6.

Esta situación que se da aquí se le conoce como *biestabilidad*: dependiendo del estado inicial $x(0)$, se dan dos posibilidades, o bien $x(t) \rightarrow 0$ o bien $x(t) \rightarrow K$ cuando $t \rightarrow \infty$. Una tercera posibilidad es que $x(t) \rightarrow k$, pero ésta sólo se da si $x(0) = k$.

■ *Interacción con el exterior*

Si suponemos ahora que la población no está aislada, sino que se ve sometida a fenómenos migratorios de entrada y salida, o sus individuos se ven sometidos a depredación, se obtienen ecuaciones del tipo

$$x' = xr(x) + c(t, x) \tag{1.14}$$

donde $c(t, x)$ representa el *flujo* neto de población por unidad de tiempo. Esta ecuación es, en general, no autónoma, y la dependencia de t suele reflejar la presencia de *componentes estacionales* en los fenómenos migratorios.

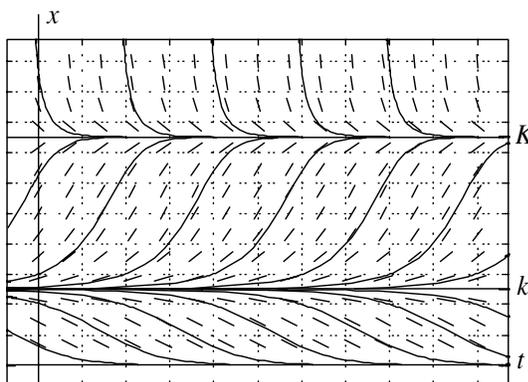


Figura 1.6: Campo de direcciones y soluciones de $x' = xr(x)$ cuando $r(x)$ se anula para dos valores $k, K, k < K$.

El caso más sencillo es cuando $c(t, x)$ es constante, es decir

$$x' = xr(x) + c \quad (1.15)$$

Recordemos que si bien es cierto, existen técnicas para resolver ecuaciones y encontrar fórmulas para las soluciones de dichas ecuaciones, muchas veces no pueden resolverse por este método. Por esta razón, el estudio cualitativo de las ecuaciones es más recomendable para poder obtener información de las soluciones o del comportamiento de las soluciones de la ecuación diferencial o del sistema de ecuaciones diferenciales que se quiera estudiar.

Desde el punto de vista analítico, y a pesar de su aparente similitud, esta ecuación tiene muy poca relación con la correspondiente a $c = 0$, y a la hora de resolverla por separación de variables es probable que las integrales que hay que calcular sean muy diferentes según sea $c = 0$ ó $c \neq 0$. Sin embargo, como sabemos, desde el punto de vista geométrico o *cualitativo* lo único que interesa es la *estructura de signos* de la función que define la ecuación.

1.4. Existencia y unicidad de soluciones. Resultados locales

Nos planteamos el problema de valor inicial

$$\begin{cases} X' &= f(t, X) \\ X(t_0) &= X_0 \end{cases} \quad (1.16)$$

donde se supone que $f(t, X) = (f_1(t, X), f_2(t, X), \dots, f_n(t, X))$ es una función continua en un subconjunto abierto \mathcal{D} de \mathbb{R}^{n+1} , con valores en \mathbb{R}^n , y $(t_0, X_0) = (t_0, X_{01}, X_{02}, \dots, X_{0n})$ es un punto dado de \mathcal{D} .

Para probar la existencia de solución del PVI (1.16), vamos a utilizar el *método de aproximaciones sucesivas*. El punto de partida es la observación de que (1.16) es equivalente a la *ecuación integral*

$$X(t) = X_0 + \int_{t_0}^t f(s, X(s)) ds \quad (1.17)$$

es decir, que si $X(t)$ es solución de (1.16) en un intervalo I , entonces es solución en I de (1.17), y, recíprocamente, si $X(t)$ es una función continua que satisface (1.17), entonces es solución (1.16).

Definición 4. *Se dice que la función $f(t, X)$ es (globalmente) lipschitziana (o que satisface la condición de Lipschitz), respecto a la variable X , en un conjunto $A \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$, si existe una constante $K > 0$ tal que*

$$|f(t, X) - f(t, Y)| \leq K|X - Y|$$

para todo par de puntos $(t, X), (t, Y)$ de A . La constante K se dice que es una constante de Lipschitz de $f(t, X)$ en A .

La propiedad de ser lipschitziana no depende de la norma considerada en \mathbb{R}^n , aunque si se cambia la norma puede cambiar el valor de la constante K .

Claramente, si f es lipschitziana (con respecto a X), f es continua respecto a X para cada t fijo.

Definición 5. Se dice que f es localmente lipzchitziana en un conjunto abierto $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ si $f(t, X)$ es lipzchitziana en todo “rectángulo”

$$R = \{(t, X) \in \mathcal{D} : |t - t_0| \leq a, |X - X_0| \leq b\}$$

contenido en \mathcal{D} .

Observación. En caso de no indicarse si una función es localmente lipzchitziana deberá entenderse que es globalmente lipzchitziana.

Tenemos el siguiente resultado:

Proposición 2. Si $f(t, X)$ es continua y sus derivadas primeras $\partial f_i / \partial x_j$ ($i, j = 1, 2, \dots, n$) existen y son continuas en \mathcal{D} , entonces $f(t, X)$ es localmente lipzchitziana en \mathcal{D} .

Demostración. Sea R un rectángulo contenido en \mathcal{D} y sean (t, X) , (t, Y) dos puntos de R .

Se considera la función $\phi : [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}^n$ dada por

$$\phi(s) = f(t, (1 - s)Y + sX)$$

Se tiene entonces

$$\phi(0) = f(t, Y), \quad \phi(1) = f(t, X)$$

en donde $(t, (1 - s)Y + sX) \in R$ para todo $s \in [0, 1]$.

Para cada componente de $\phi(s) = (\phi_1(s), \dots, \phi_n(s))$ se tiene por el teorema del valor medio para funciones escalares, que existe un $\lambda_i \in [0, 1]$ tal que

$$\phi_i(1) - \phi_i(0) = \phi'_i(\lambda_i)(1 - 0)$$

Reescribiendo esto último en término de las funciones f_i :

$$f_i(t, X) - f_i(t, Y) = \frac{df_i}{dx_1}(t, z_i)(x_1 - y_1) + \dots + \frac{df_i}{dx_n}(t, z_i)(x_n - y_n)$$

siendo $z_i = (1 - \lambda_i)Y + \lambda_i X \in R$. Si M es una cota para $\left| \frac{\partial f_i(t, X)}{\partial x_j} \right|$, con $(i, j = 1, 2, \dots, n)$ en R (son funciones continuas y R es compacto) entonces

$$|f_i(t, X) - f_i(t, Y)| \leq M|X - Y|$$

de donde

$$|f(t, X) - f(t, Y)| \leq K|X - Y|$$

con $K = nM^3$.

■

Observación. La condición de la proposición anterior es suficiente, pero no necesaria. Por ejemplo, la función

$$f(t, x) = |x|, (t, x) \in \mathbb{R}^2$$

es lipschitziana en todo \mathbb{R}^2 , ya que

$$|f(t, x) - f(t, y)| = ||x| - |y|| \leq |X - Y|$$

y, por tanto, lo es en cualquier abierto \mathcal{D} que contenga puntos (t, x) con $x = 0$, pero no es derivable con continuidad respecto a x en un tal \mathcal{D} , ya que, simplemente, no existe la derivada respecto a x en $x = 0$.

Por otro lado, la función $f(t, x) = x^{2/3}$ es continua en todo \mathbb{R}^2 , pero no es lipschitziana en ningún rectángulo de \mathbb{R}^2 que contenga un segmento de la recta $x = 0$, pues si lo fuese existiría una constante $K > 0$ tal que

$$|f(t, x) - f(t, 0)| \leq K|x|$$

para todo x suficientemente próximo a $x = 0$. Pero esto implicaría que

$$\lim_{x \rightarrow 0} \frac{1}{|x|^{1/3}} \leq K$$

lo que no es cierto.

El que una función f sea lipschitziana viene a representar un grado de singularidad intermedio entre la continuidad y la derivabilidad. También es interesante señalar que donde realmente interviene la continuidad de las derivadas parciales en la demostración de la proposición es para tener su acotación en rectángulos R compactos. En caso de existir las derivadas en todo punto de R , la condición de ser acotadas no sólo es suficiente sino también *necesaria* para que la función f sea lipschitziana en R . En efecto, supongamos que la función $f : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}$ es derivable, que $f'(x)$ no es acotada R y que, sin embargo, existe

$K > 0$ tal que $|f(x) - f(y)| \leq K|x - y|$. Entonces, existe $\bar{x} \in [a, b]$ tal que $|f'(\bar{x})| > 2K$. Pero esto implica que

$$\frac{|f(\bar{x} + h) - f(\bar{x})|}{h} > K$$

para $|h|$ suficientemente pequeño, lo que contradice la hipótesis de lipschitzianidad.

Obtenemos otro resultado importante:

Proposición 3. *Si $f(t, X)$ es continua y localmente lipschitziana en $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R}^{n+1}$ y A es un subconjunto compacto de \mathcal{D} , entonces f es lipschitziana en A .*

Demostración. Supongamos lo contrario, es decir, que f no es lipschitziana en A . Entonces, cualquiera que sea $n \in \mathbb{N}$, existe un par de puntos $(t_n, X_n), (t_n, Y_n)$ de A tales que

$$|f(t_n, X_n) - f(t_n, Y_n)| > n|X_n - Y_n| \quad (1.18)$$

Como A es compacto, existe una subsucesión convergente en A de la sucesión de puntos $\{(t_n, X_n)\}$ tal que $(t_{n_k}, X_{n_k}) \rightarrow (\bar{t}, \bar{X}) \in A$, cuando $k \rightarrow \infty$. De la misma manera se tiene para la sucesión $\{(t_n, Y_n)\}$; existe una subsucesión $\{(t_{n_k}, Y_{n_k})\}$ de A tal que $(t_{n_k}, Y_{n_k}) \rightarrow (\bar{t}, \bar{X}) \in A$, cuando $k \rightarrow \infty$.

Entonces, por (1.18) se tiene

$$\lim_{k \rightarrow \infty} |X_{n_k} - Y_{n_k}| \leq \lim_{k \rightarrow \infty} \frac{1}{n_k} |f(t_{n_k}, X_{n_k}) - f(t_{n_k}, Y_{n_k})| \leq \lim_{k \rightarrow \infty} \frac{1}{n_k} (2M) = 0$$

siendo $M = \max_A |f(t, X)|$.

En consecuencia,

$$X_{n_k} = (X_{n_k} - Y_{n_k}) + Y_{n_k} \rightarrow \bar{Y}$$

de donde $\bar{X} = \bar{Y}$, y por tanto

$$\begin{cases} (t_{n_k}, X_{n_k}) \rightarrow (\bar{t}, \bar{X}) \in A \\ (t_{n_k}, Y_{n_k}) \rightarrow (\bar{t}, \bar{Y}) \in A \end{cases} \quad (1.19)$$

cuando $t \rightarrow \infty$. Como f es, por hipótesis, localmente lipschitziana, será lipschitziana, con constante K , en un rectángulo de la forma

$$R = \{(t, X) \in \mathcal{D} : |t - \bar{t}| \leq a, |X - \bar{X}| \leq b\}$$

contenido en \mathcal{D} . Por (1.18), existirá un n_0 tal que $(t_{n_k}, X_{n_k}), (t_{n_k}, Y_{n_k}) \in R$ para $n_k \geq n_0$ y, por tanto,

$$|f(t_{n_k}, X_{n_k}) - f(t_{n_k}, Y_{n_k})| \leq K|X_{n_k} - Y_{n_k}|, \text{ para } n_k \geq n_0$$

lo cual contradice (1.18) para $n_k > K$. ■

Teorema 3 (Teorema fundamental de existencia y unicidad local). *Sea $f(t, X)$ una función continua y localmente lipschitziana en un conjunto abierto $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ y sea (t_0, X_0) un punto de \mathcal{D} . Entonces existe un número $h > 0$ con la propiedad de que el PVI*

$$\begin{cases} X' &= f(t, X) \\ X(t_0) &= X_0 \end{cases}$$

tiene una, y sólo una, solución en el intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$.

Demostración. Sean $a > 0$, $b > 0$ tales que el rectángulo

$$R = \{(t, X) : |t - t_0| \leq a, |X - X_0| \leq b\}$$

esté contenido en \mathcal{D} . Sea $K > 0$ una constante de Lipschitz de f en R y sea $M = \max_R |f(t, X)|$.

Definimos $h = \min\{a, b/M\}$ (la elección de este valor es debido a la forma en que se demuestra el teorema) y reducimos el rectángulo R al rectángulo

$$R_0 = \{(t, X) : |t - t_0| \leq h, |X - X_0| \leq b\}$$

Fijamos el rectángulo R , es decir, las constantes a, b, K y M . Si consideramos otro rectángulo distinto, entonces deben variar estas constantes y, consecuentemente, el intervalo de existencia de solución $(t_0 - h, t_0 + h)$.

Como sabemos, el PVI (1.16) es equivalente a la ecuación integral

$$X(t) = X_0 + \int_{t_0}^t f(s, X(s)) ds \tag{1.20}$$

Si $u(t)$ es una función continua en $(t_0 - h, t_0 + h)$ tal que $u(t_0) = X_0$ y $(t, u(t)) \in R_0$ para $t \in (t_0 - h, t_0 + h)$, entonces la función

$$v(t) := (Tu)t = X_0 + \int_{t_0}^t f(s, u(s)) \, ds, \quad |t - t_0| \leq h \quad (1.21)$$

tiene esas mismas propiedades. En efecto, teniendo en cuenta que $(t, u(t)) \in R_0 \subseteq R$ para $|t - t_0| \leq h$, se tendrá

$$\begin{aligned} |v(t) - X_0| &= \left| \cancel{X_0} + \int_{t_0}^t f(s, u(s)) \, ds - \cancel{X_0} \right| \\ &= \left| \int_{t_0}^t f(s, u(s)) \, ds \right| \\ &\leq \int_{t_0}^t |f(s, u(s))| \, ds \\ &\leq M|t - t_0| \\ &\leq Mh \leq b \end{aligned}$$

por la elección de h .

Por inducción, formamos las *iterantes de Picard* (ver Apéndice B) $X^j(t)$, $j = 0, 1, 2, \dots$, dadas por

$$X^0(t) = X_0, \quad X^{j+1}(t) = X_0 + \int_{t_0}^t f(s, X^j(s)) \, ds \quad (1.22)$$

están bien definidas y tienen su gráfica en R_0 , para $t - t_0 \leq b$.

Utilizando la condición de Lipschitz de f en R , se prueba en primer lugar que las iterantes de Picard convergen uniformemente en $(t_0 - h, t_0 + h)$ a una función continua $X(t)$. Esta función verifica obviamente la condición inicial $X(t_0) = X_0$ (pues la verifican todas las $X^j(t)$) y también que $(t, X(t)) \in R_0$ para $t \in (t_0 - h, t_0 + h)$; en efecto, dado $\varepsilon > 0$ se tiene, para j suficientemente grande,

$$|X(t) - X_0| \leq |X(t) - X^j(t)| + |X^j(t) - X_0| < \varepsilon + b, \quad |t - t_0| \leq h$$

de donde, siendo $\varepsilon > 0$ arbitrario, se deduce que $|X(t) - X_0| \leq b$ para $|t - t_0| \leq h$. Ello permite probar, utilizando de nuevo la condición de Lipschitz en R , que

$$\lim_{j \rightarrow \infty} \int_{t_0}^t f(s, X^j(s)) \, ds = \int_{t_0}^t f(s, X(s)) \, ds$$

Entonces tenemos que la función límite $X(t)$ satisface

$$X(t) = X_0 + \int_{t_0}^t f(s, X(s)) ds$$

Es decir, satisface el PVI (1.16). Hemos demostrado la existencia de solución del PVI, nos falta ver la unicidad de tal solución.

Supongamos que $Y(t)$ es otra solución del PVI (1.16) en $(t_0 - h, t_0 + h)$. Entonces, Y cumple que $|Y(t) - X_0| \leq b$, es decir, su gráfica esta en R_0 . En efecto, supongamos que esto no se cumple; entonces existe un \bar{t} con $t_0 < \bar{t} < t_0 + h$, tal que $|Y(\bar{t}) - X_0| > b \geq Mh$. Pero siendo $|Y(t) - X_0|$ continua, existirá un primer $t^* = \inf\{t \in (t_0 - h, t_0 + h) : |Y(t) - X_0| \geq 0\}$, $t_0 < t^* < \bar{t}$, tal que

$$|Y(t^*) - X_0| = b \tag{1.23}$$

Como $Y(t)$ es solución del PVI se tendrá

$$|Y(t^*) - X_0| = \left| \int_{t_0}^{t^*} f(s, Y(s)) ds \right| \leq M(t^* - t_0) < Mh \leq b$$

lo que, a causa de la desigualdad estricta, está en contradicción con (1.23).

Sean ahora $X(t)$, $Y(t)$ dos posibles soluciones del PVI (1.16) en el intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$.

Entonces

$$\begin{aligned} |X(t) - Y(t)| &= \left| \int_{t_0}^t [f(s, X(s)) - f(s, Y(s))] ds \right| \\ &\leq \int_{t_0}^t |f(s, X(s)) - f(s, Y(s))| ds \\ &\leq K \int_{t_0}^t |X(s) - Y(s)| ds \end{aligned}$$

Por la desigualdad de Gronwall (ver Apéndice B) aplicada a la función $u(t) = |X(t) - Y(t)|$ se tendrá que $|X(t) - Y(t)| = 0$, es decir $X(t) = Y(t)$ para $t \in (t_0 - h, t_0 + h)$. ■

Observación. Veamos algunas observaciones importantes:

1. El resultado de unicidad que acabamos de demostrar establece que, entre las funciones continuas definidas en el intervalo $(t_0 - h, t_0 + h)$, hay una sola $X(t)$ que satisface el problema de valor inicial (1.16). Si $v(t)$ es solución de la ecuación diferencial en el intervalo I_v , con $t_0 \in I_v$, y satisface la misma condición inicial:

$v(t_0) = X_0$, es claro que el anterior argumento de unicidad se aplica al intervalo $I_v \cap (t_0 - h, t_0 + h) \subseteq (t_0 - h, t_0 + h)$, y, en consecuencia, $X(t) = v(t)$ para todo $t \in I_v \cup (t_0 - h, t_0 + h)$. Esto quiere decir, que mientras estemos dentro de $(t_0 - h, t_0 + h)$, no hay ninguna otra función con definición distinta de $X(t)$ que satisfaga la ecuación diferencial y la condición inicial $X(t_0) = X_0$. Éste es, en definitiva, el significado de la propiedad de unicidad de solución que establece el teorema anterior.

2. El problema de valor inicial (1.16) tiene al menos una solución con sólo suponer f continua, de acuerdo con el *teorema de Peano*, el cual veremos más adelante. Además, se necesita algún tipo de hipótesis adicional sobre f a parte de la continuidad para garantizar la unicidad de solución, ya que por ejemplo, el PVI

$$x' = 3x^{2/3}, \quad x(0) = 0$$

tiene infinitas soluciones en cualquier intervalo $[-h, h]$, por pequeño que sea. La función $f(t, x) = x^{2/3}$ es continua en todo $(t, x) \in \mathbb{R}^2$, pero no es localmente lipschitziana en ningún subconjunto abierto del plano que contenga al origen.

1.5. Estabilidad

La estabilidad de un sistema de ecuaciones diferenciales, y de los sistemas dinámicos en general, es una de las características más importantes de éstos. Al estudiar la estabilidad de dichos sistemas, surgen diferentes problemas según la manera en que se le caracterice y según los sistemas que se consideren. Por ejemplo, para los sistemas lineales existen métodos para poder determinar su estabilidad, como por ejemplo el criterio de Routh-Hürwitz y el de Nyquist (ver bibliografía). Sin embargo para sistemas no lineales, estos métodos no tienen validez.

En esta sección estudiaremos la teoría básica y más general sobre estabilidad de sistemas de ecuaciones lineales.

En la ecuación

$$X' = f(t, X) \tag{1.24}$$

suponemos que f es continua y localmente lipschitziana respecto a X en un conjunto abierto $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ tal que

$$\mathcal{D} \supset \{(t, 0) \in \mathbb{R}^{n+1} : t \geq \beta\}$$

para un cierto $\beta \in \mathbb{R}$. Representamos, como de costumbre, por $X(t; t_0, X_0)$ o $\varphi(t; t_0, X_0)$ la solución única de (1.24) que satisface la condición inicial $X(t_0) = X_0$.

Definición 6. Sea $\bar{x}(t)$ una solución de $X' = f(t, X)$ definida en el intervalo $[\beta, \infty)$. Se dice que $\bar{x}(t)$ es estable si, dados $t_0 \geq \beta$ y $\varepsilon > 0$, existe $\delta = \delta(\varepsilon, t_0) > 0$ tal que, para todo X_0 que satisfaga

$$|X_0 - \bar{x}(t_0)| \leq \delta$$

la solución $X(t; t_0, X_0)$ está definida y verifica

$$|X(t; t_0, X_0) - \bar{x}(t)| \leq \varepsilon$$

para todo $t \geq t_0$. Se dice que $\bar{x}(t)$ es asintóticamente estable si es estable y si, además, existe $\eta = \eta(t_0) > 0$ tal que $|X_0 - \bar{x}(t_0)| \leq \eta$ implica

$$\lim_{t \rightarrow \infty} |X(t; t_0, X_0) - \bar{x}(t)| = 0$$

Una solución que no es estable se dice que es inestable.

Observación. 1. La estabilidad aquí definida es la que se conoce como «estabilidad en el sentido de Liapunov». Se trata de una estabilidad «a la derecha»; se podría definir de una manera completamente análoga una estabilidad «a la izquierda» considerando en las definiciones anteriores el intervalo $(-\infty, \beta]$ y el $\lim X(t)$ cuando $t \rightarrow -\infty$. Normalmente, interesa estudiar la estabilidad a la derecha como parte del análisis del comportamiento a largo plazo (o sea, en el sentido de los tiempos crecientes) de las soluciones de un sistema y, por ello, el término *estabilidad* se referirá sistemáticamente a la estabilidad a la derecha (en el sentido Liapunov). Como iremos viendo, en la práctica interesa estudiar la estabilidad de ciertas soluciones que representan comportamientos significativos del sistema físico modelado por la ecuación diferencial, particularmente soluciones constantes (o estacionarias) y soluciones periódicas.

2. Se puede comenzar con una definición menos estricta de estabilidad que, al final, resulta equivalente a la dada aquí. Siendo $\bar{x}(t)$ una solución de $X' = f(t, X)$ definida en $[\beta, \infty)$ se dice que $\bar{x}(t)$ es estable en $[t_0, \infty)$ con $t_0 \geq \beta$, si, dado $\varepsilon > 0$, existe $\delta = \delta(\varepsilon, t_0) > 0$ tal que toda solución $X(t)$ de $X' = f(t, X)$ para la que $|X(t_0) - \bar{x}(t_0)| \leq \delta$ ($\delta \leq \varepsilon$), está definida y verifica $|X(t) - \bar{x}(t)| \leq \delta$ para todo $t \geq t_0$. Formulada así, la propiedad de estabilidad depende de t_0 , con lo que se plantea si una solución puede ser estable para un $t_0 \geq \beta$ y no para otro $t_1 \geq \beta$. Esto no ocurre, ya que si $\bar{x}(t) \equiv X(t; t_0, X_0)$ es estable en $[t_0, \infty)$ según esta definición; si $t_1 < t_0$, entonces, por la continuidad respecto a los datos iniciales, existe $\delta_1 = \delta_1(t_1, \varepsilon, t_0, \delta) > 0$ tal que $|X(t_1) - \bar{x}(t_1)| \leq \delta_1$ implica $|X(t) - \bar{x}(t)| \leq \delta$ para $t \in [t_1, t_0]$. En consecuencia, $|X(t) - \bar{x}(t)| \leq \varepsilon$ para todo $t \geq t_1$ siempre que $|X(t_1) - \bar{x}(t_1)| \leq \delta_1$, es decir, $\bar{x}(t)$ es estable en $[t_1, \infty)$. Para el caso $t_1 > t_0$ recurrimos al homeomorfismo $T_{t_1} : X_0 \rightarrow X(t_1; t_0, X_0)$. Por la continuidad de T_{t_1} , dado δ existe $\delta_1 = \delta_1(t_1, \varepsilon) > 0$ tal que, si $|X - X(t_1; t_0, X_0)| \leq \delta$ entonces $|T_{t_1}^{-1}(z) - \bar{x}_0| \leq \delta$, es decir, $z = X(t_1; t_0, X_0)$ para algún X_0 tal que $|X_0 - \bar{x}_0| \leq \delta$; tendremos por tanto, que $|X(t; t_1, z) - \bar{x}(t)| \leq \varepsilon$ siempre que $|X - \bar{x}(t_1)| \leq \delta$, es decir, la estabilidad de $\bar{x}(t)$ en $[t_1, \infty)$. Así pues, si $\bar{x}(t)$ es «estable en $[t_0, \infty)$ » también lo es en $[t_1, \infty)$ con $t_1 \geq \beta$ cualquiera. En todo caso, el $\delta(\varepsilon, t_0)$ de la definición de estabilidad dependerá, en general, de t_0 , el «instante inicial» en el que se compara una solución genérica con la solución $\bar{x}(t)$. Cuando es independiente de t_0 se dice que la estabilidad de $\bar{x}(t)$ es *uniforme*.

Estabilidad para sistemas lineales

Corolario 1. *El sistema $X' = AX$, A matriz de constantes, es asintóticamente estable si, y sólo si, todos los autovalores de A tienen parte real negativa.*

Observación. La condición sobre los autovalores para deducir la estabilidad asintótica no es válida para sistemas con coeficientes variables.

Ejemplo 4. Sea el sistema $X' = A(t)X$ con

$$A(t) = \begin{bmatrix} -1 + \frac{3}{2} \cos^2 t & 1 - \frac{3}{2} \sin t \cos t \\ -1 - \frac{3}{2} \sin t \cos t & -1 + \frac{3}{2} \sin^2 t \end{bmatrix}$$

Los autovalores de $A(t)$ son independientes de t y son $\lambda_1 = \frac{-1 + i\sqrt{7}}{4}$ y $\lambda_2 = \frac{-1 - i\sqrt{7}}{4}$. Tienen pues parte real negativa. Por otro lado, se puede comprobar directamente que la función

$$\begin{bmatrix} -\cos t \\ \text{sen } t \end{bmatrix} e^{t/2}$$

es solución del sistema; crece exponencialmente con t y, en consecuencia, el sistema no es asintóticamente estable.

Estabilidad para sistemas no lineales. Linealización

Los resultados que acabamos de ver para sistemas lineales son interesantes por sí mismos y a la hora de aproximar un sistema general no lineal por uno lineal en el sentido que ahora vamos a exponer.

Para estudiar la estabilidad de una solución $\bar{x}(t)$ de un sistema no lineal hay que estimar la norma de $y(t) = X(t) - \bar{x}(t)$, siendo $X(t)$ una solución genérica de (1.24). Si hacemos el cambio de variable

$$y(t) = X(t) - \bar{x}(t) \tag{1.25}$$

se tendrá que

$$y'(t) = X'(t) - \bar{x}'(t) = f(t, X) - f(t, \bar{x})$$

es decir, $y(t)$ definida por (1.25) satisface la ecuación

$$y'(t) = f(t, y + \bar{x}(t)) - f(t, \bar{x}(t)) := g(t, y) \tag{1.26}$$

equivalente a (1.24) y que hemos denominado *ecuación variacional* de (1.24) (relativa a la solución $\bar{x}(t)$). Note que $g(t, 0) = 0$ para todo $t \in [\beta, \infty)$.

Es claro que las propiedades de estabilidad de $\bar{x}(t)$ como solución de (1.24) serán las mismas que las de la solución $y(t) \equiv 0$ de la ecuación diferencial (1.26). Si suponemos que f tiene derivadas primeras continuas respecto a x_1, \dots, x_n entonces la ecuación (1.26) toma la forma

$$y'(t) = f(t, y(t) + \bar{x}(t)) - f(t, \bar{x}(t)) = [D_X f(t, \bar{x}(t))]y + R(t, \bar{x}, y) \tag{1.27}$$

con $R(t, \bar{x}, y) = o(|y(t)|)$ cuando $|y(t)| \rightarrow 0$, o, en otros términos,

$$y' = A(t)y + h(t, y) \quad (1.28)$$

con $A(t) = D_y g(t, y) = D_X f(t, \bar{x}(t))$ y $h(t, y) = o(|y|)$ cuando $|y| \rightarrow 0$ para cada $t \geq \beta$ (esto último implica que $h(t, 0) = 0$). Dado que $h(t, y)$ es pequeño para $|y|$ pequeño y, por tanto, $g(t, y)$ próxima a la función lineal $A(t)y$ para $|y|$ pequeño, es razonable conjeturar que el comportamiento de las soluciones de (1.28) próximas a $y(t) \equiv 0$ que es lo que hay que analizar para estudiar la estabilidad de esta solución sea análogo al de las soluciones de la ecuación lineal

$$y' = A(t)y \quad (1.29)$$

(la ecuación variacional lineal de (1.24) o aproximación lineal o primera aproximación de (1.28)) también en las proximidades de $y(t) \equiv 0$. En otras palabras, que $y(t) \equiv 0$, como solución de (1.28) (o, lo que es lo mismo, $\bar{x}(t)$ como solución de (1.24)), sea estable (respectivamente, asintóticamente estable, respectivamente inestable) si, y sólo si el sistema lineal $y' = [D_X g(t, 0)]y$ es estable (respectivamente asintóticamente estable, respectivamente inestable). Si esto fuese así, la estabilidad para soluciones de una ecuación no lineal se reduciría al estudio de la estabilidad de ecuaciones lineales, siempre más fácil.

La conjetura no siempre es válida, como se muestra en el siguiente ejemplo.

Ejemplo 5. Sea el sistema

$$\begin{cases} x' &= y + \varepsilon x(x^2 + y^2) \\ y' &= -x + \varepsilon y(x^2 + y^2) \end{cases} \quad (1.30)$$

en donde $\varepsilon \in \mathbb{R}$. Se tiene,

$$\begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x} & \frac{\partial f_1}{\partial y} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x} & \frac{\partial f_2}{\partial y} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \varepsilon(x^2 + y^2) + 2\varepsilon x^2 & 1 + 2x\varepsilon xy \\ -1 + 2\varepsilon xy & \varepsilon(x^2 + y^2) + 2\varepsilon y^2 \end{pmatrix} \Big|_{(0,0)} = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ -1 & 0 \end{pmatrix}$$

con lo que la aproximación lineal alrededor de $(0, 0)$ es

$$\begin{cases} x' &= y \\ y' &= -x \end{cases} \quad (1.31)$$

cualquiera que sea $\varepsilon \in \mathbb{R}$ (y coincide con (1.30) para el valor $\varepsilon = 0$); para ella, la solución trivial es estable (se trata del caso centro). Para analizar la estabilidad de la solución trivial de (1.30), hacemos un cambio a coordenadas polares (ver [11, Capítulo 4]). De $r(t) = \sqrt{x^2(t) + y^2(t)}$ se tiene

$$rr' = xx' + yy' = x(y + \varepsilon x(x^2 + y^2)) + y(-x + \varepsilon y(x^2 + y^2)) = \varepsilon r^4$$

o sea $r' = \varepsilon r^3$ a lo largo de cualquier solución distinta de la trivial. Por otra parte, de $\tan \theta(t) = y(t)/x(t)$ se tiene

$$(1 + \tan^2 \theta)\theta' = \frac{y'x - x'y}{x^2}$$

$$\frac{r^2}{x^2}\theta' = \frac{-x^2 + \varepsilon xy(x^2 + y^2) - y^2 - \varepsilon xy(x^2 + y^2)}{x^2}$$

es decir, $\theta' = -1$. Así pues, se tiene el sistema equivalente a (1.30) (fuera del origen)

$$\begin{cases} r' &= \varepsilon r^3 \\ \theta' &= -1 \end{cases} \quad (1.32)$$

que se puede integrar elementalmente

$$r(t) = \frac{1}{\sqrt{C_1 - 2\varepsilon t}}, \quad \theta(t) = -t + C_2 \quad (1.33)$$

La solución que satisface la condición inicial $r(t_0) = r_0$, $\theta(t_0) = \theta_0$ es

$$r(t) = \frac{r_0}{\sqrt{1 - 2\varepsilon r_0^2(t - t_0)}}, \quad \theta(t) = \theta_0 - (t - t_0) \quad (1.34)$$

Si $\varepsilon > 0$, el intervalo maximal de existencia de (1.32) es $(\alpha, \omega) = (-\infty, t_0 + 1/2\varepsilon r_0^2)$; ninguna solución, pues, está definida en $[t_0, \infty)$ (y se alejan, todas de $(0, 0)$ cuando t crece. teniéndose $\lim_{t \rightarrow \omega^-} r(t) = \infty$). La solución trivial, es por tanto, inestable.

Si $\varepsilon < 0$, el intervalo de definición de (1.32) es $(t_0 - 1/2|\varepsilon|r_0^2, \infty)$; considerando por ejemplo, el intervalo $[0, \infty)$, vemos que, dado $\varepsilon > 0$, se tiene, por la expresión (1.32) para $r(t)$, que si $|r_0| \leq \delta = \varepsilon$, entonces la correspondiente solución está definida y verifica $|r(t)| \leq \varepsilon$ para todo $t \in [t_0, \infty)$; además $\lim_{t \rightarrow \infty} r(t) = 0$. cualquiera que sean r_0, θ_0 ; en consecuencia, la solución $(x(t), y(t)) \equiv (0, 0)$ es asintóticamente estable.

Así pues, la estabilidad simple (es decir, no asintótica) de la ecuación lineal (1.31) no se conserva, incluso para pequeñas perturbaciones (ε pequeño): dependiendo del signo de éstas se tiene inestabilidad o estabilidad asintótica para la solución trivial de la ecuación perturbada no lineal (1.30).

1.6. Sistemas Autónomos. Aspectos locales y globales del diagrama de fases.

A partir de esta sección nos centraremos en los sistemas autónomos

$$X' = f(X)$$

por su importancia en las aplicaciones y por las notables propiedades cualitativas de sus soluciones. En realidad, no se perdería generalidad desarrollando desde el principio la teoría para este tipo de sistemas, pues *cualquier* sistema de ecuaciones diferenciales $X' = f(t, X)$ se puede convertir en uno autónomo mediante el artificio

$$\begin{cases} X' = f(t, X) \\ t' = 1 \end{cases} \quad (1.35)$$

es decir, considerando a la variable t como una *variable de estado* más. Los resultados de existencia, unicidad y dependencia continua vistos en el capítulo anterior se obtendrían del mismo modo suponiendo $f(t, X)$ localmente lipschitziana conjuntamente respecto a (t, X) , hipótesis ligeramente menos general que suponer a f continua en (t, X) y localmente lipschitziana respecto a X . Se paga el precio, eso sí, de aumentar una unidad la dimensión del sistema, lo que, para determinados aspectos, puede resultar un inconveniente; por ejemplo, las ecuaciones escalares pasan a ser equivalentes a un sistema de dimensión 2, pero parece claro que en lo relativo a su posible integración elemental convendrá considerarlas como tales ecuaciones escalares; por otra parte, en ocasiones es importante resaltar el papel especial de la variable t en el segundo miembro de la ecuación; así, la esencial noción de *punto de equilibrio* pierde su simplicidad y requeriría separar explícitamente t del resto de las variables: en otro caso (1.35) no tendría, propiamente hablando, de puntos de equilibrio a causa de la última ecuación. Otra circunstancia en que esto se produce es, por ejemplo,

cuando una *ley* originalmente *autónoma*: $X' = f(X)$, sufre una *perturbación no autónoma*: $X' = f(X) + g(t, X)$, por ejemplo, periódica.

En el primer apartado se exponen las cuestiones generales relativas a sistemas autónomos, en particular, la concreción a ellos de los resultados fundamentales del capítulo anterior. En el apartado 1.7 se analizan los enfoques que pueden considerarse para el estudio del diagrama de fases de un sistema autónomo general.

Generalidades

En esta sección se expondrán los resultados básicos de existencia y unicidad de soluciones, se introducen las nociones fundamentales de *trayectorias* y *diagrama de fases* que ya conocemos para los sistemas lineales de coeficientes constantes $X' = AX$, un caso particular de sistemas autónomos.

Se estudia también el *flujo* definido por un sistema autónomo, concepto que da pie al más general de *sistema dinámico*.

Trayectorias. Diagramas de fases.

Consideremos, pues, un sistema autónomo

$$X' = f(X) \tag{1.36}$$

Supondremos desde aquí que f es continua y tiene derivadas primeras continuas en un conjunto abierto $\mathcal{D} \in \mathbb{R}^n$. El teorema fundamental de existencia y unicidad nos dice que el problema de valor inicial (PVI)

$$\begin{cases} X' = f(X) \\ X(t_0) = X_0, \quad t_0 \in \mathbb{R}, X_0 \in \mathcal{D} \text{ dados} \end{cases} \tag{1.37}$$

posee una única solución $X(t)$ definida en un *intervalo maximal* $(\alpha, \omega) = (\alpha(t_0, X_0), \omega(t_0, X_0)) = I(t_0, X_0)$.

El conjunto de soluciones de un sistema autónomo tiene una importante propiedad de «invariancia por translaciones en el tiempo».

Proposición 4. Sea $X(t)$ una solución del sistema $X' = f(X)$. Entonces, para cada $C \in \mathbb{R}$, $y(t) = X(t + C)$ es también una solución de $X' = f(X)$. Si $X(t)$ está definida en (α, ω) , $y(t) = X(t + C)$ lo estará en $(\alpha - C, \omega - C)$.

Corolario 2. Si $\varphi(t)$, definida en (α, ω) , es solución del PVI

$$\begin{cases} X' = f(X) \\ X(0) = X_0, \quad , X_0 \in \mathcal{D} \text{ dado} \end{cases}$$

entonces $y(t) = \varphi(t - t_0)$, definida en $(\alpha + t_0, \omega + t_0)$, es solución del PVI

$$\begin{cases} X' = f(X) \\ X(t_0) = X_0, \quad t_0 \in \mathbb{R}, X_0 \in \mathcal{D} \text{ dados} \end{cases}$$

De acuerdo a la proposición anterior, $y(t) = \varphi(t - t_0)$ es solución del sistema (1.36), y además satisface $y(t_0) = \varphi(t_0 - t_0) = \varphi(0) = X_0$.

Como consecuencia, no se pierde generalidad si consideramos únicamente problemas de valor inicial de la forma

$$\begin{cases} X' = f(X) \\ X(0) = X_0, \quad X_0 \in \mathcal{D} \text{ dado} \end{cases} \quad (1.38)$$

es decir, con instante inicial $t_0 = 0$. Denotaremos a la solución de (1.36), definida en el intervalo maximal $(\alpha, \omega) = (\alpha(X_0), \omega(X_0)) = I(X_0)$, por $X(t)$ o bien $X(t; t_0, X_0)$ para poner de manifiesto su dependencia del valor inicial X_0 . Con esta notación, el anterior corolario se podría enunciar así: *La solución maximal que pasa por (t_0, X_0) es $X(t - t_0, X_0)$ (o $\varphi(t - t_0, X_0)$).*

En cuanto a la estimación del tamaño del intervalo de existencia $(\alpha, \omega) = (\alpha(X_0), \omega(X_0))$ de una solución, se tiene el resultado fundamental:

Proposición 5. Si $X(t) \in K$, subconjunto compacto de \mathcal{D} , para todo $t \in [0, \omega)$, entonces $\omega = \infty$ (y análogamente para $(\alpha, 0]$).

Como en los sistemas lineales autónomos $X' = AX$, la trayectoria u *órbita* de una solución $X(t)$ de (1.36) es la proyección sobre \mathbb{R}^n de la gráfica $G_X = \{(t, X(t)); t \in (\alpha, \omega)\}$, es decir,

el conjunto

$$\gamma(X(t)) = \{X(t) : t \in (\alpha, \omega)\}$$

imagen de (α, ω) por $X(t)$.

La *semitrayectoria positiva* de $X(t)$ es el conjunto

$$\gamma^+(X(t)) = \{X(t) : t \in [0, \omega)\}$$

y la *semitrayectoria negativa* el conjunto

$$\gamma^-(X(t)) = \{X(t) : t \in (\alpha, 0]\}$$

En particular, un *punto de equilibrio* \bar{X} del sistema $X' = f(X)$ es la trayectoria de una solución constante $X(t) = \bar{X}$ para todo $t \in \mathbb{R}$. Claramente, $\bar{X} \in \mathcal{D}$ es punto de equilibrio si, y sólo si, $f(\bar{X}) = 0 \in \mathbb{R}^n$.

Si γ es la trayectoria de una solución *no* constante $X(t)$, entonces, por la unicidad de solución del PVI (1.37), no contiene puntos de equilibrio; en consecuencia, $X'(t) \neq (0, 0, \dots, 0)$ para todo $t \in (\alpha, \omega)$ y está bien definido el vector tangente a γ en cada uno de sus puntos; γ es, por tanto, una curva de clase \mathcal{C}^1 en \mathbb{R} contenida en \mathcal{D} (de hecho, es de clase \mathcal{C}^2 por la hipótesis que hemos realizado de que f es de clase \mathcal{C}^1). El vector tangente a γ en un determinado punto coincide con el *campo vectorial* definido por f :

$$\mathcal{D} \ni X \mapsto f(X) \in \mathbb{R}^n$$

que representamos geoméricamente dibujando el vector $f(X)$ con origen en X , asigna al punto en cuestión, pues el hecho de ser $X(t)$ solución de (1.36), significa que $X'(t) = f(X(t))$. Las trayectorias del sistema $X' = f(X)$ son, pues, las denominadas *curvas integrales* del campo vectorial $X \mapsto f(X)$. Sobre cada trayectoria queda determinada una orientación por el sentido en que varía $X(t, X_0)$ cuando t crece, o sea, por el sentido en que aquélla se «recorre» a partir de X_0 ; lo visualizamos dibujando una flecha sobre la representación gráfica de las trayectorias.

El *diagrama de fases* de un sistema $X' = f(X)$ es el conjunto de trayectorias de sus soluciones en tanto que subconjuntos de $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R}^n$. De manera muy general, el objetivo de

la teoría cualitativa de ecuaciones diferenciales es la descripción lo más completa posible del diagrama de fases, con un énfasis especial en el comportamiento asintótico de las trayectorias y la detección de trayectorias especiales que puedan representar «pautas de comportamiento» a largo plazo del sistema.

Si $X(t)$ es una solución no constante, todas las soluciones de la forma $X(t+C)$, $C \in \mathbb{R}$, que son funciones distintas a $X(t)$, tienen la misma trayectoria. A pesar de ello, *dos trayectorias distintas no se pueden cortar nunca*. Desde luego, no puede ocurrir para dos soluciones distintas $X(t)$, $y(t)$ que $X(t^*) = y(t^*)$ para un cierto instante t^* , pues ello violaría la unicidad de solución del PVI (1.37) con $t_0 = t^*$ y $X_0 = X(t^*) = y(t^*)$. Pero, en principio, no estaría descartado el que para dos soluciones distintas $X(t)$, $y(t)$ pudiese ocurrir que $X(t_1) = y(t_2)$ con $t_1 \neq t_2$. La interpretación geométrica anterior excluye el que eso pueda tener lugar del modo ilustrado en la figura siguiente, o sea, con las trayectorias cortándose *transversalmente*. Pero podrían cortarse con la misma tangente (Fig. 1.7), por lo que es necesario dar una demostración analítica.

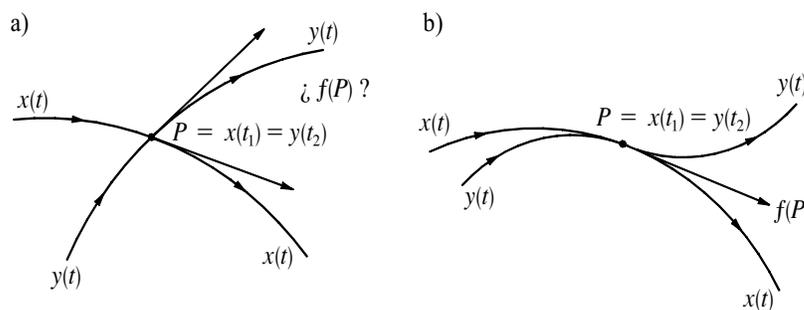


Figura 1.7: Izquierda: $P = X(t_1) = y(t_2)$. ¿ $f(P)$? Derecha: $P = X(t_1) = y(t_2)$

Proposición 6. Sean $X(t)$, $y(t)$ dos soluciones de $X' = f(X)$ tales que $X(t_1) = y(t_2)$ para ciertos t_1, t_2 , $t_1 \neq t_2$. Entonces, $y(t) = X(t + t_1 - t_2)$ para todo t en el intervalo de definición de $y(t)$. En consecuencia, las trayectorias de dos soluciones $X(t)$, $y(t)$ satisfacen

$y(t) = X(t + \tau)$ para cierto $\tau \in \mathbb{R}$.

Demostración. Sea (α, ω) el intervalo maximal de existencia de la solución $X(t)$. La función

$$z(t) = X(t + t_1 - t_2)$$

es solución de la ecuación en el intervalo $(\alpha + (t_2 - t_1), \omega + (t_2 - t_1))$, por la proposición 4, y satisface

$$z(t_2) = X(t_1) = y(t_2) \quad \text{por hipótesis}$$

de donde, por la unicidad de solución del PVI (1.37), $y(t)$ y $z(t)$ han de estar definidas en el mismo intervalo maximal y coincidir en él. Así pues, $y(t) = X(t + t_2 - t_1)$ ■

Tampoco puede ocurrir que una trayectoria se corte a sí misma (un corte transversal está excluido, como antes, por la interpretación geométrica de las trayectorias).

Se tiene el siguiente resultado:

Proposición 7. *Sea $X(t)$ una solución de $X' = f(X)$. Si existen $t_1, t_2, t_1 \neq t_2$, tales que $X(t_1) = X(t_2)$, se verifica que:*

- a) *O bien $X(t) = \bar{X} \in \mathcal{D}$ para todo $t \in \mathbb{R}$ (con \bar{X} un punto de equilibrio del sistema).*
- b) *O bien $X(t)$ es una función periódica y su trayectoria es una curva cerrada simple³.*

Demostración. Supongamos que, por ejemplo, $t_2 > t_1$ ($t_2 - t_1 = C > 0$). Aplicando el resultado anterior con $y(t) \equiv X(t)$, tenemos que, si fuese $\omega < \infty$, el intervalo de definición de $X(t)$ se podría extender hasta $\omega + (t_2 - t_1)$, lo que contradice el carácter maximal de ω ; ha de ser, pues, $\omega = \infty$. Cambiando los papeles entre t_1 y t_2 , argumentando que $z(t) = X(t + t_2 - t_1)$, se tiene asimismo que $\alpha = -\infty$. En resumen, el intervalo de definición de $X(t)$ es $(-\infty, \infty)$ y además

$$X(t) = X(t + t_1 - t_2)$$

Sea \mathcal{P} el conjunto de todos los períodos de la solución $X(t)$, o sea el conjunto de números $\tau \in \mathbb{R}$ tales que $X(t + \tau) = X(t)$ para todo $t \in \mathbb{R}$. \mathcal{P} no es vacío pues hemos visto

³Una curva $\gamma = \{X(t) \in \mathbb{R}^n : t \in [a, b]\}$, $X(t)$ continua, es cerrada simple si $X(a) = X(b)$ y $X(t_1) \neq X(t_2)$ siempre que $|t_1 - t_2| < b - a$

que $t_1 - t_2 \in \mathcal{P}$. Si $\tau_1, \tau_2 \in \mathcal{P}$, es claro que $\tau_1 \pm \tau_2 \in \mathcal{P}$; además, \mathcal{P} es cerrado en \mathbb{R} : si $\tau_n \rightarrow \tau$ entonces, por la continuidad de $X(t)$, se tendrá que para cada $t \in \mathbb{R}$ $X(t + \tau) = \lim X(t + \tau_n) = \lim X(t) = X(t)$ para todo $t \in \mathbb{R}$, $n \rightarrow \infty$, por lo tanto, $\tau \in \mathcal{P}$. Afirmamos entonces que:

- a) $\mathcal{P} = \mathbb{R}$, y, en consecuencia, $X(t) = \bar{X}$ para todo $t \in \mathbb{R}$, para un cierto $\bar{X} \in \mathcal{D}$.
- b) O bien existe un mínimo número positivo T en \mathcal{P} , tal que \mathcal{P} consiste en el conjunto de múltiplos enteros de T , lo que significa que $X(t)$ es una función periódica de período T .

En efecto, supongamos que *no* existe un mínimo número positivo T en \mathcal{P} . Vamos a probar que, entonces, cualquier $r \in \mathbb{R}$ es período. Por nuestra hipótesis, dado $\varepsilon > 0$ cualquiera, existe $\tau \in \mathcal{P}$ tal que $0 < \tau < \varepsilon$; por la propiedad arquimediana de \mathbb{R} , existe un entero m tal que $m\tau \leq r < (m + 1)\tau$, y por tanto,

$$|r - m\tau| < \tau < \varepsilon \quad \text{con } m\tau \text{ período}$$

lo que implica, por ser \mathcal{P} cerrado, que $r \in \mathcal{P}$, es decir, $\mathcal{P} \equiv \mathbb{R}$ y se da a) de la alternativa.

Si por el contrario, existe un T mínimo entre los períodos positivos, se tiene que, para todo $\tau \in \mathcal{P}$, existe $m \in \mathbb{Z}$ tal que $\tau = mT$. En efecto, si no fuese así, existiría un entero q tal que $|\tau - qT| < T$. Pero como $|\tau - qT|$ es período, habría contradicción con el hecho de ser T mínimo. Así pues, \mathcal{P} es el conjunto de múltiplos enteros de T . La órbita de una solución periódica de período mínimo T es una curva cerrada simple $\gamma = \{X(t) \in \mathbb{R}^n : t \in [0, T]\}$, se tiene $X(0) = X(T)$ y $X(t_1) \neq X(t_2)$ si $|t_1 - t_2| < T$ pues, si no, $|t_1 - t_2|$ sería período, lo cual sería una contradicción del carácter del mínimo de T . ■

Al hablar de la *trayectoria del punto* $X \in \mathcal{D}$ queremos decir que la trayectoria de la solución (única) $\varphi(t, X)$ que «comienza» en X para $t = 0$. Representa el lugar geométrico de los *estados* que el sistema adopta a lo largo del tiempo a partir del *estado inicial* representado por X . Por la proposición 6, por cada punto de \mathcal{D} pasa una única trayectoria; por otro lado, una trayectoria γ es «la trayectoria de todos sus puntos»; en efecto, si γ es la

trayectoria de la solución $X(t) = \varphi(t, P)$ que comienza en P y Q es otro punto de γ , entonces, $Q = X(t^*) = \varphi(t^*, P)$ para un cierto $t^* \neq 0$. Tomando Q como punto inicial, se tendrá una solución única del sistema $y(t) = \varphi(t, Q)$ tal que $y(0) = Q$. Considerando la función $z(t) = X(t + t^*)$, también solución por la proposición 4, se tendrá que $z(0) = X(t^*) = Q$, de donde, por unicidad, $z(t) \equiv y(t)$, es decir, $y(t) = X(t + t^*)$ para todo t del intervalo de definición de $y(t)$ y ambas soluciones $X(t)$ e $y(t)$ tienen a γ por trayectoria ($X(t)$ e $y(t)$ representan dos *parametrizaciones* distintas de la curva γ). Vemos así la relación entre la unicidad de trayectoria que pasa por cada punto de \mathcal{D} y la multiplicidad infinita de soluciones de la que proviene cada trayectoria (Fig. 1.8).

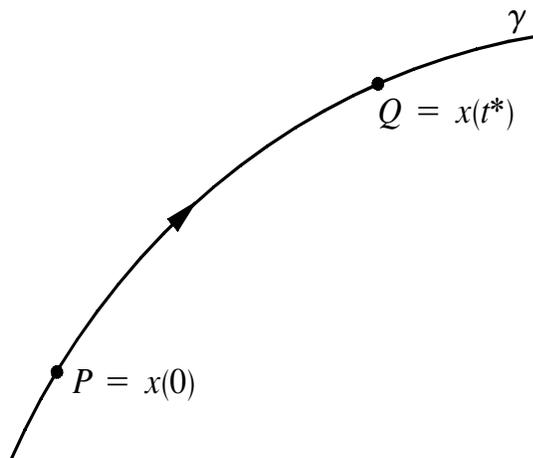


Figura 1.8: La evolución de Q es una traslación sobre γ de la evolución de P .

Los resultados anteriores proporcionan ya una primera aproximación a la estructura del diagrama de fases de $X' = f(X)$, consta de *trayectorias que no se cortan* y pueden ser de tres tipos:

1. Curvas abiertas simples.
2. Curvas cerradas simples (correspondientes a soluciones periódicas).
3. Puntos (*puntos de equilibrio* correspondientes a soluciones constantes).

El primero es el tipo general de trayectoria. Un diagrama de fases puede o no contener puntos de equilibrio u órbitas cerradas; cuando están presentes estos tipos especiales de trayectoria suelen representar comportamientos significativos del sistema modelado por $X' = f(X)$.

Un resultado más simple e interesante en el camino hacia una mejor comprensión del diagrama de fases es el siguiente:

Proposición 8. *Supongamos que $\lim_{t \rightarrow \omega} X(t) = \xi \in \mathcal{D}$ cuando $t \rightarrow \omega$, para una solución $X(t)$ de $X' = f(X)$. Entonces, $\omega = \infty$ y ξ es un punto de equilibrio del sistema. (y análogamente para $t \rightarrow \alpha$).*

Demostración. Si $\lim_{t \rightarrow \omega} X(t) = \xi$ cuando $t \rightarrow \omega$, entonces $\{X(t) : t \in [0, \omega)\}$ está contenido en un subconjunto compacto de \mathcal{D} , de donde $\omega = \infty$. Por otra parte

$$\begin{aligned} X(t) \rightarrow \xi &\iff X_j(t) \rightarrow \lambda_j \quad j = 1, 2, \dots, n \quad \text{cuando } t \rightarrow \infty \\ &\iff |X_j(t_1) - X_j(t_2)| \rightarrow 0 \quad \text{cuando } t_1, t_2 \rightarrow \infty \end{aligned}$$

Tomemos un $h > 0$ fijo y sea $t_2 = t_1 + h$, $t = t_1$. Entonces

$$|X_j(t+h) - X_j(t)| \rightarrow 0 \quad \text{cuando } t \rightarrow \infty$$

Aplicando el teorema del valor medio

$$|X_j(t+h) - X_j(t)| = h|X'_j(\tau_j)| = h|f_j(X_1(\tau_j), \dots, X_n(\tau_j))|$$

con $\tau_j \in [t, t+h]$. Si $t \rightarrow \infty$, $\tau_j \rightarrow \infty$, y, por la continuidad de f_j

$$h|f_j(X_1(\tau_j), \dots, X_n(\tau_j))| \rightarrow h|f_j(\lambda_1, \dots, \lambda_n)| \quad \text{cuando } t \rightarrow \infty$$

de donde

$$f_j(\lambda_1, \dots, \lambda_n) = 0, \quad j = 1, 2, \dots, n$$

es decir, $\lambda = (\lambda_1, \dots, \lambda_n)$ es un punto de equilibrio del sistema. ■

La idea intuitiva de este resultado es que una trayectoria no puede «morir» en un punto de \mathcal{D} que no sea de equilibrio.

La proposición 8 permite también describir de una manera muy completa el diagrama de fases de una ecuación escalar autónoma.

Supongamos, para simplificar, que $f(X)$ está definida en todo \mathbb{R} y que sus ceros (puntos de equilibrio de la ecuación $X' = f(X)$) son aislados, o sea, si \bar{X} es tal que $f(\bar{x}) = 0$, existe $\epsilon = \epsilon(\bar{x}) > 0$ de modo que $f(X) \neq 0$ para todo $X \in [\bar{x} - \epsilon, \bar{x} + \epsilon]$, $X \neq \bar{x}$; esto implica que hay a lo más una cantidad numerable de ellos $\{\dots, \bar{x}_j, \bar{x}_{j+1}, \dots\}$. Si $X(t)$ es una solución no constante de la ecuación $X' = f(X)$, entonces $X'(t)$ no cambia de signo en todo su intervalo de definición (α, ω) ; en efecto, en otro caso existiría, por la continuidad de $X'(t)$, un $t^* \in (\alpha, \omega)$ tal que $X'(t^*) = f(X(t^*)) = 0$; pero esto implicaría que $X(t^*)$ es un punto de equilibrio de la ecuación, contra la unicidad de trayectoria que pasa por cada punto de \mathbb{R} . Así pues, toda solución no constante es o bien estrictamente creciente o bien estrictamente decreciente en todo su intervalo de definición. Si X_0 no es punto de equilibrio, se dan las siguientes posibilidades:

- a) $\bar{x}_j < X_0 < \bar{x}_{j+1}$ para un cierto j . En este caso, se tendrá $\bar{x}_j < \varphi(t, X_0) < \bar{x}_{j+1}$ para todo $t \in (\alpha(X_0), \omega(X_0))$, lo que implica $\alpha(X_0) = -\infty$ y $\omega(X_0) = \infty$ por la proposición 5. Si $f(X_0) > 0$, $\varphi(t, X_0)$ es estrictamente creciente; como además está acotada superiormente, existirá $\lim \varphi(t, X_0) = \xi \leq \bar{x}_{j+1}$ cuando $t \rightarrow \infty$; por la proposición 8, habrá de ser $\xi = \bar{x}_{j+1}$. Análogamente, $\lim \varphi(t, X_0) = \bar{x}_j$ cuando $t \rightarrow -\infty$. La trayectoria de X_0 es el intervalo abierto $(\bar{x}_j, \bar{x}_{j+1})$ recorrido en sentido creciente. Si $f(X_0) < 0$, $\lim \varphi(t, X_0) = \bar{x}_j$ cuando $t \rightarrow \infty$ y $\lim \varphi(t, X_0) = \bar{x}_{j+1}$ cuando $t \rightarrow -\infty$ y la trayectoria de X_0 es ese mismo intervalo recorrido en sentido decreciente.
- b) $\bar{x}_m < X_0$ (supuesto que existe un mayor punto de equilibrio \bar{x}_m). Se tendrá que $\bar{x}_m < \varphi(t, X_0)$. Si $f(X_0) > 0$, $\varphi(t, X_0)$ es estrictamente creciente. Como $\{\varphi(t, X_0) : t \in (\alpha(X_0), 0]\} \subseteq (\bar{x}_m, 0]$ se tendrá $\alpha(X_0) = -\infty$ y, como antes, $\lim \varphi(t, X_0) = \bar{x}_m$ cuando $t \rightarrow -\infty$ y $\{\varphi(t, X_0) : t \in (\alpha(X_0), 0]\} = (\bar{x}_m, X_0]$. Por su parte, $\{\varphi(t, X_0) : t \in [0, \omega(X_0))\}$ no puede ser acotado, pues de lo contrario existiría un punto de equilibrio mayor que \bar{x}_m , por la proposición 8. Así pues, $\lim \varphi(t, X_0) = \infty$ cuando $t \rightarrow \omega$, y la trayectoria de X_0 es el intervalo (\bar{x}_m, ∞) recorrido en sentido creciente; $\omega(X_0)$ puede ser finito o infinito, dependiendo de la ecuación de que se trate. Si $f(X_0) < 0$, $\omega(X_0) = \infty$, $\lim \varphi(t, X_0) = \bar{x}_m$ cuando $t \rightarrow \infty$, $\lim \varphi(t, X_0) = \infty$ cuando $t \rightarrow \alpha(X_0)$ y la

trayectoria de X_0 es también el intervalo (\bar{x}_m, ∞) recorrido en sentido decreciente.

- c) $X_0 < \bar{x}_n$ (supuesto que existe un menor punto de equilibrio \bar{x}_n). En este caso la trayectoria de X_0 es el intervalo $(-\infty, \bar{x}_n)$, recorrido en sentido creciente si $f(X_0) > 0$ – siendo $(\alpha(X_0), \infty)$, en el intervalo temporal de definición de la solución – y en sentido decreciente si $f(X_0) < 0$ – con intervalo temporal de definición $(-\infty, \omega(X_0))$ –.
- d) Si f no tiene ningún cero, entonces no hay puntos de equilibrio y la trayectoria de cualquier $X_0 \in \mathbb{R}$ es todo \mathbb{R} , recorrido en sentido creciente si $f > 0$ y en sentido decreciente si $f < 0$. En general, no se puede afirmar nada sobre la finitud o no de $\alpha(X_0)$ y $\omega(X_0)$.

Vemos entonces, que sólo hay dos tipos de trayectorias: puntos de equilibrio – correspondientes a soluciones constantes – e intervalos abiertos, acotados o no – correspondientes a los demás estados iniciales –.

Ecuación de las trayectorias

Dado el sistema autónomo

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} = f_n(x_1, \dots, x_n) \end{cases} \quad (1.39)$$

supongamos que $P = (P_1, \dots, P_n)$ no es punto de equilibrio del mismo; entonces, $f_j(P) \neq 0$ para algún $j = \{1, \dots, n\}$; sea, por ejemplo, $f_1(P) \neq 0$; en la solución correspondiente al dato inicial $X(0) = P$ se podrá invertir (localmente) la función $x_1(t)$ para tener $t = t(x_1)$ dado que

$$\frac{dx_1}{dt}(P) = f_1(P_1, \dots, P_n) \neq 0$$

Se tendrá entonces, para $|x_1 - P_1|$ pequeño

$$x_j = \psi_j(x_1), \quad j = 2, \dots, n \quad (1.40)$$

expresiones que constituyen las ecuaciones cartesianas de la correspondiente trayectoria (se ha eliminado la variable t). Las funciones (1.40) satisfacen, por la regla de la cadena,

$$\frac{d\psi_j}{dx_1} = \frac{dx_j}{dt} \frac{dt}{dx_1} = \frac{f_j(x_1, \dots, x_n)}{f_1(x_1, \dots, x_n)}$$

es decir, la trayectoria considerada satisface el sistema de ecuaciones (no autónomo)

$$\frac{dx_j}{dx_1} = \frac{f_j(x_1, \dots, x_n)}{f_1(x_1, \dots, x_n)}, \quad j = 2, \dots, n \quad (1.41)$$

Supongamos ahora que, recíprocamente, nos planteamos el problema de valor inicial para el sistema (1.41) correspondiente a la condición inicial

$$x_j(P_1) = P_j, \quad j = 2, \dots, n \quad (1.42)$$

Por el teorema de existencia y unicidad local, habrá una solución única

$$x_j = \varphi_j(x_1), \quad j = 2, \dots, n \quad (1.43)$$

de dicho problema para $|x_1 - P_1|$ suficientemente pequeño, solución que se puede *parametrizar* por t del modo siguiente:

La ecuación *autónoma*

$$\frac{dx_1}{dt} = f_1(x_1, \varphi_2(x_1), \dots, \varphi_n(x_1)) \quad (1.44)$$

tiene una solución única $x_1 = x_1(t)$ que verifica la condición inicial $x_1(0) = P_1$, definida para $|t|$ suficientemente pequeño. Formemos ahora la función $\{x_1(t), \varphi_2(t), \dots, \varphi_n(t)\}$, la cual se comprueba inmediatamente que es solución del sistema (1.39) (por (1.44) y la regla de la cadena aplicada al resto de las componentes). La trayectoria de esta solución satisface (1.41) y (1.42) y ha de ser, por unicidad, la curva dada por (1.43).

Vemos pues, que toda trayectoria de (1.39) satisface el sistema (1.41) y que toda solución de (1.41) es trayectoria de una solución de (1.39). En razón de ello, el sistema (1.41) se denomina *ecuación diferencial de las trayectorias* de (1.39). Para no destacar ninguna variable en especial, podemos escribirla en la forma llamada *simétrica*:

$$\frac{dx_1}{df_1(x_1, \dots, x_n)} = \frac{dx_2}{df_2(x_1, \dots, x_n)} = \dots = \frac{dx_n}{df_n(x_1, \dots, x_n)} \quad (1.45)$$

(para todo punto que no sea de equilibrio, alguno de los denominadores de (1.45) es distinto de cero). No hay que perder de vista que los argumentos que conducen a la ecuación de las trayectorias son válidos fuera de los puntos de equilibrio; por ejemplo, dado el sistema

$$\begin{aligned}\frac{dx_1}{dt} &= x_2(1 - x_1^2 - x_2^2) \\ \frac{dx_2}{dt} &= -x_1(1 - x_1^2 - x_2^2)\end{aligned}$$

la ecuación de las trayectorias es

$$\frac{dx_2}{dx_1} = -\frac{x_1}{x_2}$$

cuyas soluciones están dadas por $x_1^2 + x_2^2 = K^2$ con K constante arbitraria. Si no se tiene en cuenta esa advertencia, podría pensarse que para $K = 1$ se tendría la circunferencia $x_1^2 + x_2^2 = 1$ como una trayectoria más del sistema; pero obsérvese que, en realidad, todos los puntos de $x_1^2 + x_2^2 = 1$ son puntos de equilibrio, y, por tanto, cada uno de ellos es, por sí mismo, trayectoria. Así pues, el diagrama de fases está constituido por las circunferencias de centro el origen y radio arbitrario $r \neq 1$, el origen y los puntos (considerados individualmente) de la circunferencia $x_1^2 + x_2^2 = 1$

Para el objetivo propuesto de obtener una descripción lo más detallada posible del diagrama de fases, la ecuación de las trayectorias puede ser un instrumento útil; en particular, en el caso de un sistema de dos ecuaciones, pues entonces la ecuación (1.41) es escalar y cabe examinar si le es aplicable alguno de los métodos de integración elemental conocidos.

El flujo definido por un sistema autónomo. Sistemas dinámicos

Contemplando a $x(t; t_0, x_0)$, solución de (1.36) que satisface la condición inicial $X(t; 0, X_0) = X$, como una función de $n + 1$ variables, t y las n componentes del dato inicial X , se tiene una aplicación φ cuyo dominio de definición es el conjunto

$$W = \{(t, X) \in \mathbb{R} \times \mathcal{D} : t \in I(X)\} \quad (1.46)$$

y que está dada por

$$\varphi : W \ni (t, X) \rightarrow \varphi(t, X) \in \mathcal{D} \quad (1.47)$$

Es decir, φ hace corresponder a $(t, X) \in W$ el punto de la trayectoria que comienza en X que se alcanza cuando han transcurrido t unidades de tiempo.

Teorema 4. *W es un conjunto abierto en $\mathbb{R} \times \mathcal{D}$ y φ es una aplicación continua y con derivadas primeras continuas en W .*

La aplicación φ se denomina *flujo* de la ecuación diferencial $X' = f(X)$; se escribe también $\varphi(t, X) = \varphi_t(X)$. Por ejemplo, si $f(X) = AX$, siendo A una matriz $n \times n$, entonces $\varphi_t(X) = e^{At}X$.

La siguiente propiedad de la aplicación de flujo condensa, en cierto modo, las propiedades esenciales de unicidad de solución del PVI (1.37) y de «invariancia por traslaciones en el tiempo» de los sistemas autónomos que hemos utilizado repetidamente en este apartado.

Teorema 5. *La aplicación de flujo φ verifica:*

- I) $\varphi_0(X) = X$ para todo $X \in \mathcal{D}$.
- II) Si $t_2 \in I(X)$ y $t_1 \in I(\varphi_{t_2}(X))$, entonces $t_1 + t_2 \in I(X)$ y

$$\varphi_{t_1+t_2}(X) = \varphi_{t_1}(\varphi_{t_2}(X)) \quad (1.48)$$

Demostración. La afirmación *i)* es evidente. En cuanto a *ii)*, consideremos las funciones

$$\begin{aligned} y(t) &= \varphi(t, \varphi_{t_2}(X)) \\ z(t) &= \varphi(t + t_2, X) \end{aligned}$$

soluciones maximales de $X' = f(X)$; la primera por definición y la segunda por la proposición 4. Como

$$y(0) = \varphi_{t_2}(X) = \varphi(0 + t_2, X) = z(0)$$

$y(t)$ y $z(t)$ han de estar definidas en el mismo intervalo maximal — que no es otro que $I(\varphi_{t_2}(X))$ — y coinciden en él; en particular, t_1 está en dicho intervalo, por hipótesis, con lo que $t_1 + t_2 \in I(X)$ y $z(t_1) = \varphi(t_1 + t_2, X) = \varphi_{t_1+t_2}(X) = y(t_1) = \varphi(t_1, \varphi_{t_2}(X)) = \varphi_{t_1}(\varphi_{t_2}(X))$. ■

Teorema 6. *Dados $(\bar{t}, X_0) \in W$ y un entorno abierto $U \subseteq \mathcal{D}$ de X_0 tal que $\{\bar{t}\} \times U \subset W$, se tiene lo siguiente:*

- I) La aplicación $\varphi_{\bar{t}} : U \rightarrow \mathcal{D}$ dada por $X \mapsto \varphi_{\bar{t}}(X) = \varphi(\bar{t}, X)$ transforma U en un conjunto abierto.
- II) $\varphi_{\bar{t}}$ está definida en V y transforma V en U .
- III) $\varphi_{-\bar{t}}(\varphi_{\bar{t}}(X)) = X$ para todo $X \in U$, y $\varphi_{\bar{t}}(\varphi_{-\bar{t}}(y)) = y$ para todo $y \in V$.

Demostración. Dado $(\bar{t}, X_0) \in W$, ciertamente existe, por ser W abierto en $\mathbb{R} \times \mathcal{D}$, un entorno abierto $U = U(X_0) \subseteq \mathcal{D}$ tal que $(\bar{t}, X) \in W$ para todo $X \in U$, lo que quiere decir que $\bar{t} \in I(X)$ para todo $X \in U$, y, en consecuencia, está bien definida la aplicación (de clase \mathcal{C}^1 , por el teorema 4) $\varphi_{\bar{t}} : U \rightarrow \mathcal{D}$ dada por $X \mapsto \varphi_{\bar{t}}(X) = \varphi(\bar{t}, X)$.

Dado $X \in U$, la función $z(t) = \varphi(t + \bar{t}, X)$ está definida y es solución para t tal que $0 \leq t + \bar{t} \leq \bar{t}$, o sea $t \in [-\bar{t}, 0]$, y verifica $z(0) = \varphi(\bar{t}, X) := y$; por unicidad, se tendrá, en consecuencia, que $\varphi(t, y)$ está definida en $[-\bar{t}, 0]$ y $\varphi(t, y) = \varphi(t + \bar{t}, X)$ cualquiera que sea $y \in V := \varphi_{\bar{t}}(U)$. Además, por el teorema 5 $\varphi_{-\bar{t}}(\varphi_{\bar{t}}(X)) = \varphi_0(X) = X$ para todo $X \in U$ y $\varphi_{\bar{t}}(\varphi_{-\bar{t}}(y)) = \varphi(y)$ para todo $y \in V$. Queda por ver que V es abierto; sea $V^* \supseteq V$ el subconjunto maximal de W en que $\varphi_{-\bar{t}}$ está definida; V^* es abierto por ser W abierto, y como $\varphi_{-\bar{t}} : V^* \rightarrow \mathcal{D}$ es continua (por serlo φ), U es abierto por ser la imagen inversa por $\varphi_{-\bar{t}}$ del abierto V . ■

Definición 7. Sea \mathcal{D} un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y sea $\varphi : \mathbb{R} \times \mathcal{D} \rightarrow \mathcal{D}$ una aplicación de clase \mathcal{C}^1 ; para cada $t \in \mathbb{R}$ definimos una aplicación $\varphi_t : \mathcal{D} \rightarrow \mathcal{D}$ dada por $\varphi_t(X) = \varphi(t, X)$, $X \in \mathcal{D}$. Diremos que φ es un sistema dinámico (o flujo) en \mathcal{D} si se verifica

- i) $\varphi_0 : \mathcal{D} \rightarrow \mathcal{D}$ es la aplicación identidad.
- ii) $\varphi_t \cdot \varphi_s = \varphi_{t+s}$ para todo par $t, s \in \mathbb{R}$.

De la propia definición se tiene que $\varphi_t : \mathcal{D} \rightarrow \mathcal{D}$ es una aplicación \mathcal{C}^1 con inversa $(\varphi_t)^{-1} = \varphi_{-t}$ que también es \mathcal{C}^1 (basta tomar $s = -t$ en ii)). \mathcal{D} se dice que es el *espacio de estados* del sistema dinámico; para cada $X \in \mathcal{D}$, la aplicación $\varphi^X : \mathbb{R} \rightarrow \mathcal{D}$ dada por $\varphi^X(t) = \varphi(t, X)$, $t \in \mathbb{R}$, se llama *movimiento* a partir de X , y su imagen $\gamma(X) = \{\varphi^X(t) : t \in \mathbb{R}\} \subset \mathcal{D}$ es la *órbita* o *trayectoria* que pasa por X . Una trayectoria es no vacía y dos trayectorias o bien son idénticas o bien no tienen ningún punto en

común. La familia de trayectorias se denomina *diagrama de fases* del sistema dinámico.

Por ejemplo, si A es una matriz real de $n \times n$, entonces la aplicación $\varphi : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ dada por $\varphi(t, X) = e^{tA}X$ es un sistema dinámico: las propiedades que conocemos de la exponencial de matrices implican las propiedades *i*) y *ii*); este sistema dinámico está asociado a la ecuación diferencial $X' = AX$: el movimiento $\varphi^X(t) = X(t)$ satisface $X'(t) = AX(t)$ para todo $t \in \mathbb{R}$ y $X(0) = X$. En general, *de cualquier sistema dinámico se puede obtener una ecuación diferencial autónoma $X' = f(X)$* . En efecto, basta definir el campo vectorial $f(X)$ en \mathcal{D} por

$$f(X) = \left. \frac{d\varphi_t(X)}{dt} \right|_{t=0} \quad (1.49)$$

y entonces, la función $X(t) = \varphi^X(t)$ es la solución de $X' = f(X)$, definida en todo $t \in \mathbb{R}$, que satisface la condición inicial $X(0) = X$. Las trayectorias de $X' = f(X)$, son, naturalmente las trayectorias del sistema dinámico según las acabamos de definir.

Recíprocamente, los teoremas 4 y 5 obtenidos a partir de la teoría fundamental de ecuaciones diferenciales, nos dicen que un sistema autónomo $X' = f(X)$ definiría un sistema dinámico si todas sus soluciones estuviesen definidas para todo $t \in \mathbb{R}$.

1.7. Aspectos locales y globales del diagrama de fases

Dado el sistema $X' = f(X)$, nos hemos propuesto alcanzar un conocimiento lo más completo posible de sus trayectorias: aspecto general, existencia y propiedades de trayectorias distinguidas (puntos de equilibrio y órbitas cerradas, en particular), permanencia o no en un conjunto acotado, comportamiento asintótico, etc. Empezábamos en el apartado 1.6 viendo la estructura general de un diagrama de fases y veíamos después cómo en determinados casos la ecuación de las trayectorias permite, cuando $n = 2$, encontrar éstas más o menos explícitamente; así ocurre para las ecuaciones de Lotka-Volterra y los sistemas conservativos. Otras veces, un cambio a coordenadas polares hace posible obtener de forma explícita las soluciones del sistema y las correspondientes trayectorias. Incluso hay siste-

mas, como el de las ecuaciones de Lotka-Volterra con competencia intraespecífica, para los que no hay posibilidad de realizar integración elemental alguna pero cuyo diagrama de fases se puede describir mediante argumentos simples del cálculo infinitesimal combinados con las propiedades básicas de sus soluciones que derivan de la teoría fundamental resumida en el apartado 1.6.

En todos estos casos (y en algún otro, como el de los *sistemas gradiente*) se consigue un conocimiento *global* del diagrama de fases. Lo mismo ocurría con los sistemas lineales $X' = AX$, (ver [11]). En \mathbb{R}^2 , en particular, veíamos muy claramente que, cuando $\det A \neq 0$, el carácter del origen en tanto que único punto de equilibrio (punto de silla, nodo, foco o centro) determinaba la estructura global del diagrama de fases: el aspecto de las trayectorias en un entorno del origen dada la pauta de su comportamiento en todo \mathbb{R}^2 .

Para un sistema no lineal general la situación es, sin embargo, muy otra. Un sistema no lineal puede tener, por una parte, más de un punto de equilibrio y, por otra, el aspecto del diagrama de fases en el entorno de éstos no tiene por qué determinar (aun en el caso de un único punto de equilibrio) la estructura global. Consideremos, por ejemplo, los sistemas

$$\begin{cases} x' = x + y + x(x^2 + y^2) \\ y' = -x + y + y(x^2 + y^2) \end{cases} \quad (1.50)$$

$$\begin{cases} x' = x + y - x(x^2 + y^2) \\ y' = -x + y - y(x^2 + y^2) \end{cases} \quad (1.51)$$

Ambos tienen al origen $(0, 0)$ como único punto de equilibrio. Para determinar el resto de las trayectorias conviene pasar a coordenadas polares; haciendo el cambio, se tiene entonces

$$\begin{cases} r' = r(1 + r^2) \\ \theta' = -1 \end{cases} \quad (1.52)$$

$$\begin{cases} r' = r(1 - r^2) \\ \theta' = -1 \end{cases} \quad (1.53)$$

Las ecuaciones están desacopladas y se resuelven por integración elemental. La segunda ecuación de (1.52) y (1.53), que da $\theta(t) = -t + \theta_0$, dice simplemente que el radio vector rota (a favor de las agujas del reloj) a una velocidad angular constante. Integrando las ecuaciones en r se tiene para el sistema (1.52)

$$r(t) = \frac{1}{\sqrt{Ke^{-2t} - 1}}, \quad K = 1 + \frac{1}{r_0^2} > 1 \quad (1.54)$$

y para el sistema (1.53)

$$r(t) = \frac{1}{\sqrt{Ke^{-2t} - 1}}, \quad K = \frac{1}{r_0^2} - 1 > -1 \quad (1.55)$$

De acuerdo con (1.55), el intervalo maximal de definición de la solución de (1.50) correspondiente a $r(0) = r_0 = 1/\sqrt{K-1}$ y $\theta(0) = \theta_0$ es $(-\infty, \frac{1}{2} \ln K)$. El aspecto de su trayectoria es el de una espiral que se desarrolla desde el origen: cuando $t \rightarrow -\infty$, $r(t) \rightarrow 0$, $\theta(t) = -\infty$ (o sea, da vueltas sin fin), y que se va al infinito cuando $t \rightarrow \frac{1}{2} \ln K$ asintóticamente a la recta $\theta = -\frac{1}{2} \ln K + \theta_0$.

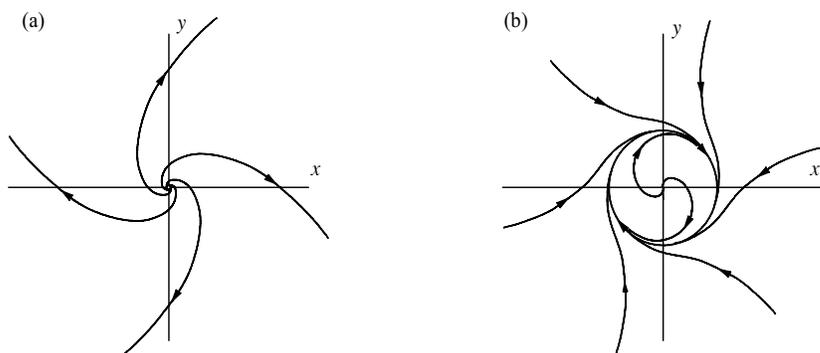


Figura 1.9

En el diagrama de fases del sistema (1.51) hay una trayectoria muy especial: la circunferencia $r = 1$, correspondiente a las soluciones de la forma $x(t) = \cos(\theta_0 - t)$, $y(t) = \sin(\theta_0 - t)$. Viene dad por (1.55) para el valor $K = 0$, pero es algo que podría haberse deducido directamente de (1.53), pues siempre que en un sistema en polares la ecuación en r' sea de

la forma $r' = f(r)g(\theta)$, los ceros de la función f , $f(\bar{r}) = 0$, $\bar{r} > 0$, determinan soluciones $\{r(t) \equiv \bar{r}, \theta(0)\}$ del sistema cuyas trayectorias, en las coordenadas cartesianas originales, son circunferencias $x^2 + y^2 = \bar{r}^2$. Las trayectorias de los puntos del círculo abierto $r < 1$ están definidas para todo $t \in \mathbb{R}$, según se deduce de (1.55), y están dadas en coordenadas polares por

$$r = \frac{1}{\sqrt{Ke^{-2\theta} + 1}}, \quad K > 0 \quad (1.56)$$

(se puede tomar $\theta_0 = \theta(0) = 0$ y, por otro lado, se tiene $r_0 = r(0) = 1/\sqrt{1+K}$). Las curvas (1.56) son espirales que se desarrollan desde el origen ($\lim_{t \rightarrow -\infty} r(t) = 0$ cuando $t \rightarrow -\infty$) y se acercan en espiral, desde el interior, a la circunferencia $r = 1$ cuando $t \rightarrow \infty$. Para $-1 < K < 0$ se tienen las trayectorias correspondientes a condiciones iniciales tales $r_0 > 1$. El intervalo maximal de definición de las soluciones de las que provienen es, según se ve en (1.55), $(1/2 \ln |K|, \infty)$. Cuando $t \rightarrow \infty$ se acercan en espiral, por el exterior, a la circunferencia $r = 1$, y se van al infinito cuando $t \rightarrow 1/2 \ln |K| < 0$ asintóticamente a la recta $\theta = 1/2 \ln |K|$.

En ambos casos, el aspecto del diagrama de fases en un entorno del origen es prácticamente el mismo: espirales que se alejan de él al crecer t , recordando el aspecto — local — de un punto espiral inestable de un sistema lineal (la aproximación lineal alrededor del origen es

$$\begin{cases} x' = x + y \\ y' = -x + y \end{cases} \quad (1.57)$$

para los dos sistemas, y el origen es, para (1.57), un punto espiral inestable). Sin embargo, las características globales, la *dinámica* de uno y otro sistema es completamente distinta. En el primero de ellos todas las trayectorias se alejan hacia el infinito (en tiempo finito) y no hay ninguna — pauta de comportamiento — a largo plazo de las soluciones del sistema. En el segundo, en cambio, la órbita $r = 1$, correspondiente a las soluciones periódicas, representa el comportamiento *estable, observable* del sistema: a largo plazo, cualquiera que sea el estado inicial del sistema, ésta mostrará, en la práctica, un comportamiento oscilatorio (la solución trivial es inestable y cualquier mínima perturbación que sufra alejará al sistema de ella para acercarse al comportamiento periódico). La órbita $r = 1$ es un ejemplo de *ciclotímite* (estable) del sistema. Se comprende que la presencia de

estem tipo de órbitas es una característica muy relevante y que serán de gran utilidad los criterios que permitan detectarlas en un sistema dado. Un resultado fundamental en este sentido es el *teorema de Poincaré-Bendixson*. Este estudio global tiene, de todos modos, un alcance limitado y, muy frecuentemente, hay que – conformarse – con un análisis local del diagrama de fases, es decir, con el aspecto que presenta en el entorno de cada uno de los puntos $X \in \mathcal{D}$ en que está definido el sistema. En este análisis local, es decisivo el que $X \in \mathcal{D}$ sea un punto de equilibrio (o singular) o un *punto ordinario* (o *regular*) del sistema, como ya era aparente en los diagramas de fases de los sistemas lineales. Se dice que $p \in \mathcal{D}$ es un *punto ordinario* o *regular* del sistema $X' = f(X)$ si $f(p) \neq 0$. En el entorno de un punto ordinario no existen, por la continuidad de f , puntos de equilibrio del sistema; por tanto, por cada punto próximo a p , como por el propio p , pasa una trayectoria y el conjunto de ésta forma, alrededor de p , un haz de curvas que no se cortan. Se tiene, con precisión, el siguiente resultado general:

Teorema 7. *Sea p un punto ordinario del sistema*

$$X' = f(X) \tag{1.58}$$

En un entorno V de p suficientemente pequeño, existe un cambio de coordenadas diferenciable

$$Y = h(X)$$

con $h(p) = 0 \in \mathbb{R}^n$, mediante el cual el sistema (1.58), en V , se transforma en el sistema

$$y'_1 = 1, \quad y'_2 = 0, \quad \dots \quad y'_n = 0 \tag{1.59}$$

correspondiendo a la solución $\phi(t, X_0)$ de (1.58), donde $X_0 \in V$ y t es tal que $\phi(t, X_0) \in V$, la solución de (1.59) $\Psi(t, h(X_0)) = h(\phi(t, X_0))$.

Las soluciones de (1.59) se calculan trivialmente:

$$y_1(t) = t + y_1^0, \quad y_2(t) = y_2^0, \quad \dots \quad y_n(t) = y_n^0 \tag{1.60}$$

la representación geométrica de sus trayectorias es asimismo inmediata: son rectas paralelas al eje y_1

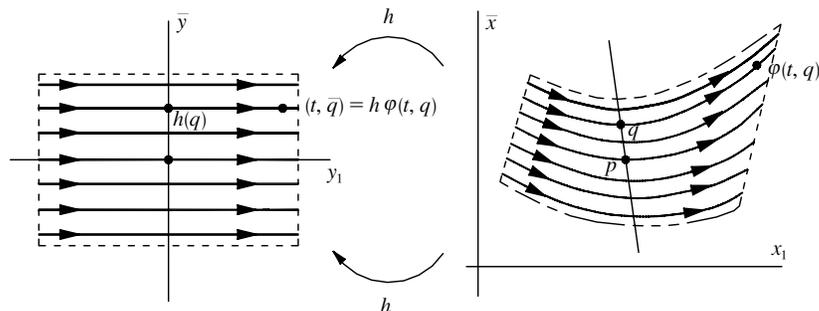


Figura 1.10

Veamos que, en el entorno de un punto ordinario p , el diagrama de fases de *cualquier* sistema autónomo es esencialmente el mismo: curvas regulares que forman un haz que, mediante un cambio de coordenadas regular, se transforman en rectas paralelas. El sistema (1.59) juega un papel, por tanto, de forma canónica de todos los sistemas autónomos en el entorno de un punto ordinario.

Ejemplo 6. Consideremos el sistema

$$\begin{cases} x_1' = x_1 \\ x_2' = -x_2 \end{cases} \quad (1.61)$$

El origen es, como sabemos, un punto de silla y las trayectorias en el entorno de un punto ordinario $p = (p_1, p_2)$ están dadas por $x_1, x_2 = \text{constante}$. Si tomamos, entonces, las nuevas coordenadas (supuesto $p_1 \neq 0$)

$$y_1 = \ln(x_1/p_1), \quad y_2 = x_1 x_2 - p_1 p_2 \quad (1.62)$$

se comprueba inmediatamente que, en (y_1, y_2) , el sistema tiene la forma $y_1' = 1, y_2' = 0$ en un entorno del origen.

Observación. 1. Si f es de clase \mathcal{C}^r , entonces h es de clase \mathcal{C}^r , por las propiedades de diferenciabilidad del flujo.

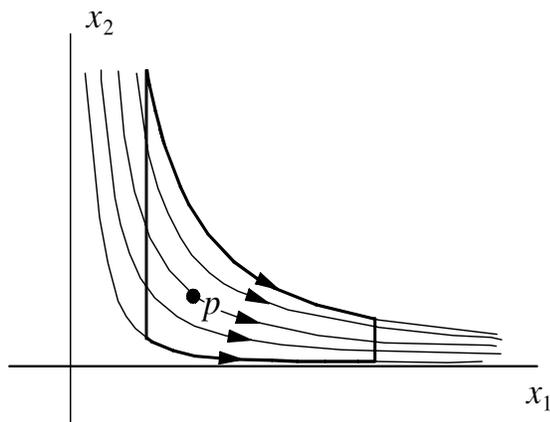


Figura 1.11

2. Dos sistemas autónomos $X' = f(X)$, $X \in V$, $y' = g(y)$, $y \in U$, se dice que son diferenciablemente equivalentes si existe un difeomorfismo $h : V \rightarrow U$ tal que $h(\varphi(t, X)) = \psi(t, h(X))$ para todo $(t, X) \in W$, siendo φ, ψ los respectivos flujos y W el abierto en el que está definido φ .
3. El teorema se denomina a veces *teorema de rectificación*, en razón de que el difeomorfismo h transforma las órbitas del sistema (1.58) en rectas (las «rectifica»).

En el análisis local del diagrama de fases que nos hemos planteado, el teorema 7 proporciona información precisa y suficiente sobre el comportamiento de las trayectorias en el entorno de un punto ordinario. La situación es muy distinta y más compleja para los puntos de equilibrio para los sistemas lineales estudiados en [11]; cabe esperar, además, que aquí, en esencia, todos los diagramas de fases son el mismo en el entorno de un punto ordinario.

Parece natural abordar el estudio del diagrama de fases en el entorno de un punto de equilibrio \bar{x} conjeturando, dado que

$$X' = f(X) = f(\bar{x}) + Df(\bar{x})(X - \bar{x}) + F(X, \bar{x}) \quad (1.63)$$

$f(\bar{x}) = 0$ y $R(X, \bar{x})$ es pequeño para X próximo a \bar{x} , que el comportamiento de las trayectorias de $X' = f(X)$ en el entorno de \bar{x} será análogo al de las trayectorias del

sistema lineal

$$y' = Ay, \quad A = Df(\bar{x}) \quad (1.64)$$

en el entorno del origen ($Y = X - \bar{x}$), comportamiento que se estudia en [11]. Los resultados de estabilidad anteriormente dan una primera respuesta a la conjetura, al menos en lo relativo al comportamiento a largo plazo de las trayectorias de puntos próximos a \bar{x} .

1. Si $\Re\lambda < 0$ para todo autovalor λ de la matriz A , existe un entorno U de \bar{x} tal que, si $X \in U$, entonces $\varphi(t, X)$ está definida para todo $t \geq 0$ y $\lim \varphi(t, X)$ cuando $t \rightarrow \infty$.
2. Si $\Re\lambda > 0$ para todo autovalor λ de la matriz A , existe un entorno U de \bar{x} tal que si $X \in U$, $X \neq \bar{x}$, $\varphi(t, X)$ sale de U , es decir, existe $t^* = t^*(X_0)$ tal que $\varphi(t, X) \notin U$ para todo $t > t^*$ y $\lim \varphi(t, X) = \bar{x}$ cuando $t \rightarrow -\infty$.
3. Si $\Re\lambda > 0$ para *algún* autovalor λ de A , se tiene que, dado un entorno U cualquiera de \bar{x} , hay trayectorias que comienzan todo lo cerca que se quiera de \bar{x} que salen de U .

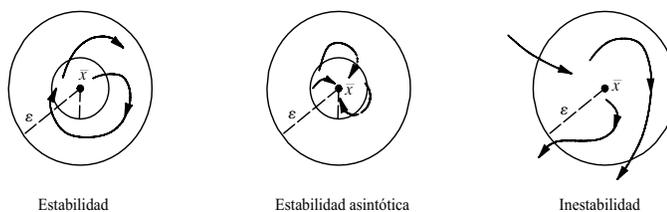


Figura 1.12: Conceptos de Estabilidad

Más generalmente, si $\Re\lambda \neq 0$ para todo autovalor λ de A , entonces existe un homeomorfismo h de un entorno V de \bar{x} sobre un entorno U de $0 \in \mathbb{R}^n$ que transforma las soluciones de $X' = f(X)$ en las del sistema (1.64).

1.8. Estabilidad de un modelo matemático

Los conceptos de estabilidad e inestabilidad están presentes en la vida cotidiana. En muchas áreas del conocimiento, se maneja dicho concepto de manera intuitiva; por ejemplo, un ingeniero dice que una estructura es estable o no lo es, un químico dice que una reacción se ha estabilizado, un economista suele decir que el precio de determinado producto es estable, un físico puede decir que el movimiento de una partícula es estable, etc.

A manera de ejemplo, consideremos el movimiento de una canica que se mueve bajo la acción de la gravedad sobre diferentes superficies, como lo muestra la figura 1.13.

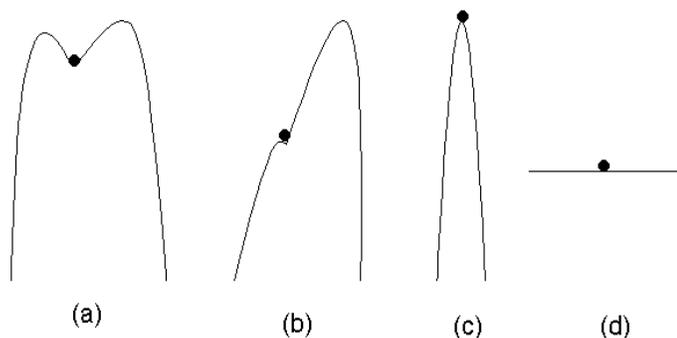


Figura 1.13

En los cuatro casos, la canica se encuentra en una posición de equilibrio, pero ¿cuál será el movimiento de la canica si la sacamos “un poco” de su estado de equilibrio y la soltamos? En los casos *a)* y *b)*, la canica se mantendrá cerca de su posición de equilibrio oscilando alrededor de ésta, pero además, debido a la fricción, la canica tenderá a ocupar dicha posición de equilibrio. En ambos casos, el equilibrio se dice ser asintóticamente estable, la única diferencia que existe en estos dos casos, es que la “perturbación” que le hagamos a la canica para sacarla de su estado de equilibrio debe ser mucho menor para el caso *b)*. Si ahora nos fijamos en la canica del caso *c)*, cualquier “perturbación” por pequeña que esta sea, la canica se alejará de su posición de equilibrio, en este caso el equilibrio es inestable. Finalmente, en *d)*, para cualquier “perturbación” pequeña de la canica, ésta permanece-

rá “cerca” de la posición de equilibrio pero no tenderá a acercarse a dicha posición de equilibrio, aquí estamos en presencia de estabilidad (no asintótica).

La estabilidad es una de las características más importantes de los sistemas dinámicos. Al analizar la estabilidad de dichos sistemas, surgen diferentes problemas según la manera en que la caracterice.

La riqueza dinámica de los sistemas no lineales presenta ciertos fenómenos que no se evidencian al estudiar los sistemas lineales. Uno de estos fenómenos es la existencia de *múltiples puntos de equilibrio aislados*. Un sistema lineal puede tener un solo punto de equilibrio aislado, y por lo tanto un sólo estado de régimen estacionario que, si el punto es asintóticamente estable, atrae al estado del sistema independientemente del estado inicial. En cambio, los sistemas no lineales pueden tener varios puntos de equilibrio, y la convergencia a uno estable depende del estado inicial. Debido a esto, resulta importante estudiar la estabilidad de los diferentes puntos de equilibrio de los sistemas no lineales para poder entender mejor el comportamiento del mismo.

Cuando formulamos un modelo, nos interesa saber, en primer lugar, si estos están bien planteados; es decir, que las soluciones del modelo son razonables. Así por ejemplo, si obtenemos soluciones negativas, nuestro modelo no es correcto, pues estas no tienen sentido para nuestro problema biológico. Una vez que hayamos corroborado que nuestros modelos tienen sentido biológico, queremos obtener conclusiones acerca del fenómeno que estamos estudiando. En nuestro caso en particular nos interesa saber bajo qué condiciones la enfermedad se propagará en la población.

Idealmente, deberíamos encontrar las soluciones analíticas de los mismos. Sin embargo, esto es prácticamente imposible para la mayoría de los modelos no lineales, y en muchos casos, aún encontrando éstas soluciones, no obtenemos gran información. Se puede también aproximar por métodos numéricos, lo cual nos daría un primer panorama de cómo son estas. Por último, podemos hacer un análisis cualitativo de los modelos, lo cual nos dirá cómo se comportan las soluciones a largo tiempo. Aunque no sepamos exactamente como son las soluciones de los modelos, el análisis cualitativo nos permite obtener información

relevante acerca del fenómeno que se está modelando. En un fenómeno físico, químico, biológico, etc., es natural preguntarse si existen *estados estacionarios* o de *equilibrio*, esto es, estados que no cambian con el tiempo.

Debido a la complejidad de muchos modelos matemáticos, en particular de algunos modelos epidemiológicos, con el tiempo se han ido desarrollando y utilizando algunos métodos específicos para el estudio de la estabilidad de los puntos de equilibrio de un sistema de ecuaciones diferenciales.

Si nuestro modelo se puede escribir de la forma $X' = AX$, con A matriz de $n \times n$, entonces la estabilidad de los puntos de equilibrio de dicho sistema puede determinarse a través de los autovalores de la matriz A . Sin embargo, el método que utilizaremos para determinar la estabilidad de los puntos de equilibrio de nuestro modelo se llama *Método indirecto de Lyapunov* el cual utiliza la matriz jacobiana de $f(X)$, en donde $X' = f(X)$, $X \in \mathbb{R}^n$. Cabe aclarar que este método se utiliza para estudiar la estabilidad de los puntos de equilibrio de un sistema no lineal.

En el siguiente apartado se detalla el procedimiento a seguir para el estudio de nuestro modelo.

Método Indirecto de Lyapunov

Sea $X = X_0$ un punto de equilibrio del sistema no lineal dado por

$$X' = f(X) = (f_1(X), f_2(X), \dots, f_n(X))$$

donde $f : \mathcal{D} \rightarrow \mathbb{R}^n$, con $\mathcal{D} \subset \mathbb{R}^n$, es continuamente diferenciable y \mathcal{D} es un entorno del origen. Sea la matriz Jacobiana

$$Df(X) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{pmatrix}$$

y calculamos los valores propios de $Df(E)$, en donde $E \in \mathbb{R}^n$ es un punto de equilibrio del sistema $X' = f(X)$. Sean λ_i ($i = 1, 2, \dots, n$) éstos valores propios, entonces se tiene

1. El punto de equilibrio es asintóticamente estable si $\Re\lambda_i < 0$, para todo i .
2. El punto de equilibrio es inestable si $\Re\lambda_i > 0$, para al menos un i .

Sabemos que para encontrar los valores propios de la matriz $Df(E)$ debemos resolver la ecuación que surge de igualar a cero el determinante $|Df(E) - \lambda I|$, donde I es la matriz identidad de $n \times n$. Es decir, debemos resolver una ecuación de grado n ; ésto se vuelve una dificultad, ya que no siempre es posible determinar las soluciones de una ecuación de grado n , sin embargo, existen métodos que nos permiten determinar qué signo, al menos, tienen las soluciones de una ecuación de grado n . Uno de esos métodos se llama *Método de Routh-Hürwitz*, el cual se muestra en el siguiente apartado.

Método de Routh-Hürwitz

Dado el polinomio

$$P(x) = a_n x^n + a_{n-1} x^{n-1} + \cdots + a_1 x + a_0 \quad a_i \in \mathbb{R}, \quad \forall i, \quad a_0 \neq 0$$

queremos determinar el número de raíces positivas que posee. Si alguno de los coeficientes es cero o negativo habiéndolo al menos un coeficiente positivo, entonces hay una raíz positiva o raíces imaginarias con parte real positiva. En caso de ser todos los coeficientes positivos,

generamos la siguiente tabla:

$$\begin{array}{c|cccc}
 x^n & a_n & a_{n-2} & a_{n-4} & \dots \\
 x^{n-1} & a_{n-1} & a_{n-3} & a_{n-5} & \dots \\
 x^{n-2} & u_1 & u_2 & u_3 & \dots \\
 x^{n-3} & v_1 & v_2 & v_3 & \dots \\
 x^{n-4} & w_1 & w_2 & w_3 & \dots \\
 \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\
 \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\
 x^0 & z_1 & & &
 \end{array} \tag{1.65}$$

en donde los valores $u_1, u_2, u_3, \dots, v_1, v_2, v_3, \dots, w_1, w_2, w_3, \dots, z_1$ se encuentran de la siguiente manera:

$$\begin{array}{c|c|c}
 u_1 = \frac{a_{n-1} \cdot a_{n-2} - a_n \cdot a_{n-3}}{a_{n-1}} & v_1 = \frac{u_1 \cdot a_{n-3} - a_{n-1} \cdot u_2}{u_1} & w_1 = \frac{v_1 \cdot u_2 - u_1 \cdot v_2}{v_1} \\
 u_2 = \frac{a_{n-1} \cdot a_{n-4} - a_n \cdot a_{n-5}}{a_{n-1}} & v_2 = \frac{u_1 \cdot a_{n-5} - a_{n-1} \cdot u_3}{u_1} & w_2 = \frac{v_1 \cdot u_3 - u_1 \cdot v_3}{v_1} \\
 u_3 = \frac{a_{n-1} \cdot a_{n-6} - a_n \cdot a_{n-7}}{a_{n-1}} & v_3 = \frac{u_1 \cdot a_{n-7} - a_{n-1} \cdot u_4}{u_1} & \\
 \vdots & \vdots & \\
 \vdots & \vdots &
 \end{array}$$

La evaluación continúa hasta que todas las restantes son cero. El criterio de Routh-Hürwitz establece que el número de raíces del polinomio con partes reales positivas es igual al número de cambios de signo de los coeficientes de la primera columna del arreglo.

Ejemplo 7. Determine si el polinomio $P(x) = x^4 + 2x^3 + 3x^2 + 4x + 5$ tiene raíces con parte real positiva.

Solución. Generamos la tabla según se vio anteriormente.

$$\begin{array}{c|ccc}
 x^4 & 1 & 3 & 5 \\
 x^3 & 2 & 4 & 0 \\
 x^2 & u_1 & u_2 & u_3 \\
 x^1 & v_1 & v_2 & v_3 \\
 x^0 & w_1 & w_2 & w_3
 \end{array}$$

$$\begin{array}{l}
 u_1 = \frac{2 \cdot 3 - 4 \cdot 1}{2} = 1 \\
 u_2 = \frac{5 \cdot 2 - 0 \cdot 1}{2} = 5 \\
 u_3 = 0
 \end{array}
 \left\| \begin{array}{l}
 v_1 = \frac{4 \cdot 1 - 5 \cdot 2}{1} = -6 \\
 v_2 = 0 \\
 v_3 = 0
 \end{array} \right\| \begin{array}{l}
 w_1 = \frac{5 \cdot (-6) - 0 \cdot 1}{-6} = 5 \\
 w_2 = 0
 \end{array}$$

Tenemos entonces nuestra tabla

$$\begin{array}{l|lll}
 x^4 & 1 & 3 & 5 \\
 x^3 & 2 & 4 & 0 \\
 x^2 & 1 & 5 & 0 \\
 x^1 & -6 & 0 & 0 \\
 x^0 & 5 & 0 & 0
 \end{array}$$

Por lo tanto, como hay dos cambios de signo en la primera columna concluimos que el polinomio $P(x)$ tiene dos raíces con parte real positiva.

Discretización de una ecuación diferencial.

Sea $x' = f(t, x)$ una ecuación diferencial. Existen varios métodos para discretizar una ecuación diferencial, sin embargo en el siguiente capítulo se utiliza el *Método de Euler* el cual consiste en lo siguiente: se considera Δx como el cambio de la variable x en un solo paso de tiempo t . Entonces $\Delta x = x_{t+1} - x_t = f(t, x_t)$, por tanto $x_{t+1} = f(t, x_t) + x_t$.

En el siguiente capítulo se estudiarán modelos aplicados a la biología y a la epidemiología pero serán modelos discretos, y se desarrollarán algunos resultados para el estudio de puntos de equilibrio de un sistema discreto y sobre la estabilidad de los mismos.

Aún si existen muchos métodos y mucho mejores para discretizar una ecuación diferencial, el objetivo principal de este trabajo no es el mostrar procedimientos profundos sobre la discretización de las ecuaciones diferenciales. Solo se pretende el poder comparar que ambos métodos, discreto y continuo, son de igual manera aplicables a un modelo matemático, y que nos llevan a las mismas conclusiones.

Capítulo 2

Teoría Básica sobre Modelos Matemáticos en Biología y Epidemiología

En los capítulos anteriores se ha estudiado y analizado la teoría básica necesaria para comprender las ecuaciones diferenciales. Ésto nos permitirá estudiar el modelaje matemático que es lo que más nos interesa para aplicarlo a un modelo específico elegido. Comenzaremos estudiando sobre modelos matemáticos que se aplican en biología y en las enfermedades epidemiológicas; y luego se aplicará lo estudiado a un modelo epidemiológico específico: un modelo para la tuberculosis.

Si se investiga el crecimiento y las interacciones de toda una población, la evolución de las secuencias de ADN, la herencia de los caracteres, o la propagación de las enfermedades, los sistemas biológicos están marcados por cambios y la adaptación. Incluso cuando parecen ser constantes y estables, a menudo es el resultado de tendencias hacia un equilibrio de los sistemas en diferentes direcciones. Un gran número de interacciones y tendencias de competencia puede hacer que sea difícil ver la totalidad de nuestro escenario inmediatamente.

¿Cómo podemos entender sistemas tan complicados como aquellos que surgen de las ciencias biológicas? ¿Cómo podemos comprobar si nuestro supuesto entendimiento de los

procesos clave es suficiente para describir cómo un sistema se comporta? El lenguaje está diseñado para hacer descripciones precisas, y para describir sistemas complicados que a menudo requieren de un *modelo matemático*.

En esta parte del trabajo, fijaremos algunos aspectos que utilizan las matemáticas para modelar procesos dinámicos en la biología. Fórmulas simples relacionan, por ejemplo, la población de una especie en determinado año. Veremos los resultados que se pueden obtener de una ecuación a través del análisis matemático, y a su vez, la formulación de una ecuación será contrastada con la observación biológica. Si bien muchos de los modelos que se examinarán pueden parecer muy simples, esta simplicidad es un punto muy importante para estudiar modelos más complicados.

Comenzaremos enfocándonos en la modelación de la forma en la que la población crece o decrece conforme pasa el tiempo. Dado que los modelos matemáticos son impulsados por las preguntas, veamos el tipo de preguntas que se pueden considerar: ¿Por qué a veces las poblaciones crecen y otras decrecen? ¿Deben las poblaciones crecer a tal punto que éstas sean insostenibles en tamaño y luego decaer? Si no es así, ¿deben las poblaciones alcanzar algún equilibrio? Si un equilibrio existe, ¿qué factores son responsables de ellos? ¿es tal equilibrio delicado que cualquier interrupción pueda hacer que termine? ¿qué determina el hecho de que una población dada siga cualesquiera uno de estos cursos?

Para comenzar a abordar estas cuestiones, comenzamos con el modelo matemático más simple sobre un cambio de población.

2.1. El modelo Malthusiano.

Supongamos que cultivamos una población de algún organismo, digamos moscas, en el laboratorio. Parece razonable que, en un día dado, la población pueda cambiar debido a nuevos nacimientos, ello haría que la población incremente debido a la adición de un cierto factor f de la la misma. Al mismo tiempo, una parte de la población d puede morir.

Aun para una población de humanos, este modelo puede aplicarse. Si asumimos que la

vida para los humanos es de 70 años, entonces podemos esperar que para una población grande, aproximadamente $1/70$ de la población puede morir cada año; así, $d = 1/70$. Si, por otra parte, asumimos que se dan cuatro nacimientos por año por cada cien personas, tenemos que $f = 4/100$. Notemos que hemos elegido *años* como unidad de tiempo en este caso.

Para modelar la población P de nuestro organismo de laboratorio, nos enfocaremos en ΔP , el cambio en la población en un solo día. Así, es lógico pensar que

$$\Delta P = fP - dP = (f - d)P$$

Esto nos indica algo simple: dada una población P , digamos $P = 500$, y la tasa de fecundidad y mortalidad, digamos $f = 0.1$ y $d = 0.03$, podemos predecir el cambio de la población $\Delta P = (0.1 - 0.03)500 = 0.07 * 500 = 35$ en un día. Así, al inicio del siguiente día la población será $P + \Delta P = 500 + 35 = 535$.

Para hacer la notación más simple, introducimos lo siguiente:

Sea

$$P_t = P(t) = \text{tamaño de la población medida en el día } t$$

así

$$\Delta P = P_{t+1} - P_t$$

es la *diferencia* o cambio en la población entre dos días consecutivos (puede haber lugar a confusión al utilizar ΔP ya que no aparece alguna dependencia del tiempo en la simbología, aun así en la práctica se suele trabajar así).

De ahora en adelante, denotaremos a la población mediante P_t , y no solo por ΔP . Tenemos entonces que

$$P_{t+1} = P_t + \Delta P = P_t + (f - d)P_t = (1 + f - d)P_t$$

Sea $\lambda = 1 + f - d$, entonces nuestro modelo de crecimiento de la población se hace más simple

$$P_{t+1} = \lambda P_t$$

Los ecólogos poblacionales a menudo se refieren a la constante λ como la *tasa finita de crecimiento* de la población (la palabra “finito” se usa para distinguir este número de

cualquier tasa instantánea, que incluya una derivada, según se ve en Cálculo).

Para los valores $f = 0.1$, $d = 0.03$, y $P_0 = 500$, que utilizamos anteriormente, nuestro modelo sería

$$P_{t+1} = 1.07P_t, \quad P_0 = 500$$

La primera ecuación, que relaciona a P_{t+1} y a P_t , es referida como una *ecuación en diferencia* y la segunda, dada por P_0 , es la *condición inicial*. Con estas dos ecuaciones, es fácil elaborar una tabla de valores de la población para varios días. Véase la siguiente tabla:

Día	Población		
0			500
1	$(1.07) * 500$	=	535
2	$(1.07)^2 * 500$	=	572.45
3	$(1.07)^3 * 500$	≈	612.52
4	$(1.07)^4 * 500$	≈	655.40
⋮			⋮

Observemos que podemos obtener una fórmula explícita para P_t

$$P_t = 500(1.07)^t$$

Para este modelo, podemos ahora fácilmente predecir poblaciones en cualquier tiempo futuro.

Puede parecer extraño llamar a $P_{t+1} = (1 + f - d)P_t$ una ecuación en diferencia, cuando la diferencia ΔP no aparece. Sin embargo, las ecuaciones $P_{t+1} = (1 + f - d)P_t$ y $\Delta P = (f - d)P$ son matemáticamente equivalentes, por esa razón no hay problema al utilizar la misma frase.

Ejemplo 8. Suponga que un organismo tiene un ciclo de vida muy rígido (el cual puede aplicarse a un insecto), en el cual, la hembra pone 200 huevos y luego muere. Luego de que los huevos eclosionan, sólo el 3% sobrevive y se convierten en hembras adultas. El resto muere o son machos. Para escribir una ecuación en diferencia para la población de hembras, escojamos t como medida en generaciones; necesitamos observar que la tasa de

mortalidad es $d = 1$ y la fertilidad efectiva será $f = 0.03(200) = 6$. Así, siguiendo el modelo discutido anteriormente tenemos que nuestro modelo será

$$P_{t+1} = (1 + 6 - 1)P_t \Rightarrow P_{t+1} = 6P_t$$

- ¿Puede esta población crecer o perecer?

Supongamos que P_0 es la población inicial de hembras. Entonces

$$P_1 = 6P_0, \quad P_2 = 6P_1 = 6^2P_0, \quad \dots, \quad P_{t+1} = 6^{t+1}P_0$$

Así, como P_0 , la población irá aumentando con el tiempo, y ésta no perecerá nunca.

- Suponga que no sabe la tasa de fecundidad, pero sabe que la población es estable (no cambia) en el tiempo. ¿Cuál debe ser la tasa de fecundidad?

Si la población es estable, entonces ésta no debe crecer ni decrecer, por lo tanto nuestro modelo debe ser de la forma

$$P_{t+1} = P_t$$

Es decir, $1 + f - d = 1$, lo que nos lleva a que $f = d$. Por consiguiente, la tasa de mortalidad debe ser igual a la tasa de fecundidad.

- Si cada hembra pone 200 huevos, ¿qué fracción de ellos debe eclosionar y ser hembras? Puesto que el 3% de los huevos se convierten en hembras, tendremos $(0.03)(200) = 6$ hembras.

¿Qué es una ecuación en diferencia?

Ahora que hemos visto una ecuación en diferencia, podemos intentar dar una definición:

Definición 8. Una ecuación en diferencia es una fórmula que expresa valores de alguna cantidad Q en términos de valores previos de Q . Así, si $F(x)$ es cualquier función, entonces

$$Q_{t+1} = F(Q_t)$$

es llamada una **ecuación en diferencia**.

Como ejemplo, podemos mencionar el ejemplo anterior, en donde $F(x) = \lambda x$, que es una fórmula sencilla, pero en otras ocasiones, F será más complicado.

En el estudio de las ecuaciones en diferencia, podemos abordar dos cuestiones importantes:

1. ¿Cómo podemos encontrar una ecuación en diferencia apropiada que modele nuestra situación?
2. ¿Cómo podemos entender el comportamiento de la ecuación en diferencia de nuestro modelo una vez lo hallemos?

Si bien es cierto que estas dos cosas son difíciles de lograr, se puede aprender observando cómo otras personas utilizan las ecuaciones en diferencia y luego intentar crear nuestros propios modelos. Con respecto a la comprensión de lo que la ecuación en diferencias nos puede decir, por lo general, no siempre podremos encontrar una fórmula explícita como sucedió con P_t , que describe la población de insectos. En lugar de ello, pueden desarrollarse técnicas cualitativas para obtener información, aunque un poco menos precisa del modelo. La ecuación en diferencia estudiada en esta sección es algunas veces llamada un *modelo exponencial o geométrico*, ya que el modelo tiene comportamiento exponencial. Cuando se aplica este modelo a una población en particular, se le asocia el nombre de Thomas Malthus. Los matemáticos, sin embargo, tienden a enfocarse en la forma de la ecuación $P_{t+1} = \lambda P_t$ y dicen que el modelo es *lineal*. Esta terminología puede causar confusión al inicio, pero puede ser importante: un *modelo lineal produce crecimiento y decrecimiento exponencial*.

2.2. Modelos no lineales.

El modelo Malthusiano predice que la población crece exponencialmente. Sin embargo, tal predicción no puede ser certera para un largo tiempo. Después de todo, las funciones exponenciales crecen rápidamente y sin límite; y de acuerdo a tal modelo, tarde o temprano habrán más organismos que el número de átomos en el universo. El modelo estudiado en la sección anterior puede estar pasando por alto un importante factor. Para ser más realistas

en nuestro modelo, necesitamos reexaminar las suposiciones que fueron consideradas en ese modelo.

La principal falla es que hemos asumido que las tasas de fecundidad y mortalidad para nuestra población son las mismas sin importar el tamaño de la población. De hecho, cuando una población crece, parece más razonable que haya mayor número de muertos y menos fecundidad. Combinando estos factores, podemos decir que, así como el tamaño de la población crece, la tasa de crecimiento debería decrecer. Necesitamos, por tanto, una modificación en nuestro modelo de modo que la tasa de crecimiento dependa del tamaño de la población; esto es, la tasa de crecimiento debe ser dependiente de la densidad.

- ¿Qué factores biológicos pueden ser los causantes de la dependencia de densidad?
- ¿Por qué una población grande tiene un decrecimiento en la tasa de mortalidad y/o decrecimiento en la tasa de nacimiento?

Creando un modelo no lineal.

Para diseñar un mejor modelo, es mejor centrarnos en $\Delta P/P$, el cambio de la población por individuo, o la tasa de crecimiento per-cápita sobre un instante de tiempo. Una vez hallamos entendido la tasa de crecimiento per-cápita y encontrado una fórmula para describirlo, podremos obtener una fórmula para ΔP .

Para valores pequeños de P , la tasa de crecimiento per-cápita debe ser grande, ya que podemos imaginar a una pequeña población con muchos recursos disponibles en su ambiente, tal que éstos soporten su crecimiento. Sin embargo, para valores grandes de P , el crecimiento per-cápita debe ser mucho más pequeño, ya que los individuos compiten por alimento y espacio. Para valores aun más grandes de P , la tasa de crecimiento per-cápita debe ser negativa, ya que eso significaría que la población debe decaer.

Es razonable entonces asumir que $\Delta P/P$, como función de P , tiene una gráfica parecida a la que se muestra en la figura 2.1.

Es claro que no podemos decir exactamente cómo luce la gráfica de $\Delta P/P$ sin recolectar algunos datos. Tal vez la gráfica deba ser cóncava en algún instante. Sin embargo, éste es un buen intento para crear un mejor modelo.

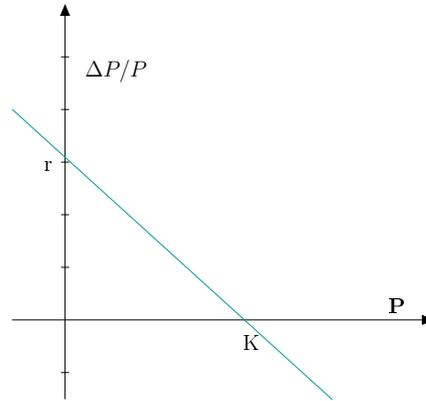


Figura 2.1: Tasa de crecimiento per-cápita como función del tamaño poblacional.

Para el modelo Malthusiano $\Delta P/P = r$, así la gráfica de la tasa de crecimiento per-cápita es una línea horizontal (no hay ni crecimiento ni decrecimiento en $\Delta P/P$).

En contraste, la pendiente de recta de la figura 2.1 para un modelo improvisado nos lleva a la fórmula $\Delta P/P = mP + b$, para algún $m < 0$ y $b > 0$.

$$\frac{\Delta P}{P} = mP + b = b \left(1 + \frac{m}{b} P \right) = r \left(1 - \frac{P}{K} \right), \quad \text{con } K = -b/m \text{ y } r = b.$$

Notemos que $K > 0$, ya que $m < 0$.

Ahora, sabemos que $P_{t+1} = P_t + \Delta P$, entonces

$$P_{t+1} = P_t + P_t r \left(1 - \frac{P_t}{K} \right) = P_t \left(1 + r \left(1 - \frac{P_t}{K} \right) \right)$$

Nuestra ecuación en diferencia es, entonces, $P_{t+1} = P_t \left(1 + r \left(1 - \frac{P_t}{K} \right) \right)$. Este modelo es generalmente referido como el *modelo logístico discreto*, aunque, desafortunadamente, otros modelos también se les conoce por ese nombre.

El parámetro K y r en nuestro modelo tiene interpretaciones directas en biología. Primero, si $P < K$, entonces $\Delta P/P > 0$, es decir, con una tasa de crecimiento per-cápita, la población crecerá. Por otro lado, si $P > K$, entonces $\Delta P/P < 0$, es decir, con una tasa de crecimiento per-cápita la población tenderá a decrecer. Al número K se le conoce como *capacidad* del ambiente, porque representa el número máximo de individuos que puede soportar en un largo período.

Sin embargo, cuando la población es pequeña (es decir, mucho más pequeña que K), el factor $1 - P/K$ en la tasa de crecimiento per-cápita se acerca a 1. Por lo tanto, para valores pequeños de P , nuestro modelo se aproxima a

$$P_{t+1} \approx (1 + r)P_t$$

En otras palabras, r juega el papel de $f - d$, la tasa de natalidad menos la tasa de mortalidad, en nuestro modelo lineal que vimos anteriormente. El parámetro r simplemente refleja la manera en que la población puede crecer o decrecer en ausencia de efectos de la dependencia de la densidad cuando la población es muy inferior a la capacidad. La terminología estándar para r es que es *la tasa finita de crecimiento intrínseca*. “Intrínseca” se refiere a la ausencia de dependencia de densidad, mientras “finita” se refiere al hecho que estamos usando intervalos de tiempo de longitud finita, más bien que el intervalo infinitesimal de una ecuación diferencial.

Existen muchas maneras diferentes en las que se puede escribir un modelo logístico, dependiendo de si se utiliza ΔP o P_{t+1} y si también puede multiplicarse por diferentes factores. Un punto clave que nos puede ayudar a reconocer este modelo es que ambos, ΔP y P_{t+1} , están expresados como polinomios cuadráticos en términos de P_t . Además, estos polinomios no tienen término constante. Así, el modelo logístico es el modelo no lineal más simple que podemos obtener.

Iterando el modelo.

Así como con el modelo lineal, nuestro primer paso para entender este modelo es escoger algunos valores particulares para los parámetros r y K , y para la población inicial P_0 , y calcular valores futuros de la población. Por ejemplo, escogiendo K y r de modo que $P_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10))$ y $P_0 = 0.4346$, obtenemos la siguiente tabla:

t	P_t	t	P_t
0	0.4346	7	7.8792
1	0.7256	8	9.0489
2	1.1967	9	9.6514
3	1.9341	10	9.8869
4	3.0262	11	9.9652
5	4.5034	12	9.9895
6	6.2362

Si medimos el tamaño poblacional en unidades como miles, o millones de individuos, entonces no hay razón para que la población sea entera. Para algunas especies, tales como los peces de valor comercial, puede ser más apropiado utilizar unidades de masa o peso, como toneladas, por ejemplo.

Otra razón por la cual valores no enteros de la población no son muy preocupantes, aún si utilizamos unidades de individuos, es que solamente estamos interesados en intentar aproximar un tamaño poblacional. No esperamos que nuestro modelo nos de predicciones exactas. Tan largos como sean los números, podemos ignorar partes fraccionarias sin pérdidas significativas.

En la tabla anterior, vimos que la población se incrementaba hacia la capacidad de la misma, que era 10, como habíamos esperado. Al inicio este incremento parece suave, luego aumenta su velocidad y luego vuelve a bajar. Trazando los valores poblacionales, se tiene la figura 2.2.

Puede observarse que el gráfico muestra el patrón de forma sigmoide (gráfica en forma parecida a una S) que a menudo aparece en datos de experimentos de laboratorios controlados en los cuales las poblaciones se incrementan en ambientes limitados. Biológicamente, entonces, hemos hecho algunos progresos; tenemos un modelo más realista que describe el crecimiento poblacional.

Matemáticamente, las cosas no son tan agradables. A diferencia del modelo lineal, no hay fórmula obvia para P_t que surja a partir de nuestra tabla. De hecho, la única manera para

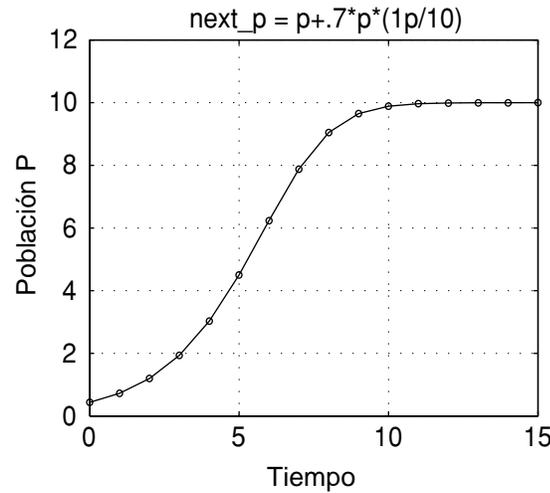


Figura 2.2: Valores poblacionales de un modelo no lineal.

obtener el valor de P_{100} parece ser crear una tabla con 100 entradas. Hemos perdido la facilidad de obtener predicciones futuras de la población.

Esto es algo con lo que simplemente tenemos que aprender a vivir: aunque los modelos no lineales son a menudo más realistas para utilizar, no podemos obtener generalmente fórmulas para las soluciones de las ecuaciones en diferencia no lineales. En lugar de ello, debemos confiar más en las técnicas gráficas y experimentos numéricos para darnos una idea del comportamiento del modelo.

2.3. Analizando modelos no lineales.

Así como el modelo lineal produce crecimiento exponencial, los modelos no lineales (como el modelo discreto logístico) pueden producir una amplia variedad de comportamientos complicados.

En esta sección veremos algunos de los diferentes tipos de comportamientos y desarrollaremos algunas herramientas simples para estudiarlos.

Transitorios, equilibrio, y estabilidad.

Es de mucha ayuda distinguir muchos aspectos del comportamiento de un modelo dinámico. Algunas veces encontramos sin tener en cuenta nuestro valor inicial, luego de que varios intervalos de tiempo hayan transcurrido, el modelo parece tomar cierto patrón. Los primeros pasos de la iteración, sin embargo, pueden no indicarnos de lo que pase luego de un largo tiempo. Por ejemplo, con el modelo logístico discreto $P_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10))$ y muchos valores iniciales P_0 , las primeras iteraciones del modelo producen cambios importantes relativos en P_t conforme se avance hacia 10. Este temprano comportamiento se le conoce como *transitorio*, porque al final es reemplazado con un tipo de comportamiento diferente. No obstante, eso no significa que no sea importante, ya que una población en el mundo real puede experimentar interrupciones que mantienen el comportamiento en estado transitorio.

Usualmente, lo que nos preocupa más es el comportamiento a largo tiempo del modelo. La razón para esto es que a menudo esperamos que el sistema que estamos estudiando haya sido perturbado lo suficiente por los individuos que han muerto. A menudo (pero no siempre) el comportamiento a largo plazo es independiente de la población inicial. En el modelo

$$P_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10))$$

el comportamiento a largo plazo para varios valores iniciales fue por la población que se mantenía cerca de $K = 10$. Note que si $P_t = 10$, entonces $P_{t+1} = 10$, y por lo tanto, la población nunca cambia. Así, $P_t = 10$ es un *equilibrio* (o *estado fijo* o *punto fijo*) del modelo.

Definición 9. *Un valor de equilibrio para un modelo $P_{t+1} = F(P_t)$ es un valor P^* tal que $P^* = F(P^*)$. Equivalentemente, para un modelo $\Delta P = G(P_t)$, es un valor P^* tal que $G(P^*) = 0$.*

Encontrar valores de equilibrio es solo un problema de resolución de la ecuación de equilibrio. Por ejemplo, para el modelo $P_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10))$ queremos encontrar un P^* tal que

$$P^* = P^*(1 + 0.7(1 - P^*/10));$$

resolviendo tenemos:

$$\begin{aligned}
 P^* &= P^*(1 + 0.7(1 - P^*/10)) \\
 \implies P^* - P^*(1 + 0.7(1 - P^*/10)) &= 0 \\
 \implies P^*(1 - 1 - 0.7(1 - P^*/10)) &= 0 \\
 \implies P^* = 0 \text{ ó } -0.7(1 - P^*/10) = 0 \\
 \implies P^* = 0 \text{ ó } P^* = 10
 \end{aligned}$$

El equilibrio puede tener diferentes características cualitativas, sin embargo. En nuestro ejemplo, $P^* = 0$ y 10 son dos equilibrios, pero una población cerca de 0 tiende a moverse lejos de 0 , mientras que uno cerca de 10 tiende a moverse hacia 10 . Así, 0 es un equilibrio *estable* o repelente, y 10 es un equilibrio *estable* o atractor.

Asumiendo que nuestro modelo se acerca mucho a nuestra población real, los equilibrios estables son los únicos que tenderemos a observar en la naturaleza. Dado que un sistema biológico puede experimentar pequeñas perturbación de nuestro modelo idealizado, aun si una población está exactamente en un equilibrio, al menos podemos esperar que los resultados estén un poco alejados por factores que afectan nuestro modelo.

Si está acotado por un equilibrio estable, tenderá hacia él. Por otro lado, si está acotado por un equilibrio inestable, se alejará de él. Aunque el equilibrio inestable es importante para entender el modelo como un todo, no son valores de la población que debemos realmente esperar para observar por largo tiempo en el mundo real.

Linealización.

Nuestro próximo objetivo es determinar qué causa que algunos equilibrios sean estables y otros inestables.

La estabilidad depende en qué pasa cerca de un equilibrio; así, para enfocar nuestra atención en las cercanías de P^* , consideremos una población $P_t = P^* + p_t$, donde p_t es un número muy pequeño que nos dice qué tan lejos está la población del equilibrio. A p_t se le llama *la perturbación* del equilibrio y nos interesa en cómo cambia. Por lo tanto, calculamos

$$P_{t+1} = P^* + p_{t+1}$$

y lo utilizamos para encontrar p_{t+1} . Si p_{t+1} es mayor que p_t en valor absoluto, entonces sabemos que P_{t+1} se aleja de P^* . Si p_{t+1} es menor que p_t , entonces P_{t+1} tenderá hacia P^* . Siempre y cuando podamos analizar cómo cambia p_t para todos los valores pequeños de p_t , estaremos en la capacidad de decidir si el equilibrio es estable o inestable. Una perturbación que crece significa inestabilidad, mientras que una disminución significa estabilidad. En estos casos estamos ignorando el signo de la perturbación ya que estamos sólo considerando su valor absoluto. Aunque eventualmente es importante entender en qué afecta el signo, es irrelevante cuando hablamos de estabilidad.

Ejemplo 9. Consideremos nuevamente el modelo $P_{t+1} = P_t(1+0.7(1-P_t/10))$, que sabemos cuyos equilibrios son $P^* = 0$ y $P^* = 10$.

- Primero, investigaremos $P^* = 10$. Como se mencionó antes, sea $P_t = 10 + p_t$ y $P_{t+1} = 10 + p_{t+1}$, entonces

$$\begin{aligned} 10 + p_{t+1} &= P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10)) \\ &= (10 + p_t)^{(10+0.7(10)-0.7(10+p_t))/10} \\ &= (1 + 0.1p_t)(10 + 7 - 7 - 0.7p_t) \\ &= 10 - 0.7p_t + p_t - 0.07p_t^2 \end{aligned}$$

Así, $p_{t+1} = 0.3p_t - 0.07p_t^2$, pero como estamos analizando para valores bien pequeños de p_t , entonces p_t^2 es mucho más pequeño en comparación con p_t , entonces

$$p_{t+1} \approx 0.3p_t$$

Entonces tenemos que p_{t+1} es más pequeño que p_t , así concluimos que $P^* = 10$ es un equilibrio estable del modelo.

- Si $P^* = 0$ entonces tenemos $P_{t+1} = 0 + p_{t+1} = p_{t+1}$ y $P_t = p_t$, así

$$P_{t+1} = p_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10)) = 0.1p_t(10 + 0.7(10) - 0.7p_t) = 1.7p_t - 0.07p_t^2$$

De igual manera como se hizo para $P^* = 10$, estamos considerando valores muy pequeños de p_t y por tanto se tiene que p_t^2 es mucho más pequeño en comparación a p_t ; por consiguiente podemos prescindir de él, y obtendríamos

$$p_{t+1} \approx 1.7p_t$$

así, tenemos que $p_{t+1} > p_t$. Por lo tanto, el equilibrio $P^* = 0$ es un equilibrio inestable.

Podemos pensar en el número 0.3 como un *factor de estiramiento* que nos dice qué tanta perturbación existe a partir del equilibrio.

El procedimiento desarrollado en este ejemplo se le conoce como *linealización* del modelo en el equilibrio, porque primero nos enfocamos en las cercanías del equilibrio mediante nuestra sustitución $P_t = P^* + p_t$, y luego ignoramos los términos de grado mayor que 1 en p_t . Lo que queda al final es justamente un modelo lineal que se aproxima al modelo original. Los modelos lineales, como ya hemos visto, son fáciles de entender, porque ellos producen crecimiento o decrecimiento exponencial.

En general, cuando el factor de estiramiento es mayor que 1 en valor absoluto, el equilibrio es inestable. Cuando es menor que 1 en valor absoluto, el equilibrio es estable.

Una nota sobre cálculo.

En cálculo, el proceso de linealización puede parecerse mucho a la aproximación de la gráfica de una función mediante su recta tangente. Para desarrollar aun más esta idea, expresemos el factor de estiramiento como la razón $\frac{p_{t+1}}{p_t}$, para valores pequeños de p_t . Pero

$$\frac{p_{t+1}}{p_t} = \frac{P_{t+1} - P^*}{P_t - P^*} = \frac{F(P_t) - P^*}{P_t - P^*} = \frac{F(P_t) - F(P^*)}{P_t - P^*}$$

donde $P_{t+1} = F(P_t)$ es la ecuación que define el modelo. Dado que estamos solo interesados en valores de P_t que sean muy cercanos a P^* , ésta última expresión se acerca mucho a

$$\lim_{P_t \rightarrow P^*} \frac{F(P_t) - F(P^*)}{P_t - P^*}$$

Pero este límite es, por definición, nada más que $F'(P^*)$, la derivada de la función que define nuestro modelo. A partir de esto, tenemos nuestro siguiente resultado:

Teorema 8. *Si un modelo $P_{t+1} = F(P_t)$ tiene un equilibrio P^* , entonces $|F'(P^*)| > 1$ implica que P^* es inestable; mientras que $|F'(P^*)| < 1$ implica que P^* es estable. Si $|F'(P^*)| = 1$ entonces esta información no es suficiente para determinar la estabilidad.*

Ejemplo 10. Utilizando el mismo modelo $P_{t+1} = P_t(1 + 0.7(1 - P_t/10))$ tenemos que $F(P) = P(1 + 0.7(1 - P/10))$. Entonces

$$F'(P) = 1 + 0.7(1 - 0.1P) + P(-0.07) = 1 + 0.7 - 0.07P - 0.07P = 1.7 - 0.14P$$

Así, $F(0) = 1.7$ y $F(10) = 1.7 - 1.4 = 0.3$, lo cual corrobora nuestros resultados del ejemplo anterior.

Note que, en este ejemplo, el valor de $F'(10)$ (y el de $F'(0)$) que hemos encontrado es exactamente el mismo valor del factor de estiramiento que encontramos en el ejemplo anterior. La derivada puede ser interpretada como una medida de qué tanto una función “estira” los valores relacionados con ella.

El enfoque que no utiliza el cálculo es el más intuitivo y esclarece las ideas más esenciales, probablemente. La debilidad de este método es que sólo funciona para modelos que contienen fórmulas algebraicas simples. Si el modelo tiene, por ejemplo, exponenciales u otras funciones complicadas, solo el álgebra puede no funcionar. Así, cuando las cosas se vuelvan complicadas, el cálculo es una poderosa herramienta para el análisis.

Cuando linealicemos para determinar estabilidad, es vital que nos enfoquemos sobre un equilibrio. Es decir, no hay que decidir si un punto es estable o inestable sin antes asegurarnos que es un equilibrio del modelo. Por ejemplo, si tratamos de linealizar a F en 11 en el ejemplo anterior, podríamos no concluir algo favorable ya que 11 no es un equilibrio.

2.4. Variaciones en el modelo logístico.

En la presentación del modelo logístico discreto en las secciones anteriores, intentamos mantener el modelo lo más simple posible para enfocarnos en las principales ideas. Ahora que los conceptos de equilibrio y estabilidad han sido tratados, podemos prestar más atención a producir modelos más realistas.

Cuando consideramos a la gráfica de P_{t+1} como función de P_t (ver la figura 2.3), para el modelo $P_{t+1} = P_t(1 + r(1 - P_t/K))$, una característica obvia inmediata que no es realista es el hecho que la parábola cae por debajo del eje horizontal a medida que P_t se mueve hacia infinito. Esto significa que para poblaciones grandes P_t se vuelve negativo en el siguiente

paso. Aunque podemos interpretar una población negativa como extinta, este puede no ser el comportamiento que pueda estar pasando y además puede no ser el modelo que queremos describir.

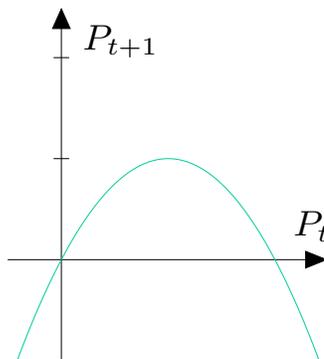


Figura 2.3: Modelo con $P_{t+1} < 0$ para valores grandes de P_t .

Tal vez un modelo más razonable produzca valores pequeños (pero positivos) de P_{t+1} para valores grandes de P_t . Así, una población que este sobrecargada puede decaer inmediatamente, pero al final alguna parte de la población podría sobrevivir. Gráficamente, P_{t+1} debe depender de P_t así como muestra la figura 2.4.

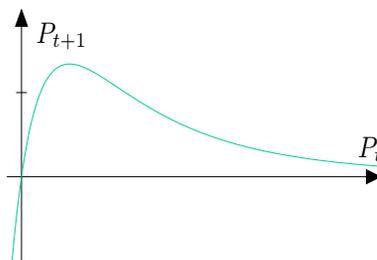


Figura 2.4: Modelo con $P_{t+1} > 0$.

Una función que produce tal gráfica es $F(P) = Pe^{r(1-P/K)}$. El exponencial en esta fórmula produce el decaimiento conforme nos movamos hacia infinito, mientras que el factor P provoca que la gráfica vaya en aumento cerca del origen.

El modelo $P_{t+1} = P_t e^{r(1-P_t/K)}$ es algunas veces llamado el modelo logístico discreto y otras veces es referido como el modelo Ricker, por haber sido el primero en usarlo. Veamos los

equilibrios de este modelo:

$$\begin{aligned}
 P^* &= P^* e^{r(1-P^*/K)} \\
 \implies P^* - P^* e^{r(1-P^*/K)} &= 0 \\
 \implies P^*(1 - e^{r(1-P^*/K)}) &= 0 \\
 \implies P^* = 0 \text{ ó } 1 - e^{r(1-P^*/K)} = 0 \\
 \implies e^{r(1-P^*/K)} = 1 &\implies r(1 - P^*/K) = 0 \\
 \implies P^* = 0 \text{ ó } P^* = K
 \end{aligned}$$

Por lo tanto, los equilibrios del modelo son $P^* = 0$ y $P^* = K$.

Es importante darse cuenta que la fórmula es la que produce las características cualitativas gráficas. Si una extraña fórmula nos da la impresión de que su gráfica es la que necesitamos, esa es suficiente justificación para usarla.

Para motivar aun más el modelo Ricker, regresemos a la gráfica del cambio de la población per-cápita $\Delta P/P$ como función de P , el que inicialmente nos motivó a desarrollar el modelo logístico. Nuestra razón para elegir la fórmula

$$\frac{\Delta P}{P} = r \left(1 - \frac{P}{K} \right)$$

era para producir la tendencia inclinada mostrada en la figura ??.

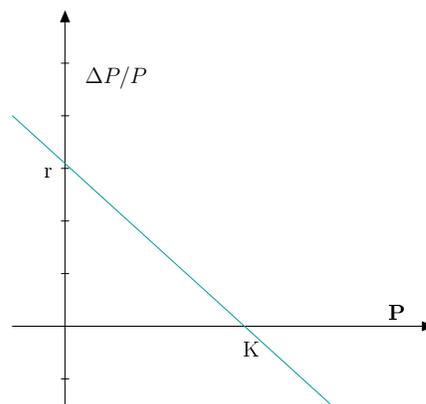


Figura 2.5: Tasa de crecimiento per-cápita para el modelo logístico.

¿Como podemos mejorar esto?

Primero, es imposible para la población per-cápita ser menor que -1 , porque eso significaría más de una muerte per-cápita. Eso significaría que nuestra gráfica debería lucir más como muestra la figura 2.6.

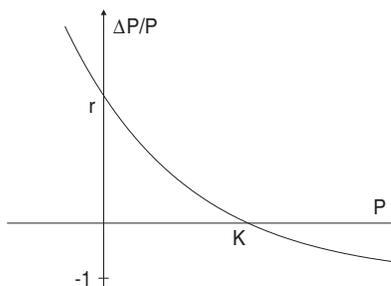


Figura 2.6: Tasa de crecimiento per-cápita para un nuevo modelo.

Como podemos observar, parece que su forma de decrecer se parece mucho al de una exponencial movida una unidad hacia abajo, eso nos llevaría a pensar en una fórmula como la siguiente

$$\frac{\Delta P}{P} = ae^{-bP} - 1$$

para algunos $a, b > 0$. Para obtener la forma tradicional del modelo Ricker, hagamos algunos cambios de variable. Sea $b = r/K$ y $a = e^r$, entonces el modelo se convierte en

$$\begin{aligned} \frac{\Delta P}{P} &= e^r \cdot e^{-r/KP} - 1 \\ &= er - r/KP - 1 \\ &= e^{r(1-P/K)} - 1 \end{aligned}$$

Ahora, recordando que $P_{t+1} = P_t + \Delta P$ tenemos:

$$P_{t+1} = P_t + \Delta P = P_t + P_t(e^{r(1-P/K)} - 1) = P_t e^{r(1-P/K)}$$

En este caso, K también representa la capacidad de la población.

Volvamos a $\Delta P/P$ y veamos que el término $e^{r(1-P/K)} = 1$ cuando $P = K$. Así, tenemos que $e^{r(1-P/K)} < 1$ cuando $P > K$, por lo tanto $\Delta P/P < 0$; mientras que $e^{r(1-P/K)} > 1$ cuando $P < K$, por lo tanto $\Delta P/P > 0$.

Claramente, la curva de $\Delta P/P$ no tiene porque tener exactamente un decrecimiento exponencial. Para modelar una población con exactitud necesitamos recolectar datos de cómo

la población en el tiempo $t + 1$ depende del tamaño de la población en el tiempo t . Entonces, podremos graficar el punto (P_t, P_{t+1}) y buscar una fórmula que se ajuste a tales puntos.

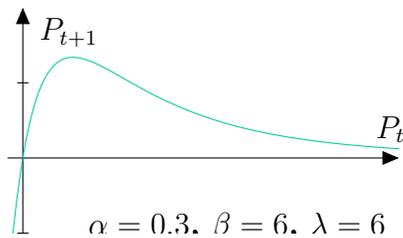
Por otro lado, como el modelo Ricker tiene dos parámetros, r y K , variándolos podremos lograr que la curva se ajuste razonablemente.

Otro modelo de uso frecuente es

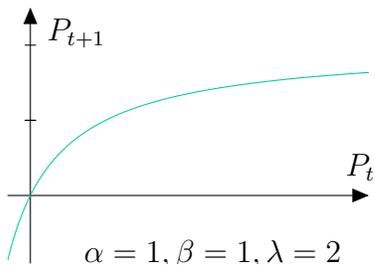
$$P_{t+1} = \frac{\lambda P_t}{(1 + \alpha P_t)^\beta}$$

Aunque el significado de los números λ , α y β que aparecen en este modelo pueden no estar claros en términos biológicos, teniendo tres parámetros nos permite tener más libertad en la forma de la curva para ajustarlo a los datos.

Veamos cómo se comportan las gráficas para dos diferentes elecciones de valores de los parámetros, y veamos un ejemplo para cada una de ellas.



La primera gráfica, que decae sobre el eje horizontal representa una competencia por recursos entre individuos, donde cada individuo simplemente obtiene menos recursos si la población es grande. Así, toda la población se ve afectada cuando ésta es grande. Un largo valor de P_t es tal que nos deja un valor muy pequeño de P_{t+1} ; es decir, entre más grande sea P_t , más pequeño será P_{t+1} .



La segunda gráfica, que llega a equilibrarse sobre el eje horizontal representa una contienda, en el cual si la población excede la capacidad, algunos individuos obtienen todos los recursos, y otros obtienen nada. Cualquier valor grande de P_t , es por tanto, como si nos condujera al mismo valor de P_{t+1} .

Estas dos gráficas describen drásticamente diferentes dinámicas poblacionales. Claramente muchas poblaciones muestran comportamientos que combinan ambos aspectos de estos dos tipos de competencia y también puede ser que sus gráficos se encuentren en el medio de éstas dos.

Comentarios sobre modelos continuos y discretos.

En este capítulo, hemos discutido modelos utilizando ecuaciones en diferencia, los cuales han sido construidos en tiempos discretos y finitos. Una alternativa es usar ecuaciones diferenciales, las cuales asumen cambios continuos. Ambas, las ecuaciones en diferencia y las diferenciales son usadas para modelar a través de la ciencia y en muchas maneras ellos tienen una teoría paralela.

Las ecuaciones diferenciales son algunas veces más dóciles para soluciones analíticas que las ecuaciones en diferencia. Por ejemplo, la ecuación logística tiene una solución explícita. Antes de que existieran las computadoras, las ecuaciones diferenciales eran las elecciones primordiales para modelar, ya que se podía obtener más progresos en entender tales modelos. Para ciertos campos, tal como la fisiología (modelando por ejemplo, cuestiones como el flujo sanguíneo a través del corazón) y la física, donde las cosas parecen cambiar continuamente, las ecuaciones diferenciales son las elecciones naturales.

Las ecuaciones en diferencia son más apropiadas en situaciones en las cuales existen pasos discretos. Un ejemplo puede ser el modelar poblaciones de insectos, las cuales tienden a tener historias de vida un poco más rígidas, con estados de desarrollos y tramos de vida bien definidos. Ahora que las computadoras están disponibles, las ecuaciones diferenciales pueden ser estudiadas por medio de experimentos numéricos.

De hecho, dado que para muchos modelos complicados de ecuaciones diferenciales no es posible resolverlos explícitamente, a menudo se recurre a utilizar computadoras para ejecutar simulaciones. Dado que las computadoras trabajan de manera discreta, los modelos deben primero transformarse a una forma discreta. Esto puede significar el uso de un enfoque diferente como por ejemplo el método de Euler para aproximar ecuaciones dife-

renciales. Al final, las ecuaciones en diferencias y las diferenciales son herramientas válidas para investigar sistemas biológicos. Los cursos de cálculo y ecuaciones diferenciales son necesarios para futuros modelajes biológicos.

Aunque conceptualmente las ecuaciones diferenciales son más simples, las ecuaciones en diferencia muestran comportamientos más complicados. Por ejemplo, el modelo logístico discreto puede mostrar comportamientos cíclicos o caóticos, pero el modelo logístico continuo nunca lo hace. Sin embargo, algunos modelos de ecuaciones diferenciales que son suficientemente complicados pueden también producir comportamientos cíclicos y caóticos.

Modelos Lineales de Poblaciones Estructuradas.

En la sección anterior, primero discutimos el modelo lineal cuya ecuación en diferencia era $P_{t+1} = \lambda P_t$, el cual resulta tener crecimiento o decrecimiento exponencial. Luego de haber criticado este modelo por no ser lo suficientemente realista, buscamos modelos no lineales que pudiesen resultar con dinámicas un poco complicadas.

Sin embargo, nuestros modelos en el capítulo anterior eran más simples, ya que consideran a todos los individuos de una población como iguales. En muchas poblaciones hay muchos subgrupos cuyo vital funcionamiento puede ser muy diferente, hablando de la población como una totalidad. Por instantes, en los humanos, la tasa de mortalidad para niños es mucho más alta que para niños más grandes. También, los niños cuya edad está anted de la pubertad no contribuyen a la tasa de natalidad. Aun entre adultos, las tasas de mortalidad no son constantes, ya que por ejemplo, tienden a elevarse con las edades avanzadas.

En las poblaciones no humanas, las diferencias pueden ser más extremas. Los insectos, por ejemplo, pasan por distintos estados en su vida, tal como huevo, larva, pupa, y adulto. Las tasas de mortalidad pueden variar grandemente entre estos diferentes estados, y sólo los adultos son capaces de reproducirse. También las plantas pueden tener varios estados de vida, como por ejemplo una semilla dormida, vástagos, sin flores, y con flores. ¿Cómo puede un modelo matemático tener en cuenta la estructura grupal que nosotros esperamos

que tenga y que juegue un gran papel en la determinación del crecimiento o decrecimiento de manera global de tales poblaciones?

Para crear tales modelos estructurados, nos enfocaremos en los modelos lineales. Aun sin recurrir a las fórmulas no lineales, podemos discernir en cómo las poblaciones con distintos grupos de edades, o estados de desarrollo, pueden comportarse. Finalmente, vemos que el comportamiento de estos nuevos modelos lineales es un poco similar al crecimiento o decrecimiento exponencial del modelo lineal del capítulo anterior, con algunos cambios importantes e interesantes.

2.5. Modelos Lineales de Interacciones.

Durante un largo rato, nuestra atención ha estado enfocada en modelar poblaciones simples. Sin embargo hemos dividido una sola población en subgrupos, tales como por etapas de edad o de desarrollo, y los hemos tratado como si no fueran afectados por otras especies o poblaciones con los cuales pueden compartir el medio ambiente. Aunque estos modelos nos han proporcionado de valiosos puntos de vista de cómo los tamaños poblacionales pueden cambiar, ahora nos centraremos en interacciones entre especies o poblaciones.

Muchos de los seres vivientes interactúan con muchos compañeros de hábitat. Aprovechándose de otras especies, ya sean plantas o animales, es una manera común de conseguir energía; muchos organismos están en riesgo de ser depredados entre ellos mismos. Pero no todas las importantes interacciones entre animales son tan obvias. Las especies pueden encontrarse en competencia por recursos limitados, ya sea comida o espacio, así el crecimiento de una población es perjudicada por la otra. Recíprocamente, también ocurre que muchas especies interactúan de modo que ambos salgan beneficiados. Un ecosistema real puede tener cientos o miles de poblaciones que interactúan, con interacciones directas o indirectas entre ellos. ¿Cómo podemos entender los efectos de estas interacciones sin que se pierda la complejidad de todo?

Para comenzar a entender las dinámicas de las poblaciones que interactúan en tales sistemas, comenzaremos enfocándonos en sólo dos poblaciones y en un sólo tipo de interacción.

Las preguntas que nos podrían guiar son modificaciones de aquellas que ya nos hemos preguntado cuando modelamos una sola población. Por ejemplo, ¿cuáles fórmulas matemáticas pueden modelar una interacción tal como la de un depredador y su presa? ¿puede una especie desaparecer, y si es así, porqué? ¿alcanzan las poblaciones algún equilibrio, oscilan o saltan salvajemente? ¿puede un sistema de poblaciones que interactúan, mostrar estabilidad, y si lo hacen, bajo qué circunstancias?

Un modelo simple Depredador - Presa

Imagine dos especies, una de las cuales, el depredador, se alimenta de la otra, la presa. Para mantener las cosas simples, imaginemos que la interacción depredador-presa entre estas especies es el detalle más importante que determina el tamaño poblacional. Un ejemplo de esto puede ser, liebres y zorros confinados en una isla. Las liebres son la fuente primaria de alimento para los zorros, y los zorros proveen la principal limitante del crecimiento desenfrenado de la población de liebres.

Aún para especies que experimentan muchas otras interacciones, el modelo que desarrollaremos puede ser visto como un primer paso para entender un factor que contribuye a la dinámica poblacional.

Sea P_t el tamaño de la población de presas y Q_t la población de depredadores en el tiempo t . Necesitamos escoger ecuaciones

$$\Delta P = F(P, Q)$$

$$\Delta Q = G(P, Q)$$

que nos den el cambio de población en cada una de las poblaciones en un paso de tiempo en término de ambas poblaciones. Pero, ¿cuáles son las expresiones apropiadas para ambas ecuaciones?

Primero, es útil pensar en cómo dos poblaciones pueden cambiar en la ausencia del otro. Por ejemplo, es razonable asumir para la presa que si no hay depredadores alrededor, la población puede describirse mediante el modelo logístico discreto

$$\Delta P = rP(1 - P/K) \quad \text{en ausencia de depredadores}$$

Si asumimos que la fuente de alimento de los depredadores es la presa, entonces podemos esperar que la población de depredadores decae en la ausencia de la presa

$$\Delta Q = -uQ \quad \text{en ausencia de presas}$$

Aquí, u debe ser una constante positiva tal que $u < 1$, dado que $-u$ nos da la tasa per-cápita de mortalidad.

Para introducir la interacción de especies, incluiremos términos que contengan el producto PQ . Este producto tiene muchas características cualitativas que lo hacen un buen candidato para describir interacciones. Si ambas poblaciones, P y Q , son pequeñas, así deberíamos esperar un pequeño efecto en la interacción, entonces PQ es pequeño. Si ambos P y Q son grandes, podemos esperar mayores efectos en las interacciones, por tanto PQ es grande. Si uno de los dos es pequeño y el otro es grande, entonces el producto PQ estaría en un valor medio. Más importante, si P o Q se incrementan (al menos uno de ellos), así podemos esperar que las interacciones crezcan, entonces PQ se incrementaría. El producto PQ , entonces, se comporta más o menos como nos gustaría que nos diera una descripción de la cantidad de interacción que podemos esperar entre las poblaciones.

Modelamos las dos poblaciones mediante

$$\begin{aligned}\Delta P &= rP(1 - P/K) - sPQ \\ \Delta Q &= -uQ + vPQ\end{aligned}$$

Aquí, s y v , ambos denotan constantes positivas. El término $-sPQ$ describe un efecto perjudicial de la interacción depredador-presa sobre la presa, mientras que el término vPQ describe un efecto beneficioso de la interacción sobre el depredador. No hay razón para esperar que los valores de s y v tengan el mismo valor, ya que el depredador puede beneficiarse más que la presa, o la presa puede beneficiarse más que el depredador.

El uso de un término como PQ para modelar interacciones poblacionales es algunas veces llamado una ley de *acción de masas*. Una manera de justificar esto es imaginar individuos moviéndose de manera aleatoria en dos poblaciones de tamaños P y Q y mezclándose homogéneamente. Entonces, en un cierto intervalo de tiempo, podemos esperar que la oportunidad de que se encuentren dos individuos de diferentes poblaciones puede ser PQ .

Una fracción de estos encuentros puede ser suficientemente significativo para resultar en kPQ depredaciones durante un paso de tiempo. Note que un término de acción de masa en un modelo significa que la ecuación es no lineal; aunque este es un término de interacción bastante simple, podemos tal vez esperar dinámicas complicadas.

Reescribiendo nuestro modelo depredador-presa en términos de la población y de los términos P_t y Q_t tenemos

$$\begin{aligned}P_{t+1} &= P_t(1 + r(1 - P_t/K)) - sP_tQ_t \\Q_{t+1} &= (1 - u)Q_t + vP_tQ_t\end{aligned}$$

con r , s , u , v , y K constantes positivas y $u < 1$.

Con cualquier modelo, obtener ideas precisas de los valores de los parámetros a través de datos recolectados mediante el estudio experimental de las poblaciones puede ser un poco difícil. Para los valores de las constantes que aparecen en los términos interacción-especies es tal vez aún más difícil de tener una aproximación intuitiva y que sean apropiados que para los valores r y K del modelo logístico. Por el momento, es suficiente sólo saberlo, tan largos como sean s y v , más fuerte es el efecto en la interacción depredador-presa.

El plano fase.

Para ser más concretos, consideremos que los parámetros tienen como valores

$$K = 1, \quad r = 1.3, \quad s = 0.5, \quad u = 0.7, \quad \text{y } v = 1.6$$

entonces el modelo sería

$$\begin{aligned}P_{t+1} &= P_t(1 + 1.3(1 - P_t)) - 0.5P_tQ_t \\Q_{t+1} &= 0.3Q_t + 1.6P_tQ_t\end{aligned}$$

¿Cuáles son los medios apropiados para estudiar el comportamiento de estos modelos básicos depredador-presa?

La primer cosa por hacer es simplemente tomar algunos valores iniciales (P_0, Q_0) , calcular una lista larga de futuras poblaciones, y graficar la población con respecto al tiempo. Por ejemplo, con $(P_0, Q_0) = (1.10, 0.40)$, se produce la tabla siguiente

t	P_t	Q_t	t	P_t	Q_t
0	1.10	0.40	11	0.57	1.44
1	0.74	0.83	12	0.48	1.74
2	0.68	1.22	13	0.39	1.85
3	0.55	1.71	14	0.34	1.70
4	0.40	2.00	15	0.34	1.43
5	0.31	1.89	16	0.46	1.21
6	0.30	1.51	17	0.46	1.12
7	0.34	1.17	18	0.52	1.16
8	0.44	0.99	19	0.54	1.33
9	0.54	0.99	20	0.50	1.56
10	0.60	1.15

Graficando las poblaciones como función del tiempo se produce la figura 2.7.

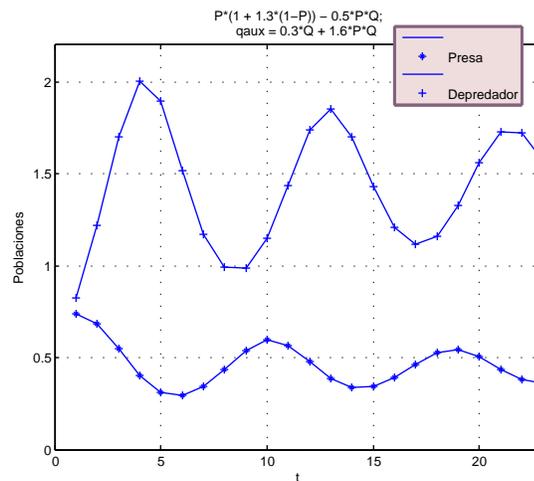


Figura 2.7: Gráfico de un modelo Depredador – Presa.

Aquí vemos que, las poblaciones parecen oscilar pero las oscilaciones también parece que decrecen en amplitud.

Podríamos volver a hacer este experimento numérico con más pasos de tiempo y variar

las poblaciones iniciales y ver que las elecciones más razonables parecen conducir a un establecimiento alrededor de $(P^*, Q^*) \approx (0.4, 1.5)$.

Ahora, podríamos querer producir algún tipo de diagrama de red. Después de todo la red es muy útil para comprender modelos simples no lineales, tales como el modelo logístico discreto. Esto nos lleva directamente a pensar en la idea de equilibrio y estabilidad. Desafortunadamente, con dos valores poblacionales P_t y Q_t , dándonos dos nuevos valores P_{t+1} y Q_{t+1} , podríamos necesitar cuatro dimensiones para graficar dicha gráfica.

En su lugar, introducimos un nuevo tipo de gráfico al cual llamaremos *plano fase*. Antes que grafiquemos P_t y Q_t como funciones de t como en la figura anterior, etiquetamos nuestros ejes P y Q , y colocamos un pequeño punto en el punto que representa a (P_0, Q_0) . Luego, colocamos otro pequeño punto en (P_1, Q_1) y dibujamos una línea desde nuestro primer punto hacia éste último. Luego, graficamos (P_2, Q_2) y lo conectamos con su anterior, y continuamos conectando cada par de puntos consecutivos representando el tamaño poblacional. En el caso de la última tabla, está representada en la figura 2.8.

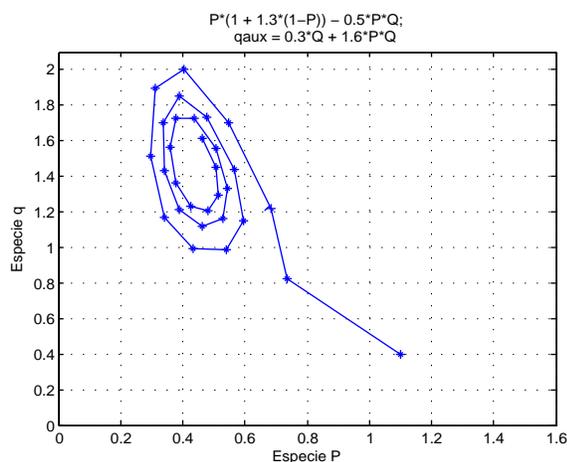


Figura 2.8: Gráfico del plano fase de un modelo depredador – presa.

La sucesión de puntos $\{(P_k, Q_k)\}_{k \in \mathbb{N}}$ se le llama *población orbital*. Sin embargo, podemos sólo graficar un número finito de puntos en una órbita, ya que realmente continúa así. Puede, sin embargo, alcanzar un punto de equilibrio, en tal caso podríamos necesitar graficar el mismo punto repetidas veces.

Note que puede haber alguna pérdida de información cuando se produce el plano fase. Por ejemplo, a menos que etiquetemos todos los puntos, no sabremos qué valor de t le corresponde a cada punto (P_t, Q_t) que hemos graficado. Claro está, que podemos seguir las líneas que conectan los puntos en una órbita, contando los pasos, para darnos una idea del valor de t , pero podríamos aún necesitar saber de dónde comenzar. Es una buena idea al menos etiquetar el punto cuando $t = 0$, así sabríamos la dirección correcta que debemos seguir en la órbita. Dibujando varias órbitas en el mismo plano fase, puede obtenerse una idea del comportamiento del modelo.

Muchas de las órbitas en este gráfico, se enrollan hacia adentro, y en sentido contrario a las agujas del reloj, se acercan a $(0.45, 1.5)$. Unas cuantas órbitas, como las que comienzan alrededor de $(1.56, 0.66)$ se apartan del gráfico. Algunas otras, como las que comienzan alrededor de $(1.35, 0.42)$, dan un paso en dirección a las agujas del reloj antes de caer en el patrón general de la progresión en el sentido contrario a las agujas del reloj. A pesar de algunas excepciones, este gráfico nos muestra una notable regularidad cualitativa en el comportamiento del tamaño poblacional a través del tiempo, sin tener en cuenta los valores iniciales. Ciertamente podríamos estar tentados a decir que hay un equilibrio estable alrededor de $(0.45, 1.5)$, dado que la mayoría de las poblaciones parecen estar dibujadas hacia ese punto.

El hecho de que el modelo depredador-presa a menudo presente repetidas oscilaciones es intrigante. ¿Puede ser posible para una interacción depredador-presa dar lugar a oscilaciones estables que, al menos esas en las figuras, no estén “amortiguadas”? ¿pueden dos poblaciones en la realidad tener tamaños poblacionales cíclicos sin fin?

Pero antes de entrar en especulaciones, debemos reflexionar en la situación biológica que estamos estudiando para asegurarnos de que no estamos siendo engañados. ¿Existen de verdad poblaciones de depredadores y presas que se comporten de una manera oscilatoria, aunque sea por un corto tiempo?

Ciertamente, existe una extensa evidencia de que una población grande de presas es seguida por un crecimiento de depredadores, el cual es seguido por un decrecimiento de presas, luego, es seguido por un decrecimiento de depredadores. Un ejemplo obvio son los humanos cazadores sobre-explotando sus recursos alimenticios. Pájaros e insectos, así como los pares de mamíferos depredador-presa, también muestran tal crecimiento y decrecimiento. Más aún, estos ciclos están “amortiguados” por un equilibrio, o lleva a un exterminio de la población. Existe una evidencia errónea dada por la naturaleza de oscilaciones a largo plazo, aunque repetidos experimentos de laboratorio que han sido cuidadosamente controlados han mostrado estas oscilaciones.

Oscilaciones prolongadas de tamaño constante podrían requerir un muy delicado balance que difiere en las poblaciones reales. Matemáticamente, decimos que tales sistemas son *estructuralmente inestables* cuando leves cambios en el modelo causan que las oscilaciones o se encojan o crezcan. Debido a las complejidades de los sistemas biológicos, numerosos factores quedan fuera de nuestro modelo para evitar regularidades, oscilaciones de tamaño constante para continuar por un tiempo muy corto.

Equilibrios de modelos multipoblacionales.

El plano fase es una buena herramienta para explorar en cómo el comportamiento de un modelo en particular depende del valor inicial utilizado. A menudo, observamos que una órbita salta un poco antes de entrar en cierto patrón. Así como para los modelos de una sola población, llamamos al comportamiento mostrado en los pasos primeros en una órbita *transitorio*. Con frecuencia, en lo que estamos más interesados son en los *equilibrios* del modelo.

Definición 10. Para un modelo de dos poblaciones dadas por $P_{t+1} = F(P_t, Q_t)$ y $Q_{t+1} = G(P_t, Q_t)$, un equilibrio es un punto (P^*, Q^*) con $P^* = F(P^*, Q^*)$ y $Q^* = G(P^*, Q^*)$. Para un modelo dado en la forma $\Delta P = f(P, Q)$ y $\Delta Q = g(P, Q)$, es un punto (P^*, Q^*) con $f(P^*, Q^*) = 0$ y $g(P^*, Q^*) = 0$.

Así, cuando las poblaciones están en equilibrio, *ninguna* de las dos poblaciones pueden cambiar en el futuro.

La solución para el equilibrio no es tan difícil para nuestro modelo depredador-presa, así como para el modelo logístico, sin embargo, hay dos ecuaciones simultáneas que resolver:

$$\begin{aligned}P^* &= P^*(1 + 1.3(1 - P^*)) - 0.5P^*Q^* \\Q^* &= 0.3Q^* + 1.6P^*Q^*\end{aligned}$$

Reduzcamos cada ecuación lo más que se pueda:

$$\begin{aligned}P^* &= P^*(1 + 1.3(1 - P^*)) - 0.5P^*Q^* \\ \implies 0 &= P^* - P^*(1 + 1.3(1 - P^*)) + 0.5P^*Q^* \\ \implies 0 &= P^*(1 - (1 + 1.3(1 - P^*)) + 0.5Q^*) \\ \implies 0 &= P^*(1 - 1 - 1.3(1 - P^*) + 0.5Q^*) \\ \implies 0 &= P^*(-1.3 + 1.3P^* + 0.5Q^*)\end{aligned}\tag{2.1}$$

$$\begin{aligned}Q^* &= 0.3Q^* + 1.6P^*Q^* \\ \implies 0 &= Q^* - 0.3Q^* - 1.6P^*Q^* \\ \implies 0 &= Q^*(1 - 0.3 - 1.6P^*) \\ \implies 0 &= Q^*(0.7 - 1.6P^*)\end{aligned}\tag{2.2}$$

De (2.1) y (2.2) tenemos nuestro sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned}P^*(-1.3 + 1.3P^* + 0.5Q^*) &= 0 \\ Q^*(0.7 - 1.6P^*) &= 0\end{aligned}\tag{2.3}$$

De (2.3) tenemos:

- Si $P^* = 0$ entonces $Q^* = 0$.
- Si $Q^* = 0$ entonces $P^* = 1$.
- Si $P^* = 0.4375$ entonces $Q^* = 1.4625$

Así, tenemos los 3 equilibrios: $(0, 0)$, $(1, 0)$ y $(0.4375, 1.4625)$.

Los dos primeros equilibrios son fáciles de entender: Obviamente $(0, 0)$ es un equilibrio que tiene explicación biológica por sí solo; si ambas poblaciones son 0, se quedarán así.

El equilibrio $(1, 0)$ puede simplemente corresponder a no tener depredadores, por tanto la presa se mantiene en su capacidad de carga de 1 en el modelo logístico. El tercer equilibrio es tal vez el más interesante y es el único que se observa al trazar las órbitas en el plano fase. Curiosamente, la presencia de predadores parece haber hecho decaer la población de las presas a un tamaño que está bien abajo de la capacidad de carga.

Escogiendo valores particulares para los parámetros del modelo ha limitado nuestra percepción. En lugar de encontrar los equilibrios para una sola elección de los parámetros, puede ser más útil tener fórmulas para los equilibrios en términos de los parámetros. Para encontrarlos, volvamos a nuestro modelo depredador-presa (tomando como capacidad de carga $K = 1$):

$$\begin{aligned} P_{t+1} &= P_t(1 + r(1 - P_t)) - sP_tQ_t \\ Q_{t+1} &= (1 - u)Q_t + vP_tQ_t \end{aligned}$$

Los equilibrios son:

$$\begin{aligned} P^* &= P^*(1 + r(1 - P^*)) - sP^*Q^* \\ \implies 0 &= P^* - P^*(1 + r(1 - P^*)) + sP^*Q^* \\ \implies 0 &= P^*(1 - (1 + r(1 - P^*))) + sQ^* \\ \implies 0 &= P^*(1 - 1 - r(1 - P^*) + sQ^*) \\ \implies 0 &= P^*(-r + rP^* + sQ^*) \\ \implies 0 &= P^*(r(P^* - 1) + sQ^*) \end{aligned} \tag{2.4}$$

$$\begin{aligned} Q^* &= (1 - u)Q^* + vP^*Q^* \\ \implies 0 &= Q^* - (1 - u)Q^* - vP^*Q^* \\ \implies 0 &= Q^*(1 - (1 - u) - vP^*) \\ \implies 0 &= Q^*(u - vP^*) \end{aligned} \tag{2.5}$$

Entonces, tenemos;

- Si $P^* = 0$ entonces $Q^* = 0$.
- Si $Q^* = 0$ entonces $P^* = 1$.
- Si $P^* = \frac{u}{v}$ entonces $Q^* = \frac{r}{s} \left(1 - \frac{u}{v}\right)$

Por lo tanto, tenemos que los equilibrios para nuestro modelo depredador-presa son:

$$(0, 0), (1, 0), \text{ y } \left(\frac{u}{v}, \frac{r}{s} \left(1 - \frac{u}{v} \right) \right)$$

Se pueden utilizar estas fórmulas para ver cómo cambian los equilibrios si los parámetros se varían.

Suponga que nuestro modelo se aplica a cierto cultivo agrícola (la presa) y un insecto que se la come (el depredador). Para obtener una mejor producción, una nueva variedad de cultivo se introduce con un valor más grande de r . La capacidad de carga no cambia, pero esperamos que supere al depredador, para que se pueda terminar con una cosecha mayor. Pero, de acuerdo a nuestro modelo, asumiendo que el sistema entra en equilibrio, puede causar que P^* se mantenga invariable mientras que Q^* se incremente. En otras palabras, el depredador actualmente se beneficia mientras que la presa gana nada.

Aunque esto puede parecer sorprendente al principio, en una reflexión posterior puede convencerse que es razonable. Aún si lo encuentra irrazonable o no, de acuerdo a nuestra observación de una interacción real depredador-presa, y por lo tanto decide rechazar nuestro modelo por ser no aplicable, al menos se ha aprendido algo. Escribiendo matemáticamente nuestras suposiciones sobre la interacción depredador-presa en la forma de un modelo y luego analizándolo, fuimos capaces de deducir consecuencias de nuestras suposiciones. Si estas suposiciones no concuerdan con la población real, entonces necesitamos volver a pensar nuestras hipótesis e intentar ver qué importantes características de la situación real ha omitido nuestro modelo.

Aún si nuestros objetivos son más teóricos, y no estamos interesados en predecir precisamente futuras poblaciones, el modelo matemático es una herramienta tanto para expresar nuestras creencias en cuanto a qué factores influyen en los cambios de población, como para deducir los efectos de los factores por sí solos. Si los efectos deducidos no concuerdan con las observaciones, hemos descubierto una brecha en nuestro conocimiento. Identificando tal brecha puede verse como un progreso al intentar producirse un mejor modelo y comprendiendo las interacciones entre las especies. Claro, podemos analizar el efecto de variar u y v en el equilibrio, y pensar en las implicaciones biológicas.

2.6. Modelando enfermedades infecciosas.

A través de la historia, devastadoras epidemias de enfermedades infecciosas han acabado con grandes porcentajes de la población humana. A mediados del siglo **XIV**, la Muerte Negra, una plaga epidémica, mato a más o menos una tercera parte de la población europea. Más recientemente, en 1918, un brote de gripe mató a un estimado de 20 millones de personas, aún más muertes que en la Primera Guerra Mundial. En nuestros tiempos, la pandemia del síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA) ha traído incalculables sufrimientos personales y pérdidas sociales. El Centro de Control de Enfermedades (CCE) estima que, desde 1981 hasta el 2001, aproximadamente 21 millones de personas han muerto de SIDA en todo el mundo. Millones de personas de todo el mundo actualmente están infectados con el virus del síndrome de inmunodeficiencia humana (VIH) en un 95 % de los países en desarrollo.

Sin embargo, avances médicos han reducido las consecuencias de algunas enfermedades infecciosas, previniendo infecciones que es en primer lugar, lo más preferible. El descubrimiento de vacunas no sólo nos da un medio de protección como individuos, sino también, y quizás más importante desde un punto de vista de salud pública, un medio para prevenir repentinos y extensos brotes.

Una vez que al vacuna ha sido descubierta, ¿debe ser usada? ¿cada individuo en la sociedad requiere ser inmunizado para ciertas enfermedades, sin tener en cuenta sus propios deseos? ¿un programa de vacunación vale la pena si el costo de la vacuna es alto o difícil de administrar? si sólo aquellos que estan en un mayor riesgo a una enfermedad son inmunizados ¿puede ser eso suficiente para prevenir epidemias? si la vacuna implica riesgos de salud para aquellos que la reciben ¿cuándo esos riesgos valen la pena? ¿cuáles grupos, en términos de edad o interacciones sociales, deben ser el objetivo de los programas de vacunación? Preguntas de este tipo no pueden ser contestadas así por así. Características individuales de enfermedades y las sociedades deben tenerse en cuenta. Sin embargo, comprender la dinámica de la transmisión de las enfermedades es esencial para hacerles frente, y el modelaje matemático puede jugar un papel aquí.

Una vez que un modelo ha sido formulado, pueden capturarse las principales características del progreso y transmisión de una enfermedad en particular en una población, puede usarse para predecir el efecto de diferentes estrategias para la erradicación o control de enfermedades. Aunque factores políticos, sociales y económicos juegan un gran papel en el establecimiento de políticas de salud, comprender la dinámica de contagios es un paso importante. La erradicación mundial de la viruela, a través de un cuidadoso desarrollo de una campaña de vacunación iniciada por la Organización Mundial de la Salud en 1967, es un ejemplo notable de lo que se puede lograr con un plan bien diseñado. Con el modelado de enfermedades infecciosas, aunque a menudo inexactos, tienen un enorme potencial para ayudarnos a mejorar vidas humanas.

Anteriormente, hemos discutido los modelos matemáticos más simples utilizados por biólogos para entender las interacciones poblacionales. Ahora hay que desarrollar esas ideas en el contexto particular de las enfermedades infecciosas. Podríamos enfocarnos en dar interpretaciones significativas a los parámetros claves que aparecen

Modelos epidemiológicos elementales

En el modelaje de la dinámica de una enfermedad, nos enfocamos en la población en la cual ocurre. Los modelos que hemos considerado asumen que N , el tamaño total de la población, es constante. Ignoramos complicaciones que podrían resultar de nuevos nacimientos o inmigraciones. Aunque modelos más complicados pueden considerar estos factores, nuestra suposición es un poco razonable. Por ejemplo, si queremos modelar la propagación de la brucelosis en un rebaño, durante el plazo de interés de la población de ganado es poco probable ganar nuevos miembros.

Podemos también asumir que la población bajo estudio está mezclada de manera homogénea; todos los miembros de la población interactúan con otro de su misma condición. Esto significa que todos los individuos no infectados enfrentan el mismo riesgo al exponerse a la enfermedad con aquellos que ya están infectados. Otra vez, esto puede ser poco razonable:

en un rebaño bovino, podemos esperar que todos los miembros interactúen aproximadamente igual con otro.

Para comenzar a formular nuestro modelo, en cada tiempo t , dividimos la población N en tres categorías;

S_t : la clase *susceptible*, todos aquellos que pueden coger la enfermedad pero actualmente no están infectados.

I_t : la clase *infectada*, aquellos que están infectados con la enfermedad y actualmente son contagiosos.

R_t : la clase *removida*, aquellos que no pueden obtener la enfermedad, porque ya sea se hayan recuperado permanentemente, son inmunes por naturaleza, o han muerto.

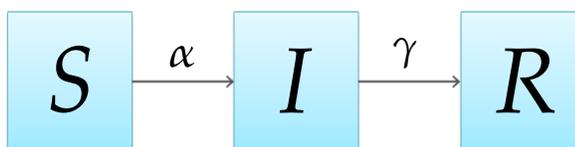
Note que continuamos contando cualquier muerte en R_t ya que es más conveniente matemáticamente de mantener constante el número de individuos. Más aún, ya que la población es constante se tiene

$$S_t + I_t + R_t = N$$

Si le seguimos la pista al tamaño de la clase de infectados I_t probablemente nos da la clara indicación del curso de un brote de una enfermedad típica. Para que una enfermedad ocurra, I_t debe incrementarse. Un incremento grande en un solo paso representa una rápida propagación del brote, mientras que un incremento pequeño indica una propagación gradual. Así, la magnitud del cambio en el número de infectados, ΔI , mide la virulencia de una epidemia. Podemos esperar una gráfica de I_t que se eleva, según la población se vuelva más y más infectada. En el tiempo, sin embargo, se es posible para los individuos recuperarse, la clase de infectados I_t comienza a decrecer en tamaño (es decir $\Delta I \leq 0$). Hasta ese punto, la gráfica de I_t comienza a decrecer y la epidemia comienza a calmarse. Note, sin embargo, que hemos asumido que la enfermedad que estamos discutiendo es una tal que los infectados se recuperan. Dado que eso no es cierto para todas las enfermedades infecciosas, deberíamos prestar una cuidadosa atención a tales suposiciones cuando tratemos un modelo de enfermedades en particular.

El Modelo *SIR*

El modelo epidémico más simple utiliza las tres clases mencionadas anteriormente. En este modelo *SIR*, los miembros de una población progresan en orden a través de las tres clases: los susceptibles se mantienen libres de la enfermedad o se convierten en infectados; los infectados pasan por un período de infección hasta que son removidos permanentemente de las garras de la enfermedad; y los individuos removidos no están en riesgo nunca más. Esquemáticamente, pensamos en el modelo como el siguiente



Un brote de varicela en una escuela primaria puede describirse bien por un modelo *SIR*. Los estudiantes que han sido infectados pueden recuperarse y nunca tendrán varicela otra vez, ya que la inmunidad resulta de haber estado infectado. Otros ejemplos de enfermedades humanas que se ajustan a la estructura *SIR*, al menos aproximadamente, incluye las variantes estacionales del virus de la influenza que se desarrollan cada año. Una vez que un individuo se ha recuperado de una infección, ellos son inmunes a esa variante en particular de por vida.

La enfermedad se propaga cuando un individuo susceptible entra en contacto con un individuo infectado y posteriormente se vuelve infectado. Matemáticamente, una medida razonable del número de encuentros entre los individuos susceptibles e infectados, asumiendo que están mezclados homogéneamente, está dado por el producto $S_t I_t$. Esto es simplemente el principio de acción de masas utilizado para la interacción de poblaciones en el capítulo anterior.

Sin embargo, no todos los contactos entre los individuos saludables y los enfermos resultan en infección. Utilizamos α , el *coeficiente de transmisión*, como una medida de la probabilidad de que un contacto entre un susceptible y un infeccioso resulte en una nueva infección. Dado que el número de susceptibles S_t decrece cuando los susceptibles se

enferman, la ecuación en diferencia que modela el número de susceptibles está dado por

$$S_{t+1} = S_t - \alpha S_t I_t$$

Durante un paso de tiempo, la clase infectada crece por la adición de las nuevas infecciones. Al mismo tiempo, algunos infectados se recuperan o mueren, y así progresa al estado de recuperado de la enfermedad. La *tasa de remoción* γ mide la fracción de la clase de infectados que deja de estar infectada, y así se mueve hacia la clase de removidos, en un paso de tiempo. Claramente, la clase de removidos incrementa en tamaño exactamente en la misma cantidad que la clase infectada decrece. Esto nos lleva a las ecuaciones

$$\begin{aligned} I_{t+1} &= I_t + \alpha S_t I_t - \gamma I_t \\ R_{t+1} &= R_t + \gamma I_t \end{aligned}$$

Colectivamente, si acoplamos las tres ecuaciones en diferencia encontradas anteriormente forman el modelo *SIR*.

Aunque el modelo *SIR* puede servirnos como el modelo básico de enfermedades infecciosas, no es apropiado para muchas enfermedades. La dinámica de la tuberculosis (TB) muestra sus limitantes. Mucha gente que muestra una reacción positiva a la prueba cutánea de la TB están infectados de TB, pero no tienen la enfermedad. Un sistema saludable inmune es capaz de pelear contra la bacteria de la TB y mantenerla inactiva. Tal persona no es contagiosa y puede no desarrollar nunca la enfermedad. Sin embargo, si el sistema inmune es debilitado y la infección no es medicada, una persona infectada puede desarrollar la tuberculosis y volverse infeccioso. Un modelaje propio de la TB puede requerir al menos una clase más: aquellos que están infectados pero no son infecciosos.

Casi todas las enfermedades tienen características únicas que deben ser incorporadas en un modelo. El arte de crear un buen modelo es decidiendo cuál de éstos son importantes para capturar las dinámicas correctas y cuáles pueden ser omitidas para prevenir que el modelo se vuelva muy complicado de analizar. Recuerde que nuestro objetivo en el modelaje de la transmisión de las enfermedades es comprender cómo controlarlos. El modelo *SIR* es un buen modelo para iniciar y que puede ser redefinido como sea necesario para una enfermedad en particular.

Debemos remarcar brevemente sobre la elección de los pasos de tiempo en la modelación

de las enfermedades . Hemos comentado anteriormente que las ecuaciones en diferencia son particularmente buenas para modelar poblaciones con ciclos de vida muy rígidos. Sin embargo, las enfermedades a menudo no tienen etapas rígidas de desarrollo. Por esa razón, y a veces por razones de manejabilidad matemática, las ecuaciones diferenciales son a menudo utilizadas en tales modelos. Sin embargo, los principios de modelaje son muy similares ya sean en las formulaciones en diferencias o en diferenciales. Más aún, ambos tipos de modelos son descripciones muy esquemáticos del brote real de la enfermedad, así debemos esperar que nuestros resultados sean bastantes sólidos a las numerosas inexactitudes que ellos impliquen, independientemente del enfoque que tomemos.

Con eso dicho, entonces, ¿cómo podemos escoger el tamaño de nuestros pasos de tiempo? Debemos ciertamente considerar las particularidades de la enfermedad bajo estudio. Si una persona suele estar enfermo y contagiado por una semana, entonces un día como paso de tiempo puede ser apropiado. Usualmente es mejor usar un paso de tiempo corto en caso de duda.

Valores de umbral y parámetros críticos

Para analizar el modelo SIR y hacerse una idea biológica sobre los parámetros en el modelo, reescribimos las ecuaciones definidas en la sección anterior:

$$\begin{aligned}\Delta S &= -\alpha S_t I_t \\ \Delta I &= \alpha S_t I_t - \gamma I_t \\ \Delta R &= \gamma I_t\end{aligned}$$

Diremos que una epidemia ocurre si $\Delta I > 0$ para algún tiempo t (es decir, si en algún tiempo el número de infectados crece). Si $\Delta I \leq 0$ para todo el tiempo, entonces el tamaño de la clase infectada no incrementa y no ocurre ningún brote mayor de la enfermedad. El primer paso para entender las dinámicas de las enfermedades, entonces, es entender el signo de ΔI . Así, enfocamos nuestra atención en determinar si

$$\begin{aligned}\Delta I &= \alpha S_t I_t - \gamma I_t \\ &= (\alpha S_t - \gamma) I_t\end{aligned}$$

es positivo, cero o negativo.

Primero notemos que a partir de esta fórmula, si $I_t = 0$, entonces $\Delta I = 0$. Esto no es de sorprenderse ya que si la población está libre de enfermedad (es decir, no tiene infectados), puede mantenerse de esa manera. Después de haber prescindido de este sencillo caso de entender podemos asumir que $I_t > 0$. Esto significa que ΔI puede ser positivo, cero o negativo de acuerdo a como es $\alpha S_t - \gamma$. Como $\alpha > 0$, podemos reformular esto como:

$$\text{Si } S_t > \gamma/\alpha, \text{ entonces } \Delta I > 0$$

$$\text{Si } S_t = \gamma/\alpha, \text{ entonces } \Delta I = 0$$

$$\text{Si } S_t < \gamma/\alpha, \text{ entonces } \Delta I < 0$$

Notemos que, de nuestras fórmulas originales tenemos que $\Delta S \leq 0$ siempre, así sabemos que S_t no puede incrementarse. Esto significa que, si $S_0 < \gamma/\alpha$, entonces $S_t < \gamma/\alpha$ para todo t . Así, si S_0 está por debajo de γ/α , entonces $\Delta I < 0$ para todo el tiempo, y la enfermedad decrece en la población. Sin embargo, cuando $S_0 > \gamma/\alpha$, el número de infecciosos puede crecer y una epidemia ocurre. Por esta razón, la razón γ/α es un ejemplo de un valor *umbral*; la relación de S_0 para γ/α es un factor determinante de la dinámica de la enfermedad. Como γ/α representa la tasa de removidos γ relativa al coeficiente de transmisión α , la llamamos la *tasa relativa de removidos* y está denotada por

$$\rho = \gamma/\alpha$$

Comparando el número inicial de susceptibles S_0 con el valor umbral ρ podemos determinar si una epidemia puede ocurrir.

Un ligero enfoque diferente al mismo comportamiento de umbral requiere reescribir la ecuación por ΔI como

$$\Delta I = \gamma \left(\frac{\alpha}{\gamma} S_t - 1 \right) I_t$$

Un análisis similar sobre el signo para ΔI , utilizando la expresión anterior, muestra la importante pregunta de cómo la cantidad $\alpha/\gamma S_0$ comparada con 1. Matemáticos epidemiólogos llaman la expresión

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha}{\gamma} S_0$$

el *número básico de reproducción* de la infección. Algunas veces se puede encontrar a este valor con el nombre de tasa básica de reproducciones o razón básica de reproducciones,

aunque, así es necesario ser cuidadoso acerca de la terminología cuando leas un texto epidemiológico. Podríamos utilizar el término *número básico de reproducción* exclusivamente. Más importante, si $\mathcal{R}_0 > 1$, entonces $\Delta I > 0$ y una epidemia ocurre.

Consideremos el número básico de reproducción $\mathcal{R}_0 \frac{\alpha}{\gamma} S_0 = (\alpha S_0) \left(\frac{1}{\gamma} \right)$ desde un punto de vista más biológico, en orden para entender tanto su nombre e importancia conceptual. En el modelo *SIR*, el término $\alpha S_0 I_0$ mide el número de individuos que se vuelven infectados en el comienzo de una epidemia. Si dividimos por I_0 obtenemos una medida per-infectiva: αS_0 es el número de individuos que se convierten en infectados por contacto con un sólo individuo enfermo durante el paso inicial.

Actualmente, si introducimos un infectado en una población totalmente susceptible S_0 , este individuo enfermo puede eventualmente infectar muchos más que αS_0 , ya que un infectado puede mantenerse contagioso por varios pasos de tiempo. Por ejemplo, suponga que un niño joven se mantiene contagioso con viruela alrededor de 7 días. Entonces, utilizando un paso de tiempo de 1 día, este niño podría infectar acerca de $(\alpha S_0)(7)$ susceptibles en el transcurso de una semana.

Más aún, si el período de contagio dura 7 días, entonces cada día esperamos aproximadamente $1/7$ aproximadamente 14% del número total de infectados se mueva a la clase infectada I_t a la clase removida R_t . Como la tasa de removidos γ mide la fracción de la clase de infectados que se han curado durante un sólo paso de tiempo, hemos encontrado una buena estimación para γ ; tomamos $\gamma = 1/7 \approx 0.1429$. Al mismo tiempo, hemos encontrado una buena interpretación para $1/\gamma$; es la duración promedio del período de infección. De hecho, podemos estimar γ para enfermedades reales mediante la observación de los individuos y determinando el período promedio de infección $1/\gamma$ primero.

Hemos progresado al entender \mathcal{R}_0 pensando en este ejemplo, pero necesitamos resumir un poco:

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_0 &= (\alpha S_0) \left(\frac{1}{\gamma} \right) \\ &= \left(\begin{array}{l} \text{número de nuevos casos derivados de un} \\ \text{infeccioso por unidad de tiempo} \end{array} \right) \left(\begin{array}{l} \text{duración promedio de} \\ \text{la infección} \end{array} \right) \end{aligned}$$

Así, \mathcal{R}_0 es interpretado como el número promedio de infecciones secundarias que pueden producirse por un infectado en una población totalmente susceptible de tamaño S_0 .

Note que, desde este punto de vista, el valor umbral de $\mathcal{R}_0 = 1$ tiene un buen sentido biológico. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, entonces un caso primario de la enfermedad genera más de un caso secundario de la enfermedad, el tamaño de la clase infectada incrementa, y una epidemia ocurre. Si $\mathcal{R}_0 = 1$, entonces un individuo enfermo produce solo un nuevo caso de la enfermedad, y no ocurre epidemia; puede no haber crecimiento en el número de infectados. Cuando $\mathcal{R}_0 < 1$, la enfermedad se extingue. En resumen, una epidemia ocurre si y sólo si el número básico de reproducción $\mathcal{R}_0 > 1$.

Dado que el número básico de reproducción tiene una interpretación significativa, los epidemiólogos intentan encontrar una expresión para \mathcal{R}_0 para cualquier modelo que propongan. Aunque un modelo complicado, como por ejemplo una enfermedad de transmisión sexual, puede incluir muchos otros parámetros, algunas combinaciones de ellos pueden interpretarse de manera similar a \mathcal{R}_0 . El número básico de reproducción juega un rol en las decisiones de la salud pública, porque un programa de prevención de la enfermedad puede ser efectivo para prevenir brotes sólo cuando se garantice que $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Gravedad y duración de epidemias.

Una vez que sabemos que un modelo predice que una epidemia puede ocurrir, también queremos tener la capacidad de predecir su severidad. Suponga, para cierta enfermedad, un infectado es introducido en una población de 500 individuos susceptibles. Asumiremos que el modelo *SIR*, y utilizando pasos de tiempo de 1 día es adecuado para describir esta enfermedad. Suponga, adicionalmente, que datos indican que la probabilidad de que un individuo sano se vuelve infectado a partir del contacto con un infectado es 1%, una vez caiga enfermo, un infectado está contagiado por 10 días.

Para estos valores de los parámetros, encontramos que $\rho = \gamma/\alpha = 0.1/0.001$. Esto significa que esperamos que

$$\frac{1}{\rho} = \frac{1}{100}$$

de los susceptibles, o

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha}{\gamma} S_0 = \frac{1}{\rho} S_0 = 0.01 S_0 = (0.1)(500) = 5$$

individuos se vuelven infectados con la enfermedad como resultado de contacto con la persona enferma original. Más aún, como $\mathcal{R}_0 = 5 > 1$, podemos esperar que ocurra una epidemia. De hecho, con tal valor tan grande de \mathcal{R}_0 podemos esperar a una epidemia un poco devastadora.

Utilizando una computadora, podemos trazar el curso de una epidemia sobre una serie de 60 días como en la figura siguiente:

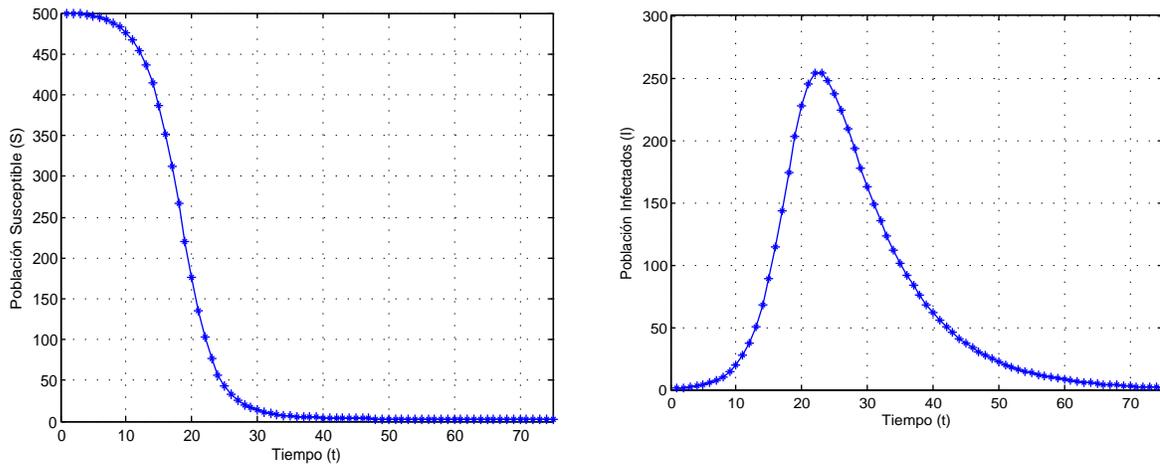


Figura 2.9: Simulación del modelo *SIR*, población infectada y susceptible.

De acuerdo con la gráfica, el número de infectados tiene un pico en $I_t \approx 250$ en $t \approx 21$ ó 22 días. Como la mitad de la población está enferma en este tiempo, esto es una enfermedad grave, según lo previsto.

Matemáticamente, podemos determinar información sobre un pico de la epidemia notando que el máximo número de infectados ocurre exactamente cuando el signo de ΔI cambia de signo positivo a negativo. Esto es, la clase infectada será más larga cuando el número de infectados para de crecer y comienza a decaer. Como ya hemos analizado el signo de ΔI , hemos visto nuevamente la importancia de la tasa relativa de removidos como un valor crítico. Cuando $S_t > \rho$, la clase infectada crece. Una vez $S_t < \rho$, la epidemia puede disminuir. Regresando a nuestro ejemplo, calculamos que $\rho = 100$. Consecuentemente, la epidemia comienza a disminuir cuando $S_t = 100$. De hecho podemos verificar nuestro cálculo si observamos nuestro gráfico, las cifras de población de susceptibles de 100 entre

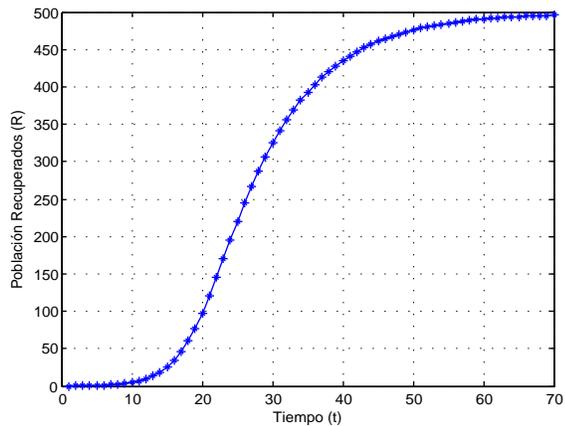


Figura 2.10: Simulación del modelo SIR , población recuperada.

los días 21 y 22 después que la epidemia comienza, e I_t , alcanza un pico justo en este tiempo. Otro fenómeno interesante puede ser detectado examinando los valores de S_t e I_t mediante una tabla que contenga los valores poblacionales para varios valores de t .

Capítulo 3

Modelando la Tuberculosis

En capítulos anteriores estudiamos modelos epidemiológicos de manera general, sin enfocarnos a ninguna enfermedad en particular. Generalmente, los modelos que describen la TB no son tan sencillos como quisieramos y un análisis descriptivo se vuelve casi imposible, teniendo que recurrir al análisis cualitativo, es decir, el análisis gráfico de las ecuaciones que componen al modelo.

El proceso que sigue una enfermedad epidemiológica en general es el siguiente:

Una (o más) persona infectada es introducida en una comunidad de individuos, más o menos susceptibles a la enfermedad en cuestión. La enfermedad se propaga del afectado hacia el no afectado por contacto. Cada persona infectada recorre el curso de su enfermedad, y finalmente es removido del número de aquellos que son enfermos, por recuperación o por muerte. Las posibilidades de recuperación o de muerte varían día con día durante el curso de su enfermedad. Las posibilidades de que los afectados puedan transmitir la infección a los no afectados también depende de la etapa de la enfermedad.

Cuando la epidemia comienza a propagarse, el número de miembros no afectados de la comunidad se reduce. Dado que el curso de una epidemia es corto si lo comparamos con la vida de un individuo, puede considerarse que la población se mantiene constante, excepto a las modificaciones por muertes debido a la epidemia en sí. En el transcurso del tiempo, la epidemia puede llegar a su fin.

Uno de los más importantes problemas en la epidemiología es determinar si el hecho de que la epidemia llegue a su fin, se produce sólo cuando no hay individuos susceptibles, o si la interacción de los factores varios de infectividad, la recuperación y la mortalidad pueden inducir a que termine la epidemia, mientras hayan individuos susceptibles presentes en la población no afectada.

Muchos de los modelos matemáticos que nos permiten describir a las enfermedades infecciosas son de la clase *SEIR* en el cual la población huésped está categorizada por estados de infección como susceptibles, expuestos (infectados pero aún no infecciosos), infecciosos y recuperados. Uno de los principales atributos de estos modelos es que la fuerza de la infección (la tasa a la cual los susceptibles dejan la clase susceptible y se mueven hacia la clase infectada) es una función del número de infecciosos en la población en cualquier tiempo t y así, es un término no lineal. Otra transición, tal como la recuperación de individuos infecciosos y muerte, son modelados como términos lineales con coeficientes constantes.

Mientras los modelos matemáticos de la TB en la literatura comparten estructuras similares, hay importantes, si a veces sutiles, diferencias en el modo en que la historia natural de la enfermedad y el proceso de transición de la TB son representados. Sugerimos que algunas de estas diferencias pueden tener efectos sustanciales y nos correspondería tener una mayor comprensión comparativa de las propiedades de estos modelos.

Dado que la historia natural de la TB es compleja y difícil de reflejar exactamente en un simple modelo, los modeladores han hecho una diversidad de diferentes opciones simplificadas. Lo primero trata sobre la evolución de una infección latente a una enfermedad activa. Datos observados sugieren que después de la infección el riesgo de evolucionar a la enfermedad activa es mucho más alto los primeros años que posteriormente. No es claro si esto se debe a protección innata en algunos individuos (aquellos que han reducido el riesgo de la evolución), o si es un riesgo que varía con el tiempo en todos los individuos. Hay tres maneras en que los modeladores han representado la progresión, las cuales hemos resumido esquemáticamente en la Figura 3.1. El primero, mostrado en la figura 3.1 a) ó b) es simplemente ignorar las diferentes tasas de progresión y sólo representar una clase

expuesta la cual progresa a una sola tasa a la clase infecciosa. Algunos modelos incluyen una transferencia directa de alguna fracción de los susceptibles a la clase infecciosa (a)), representando esencialmente evolución inmediata.

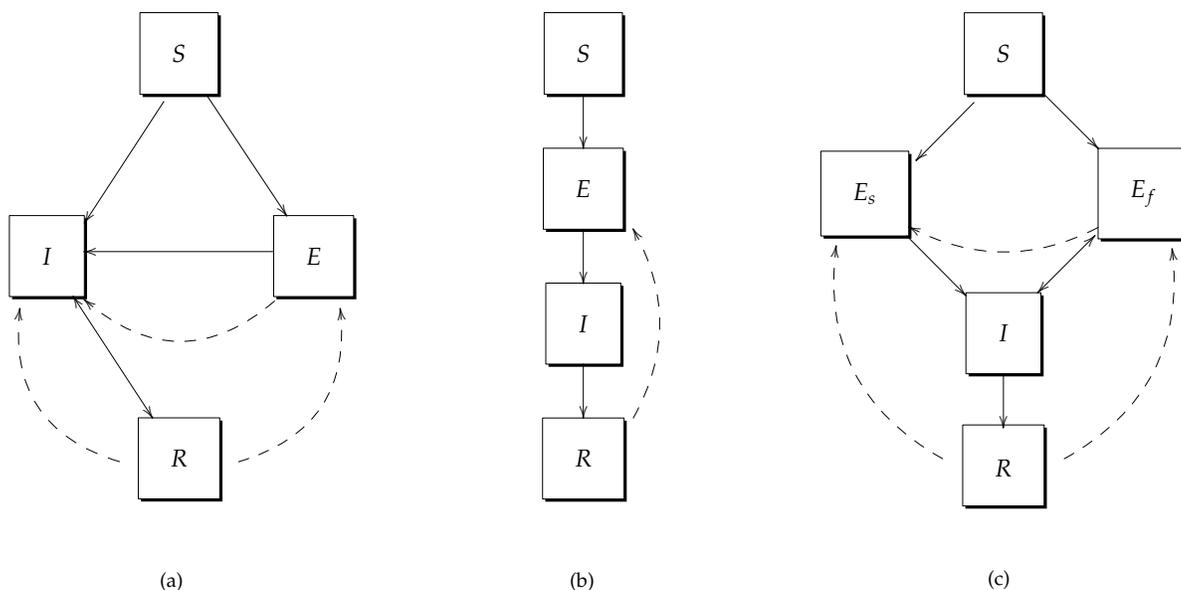


Figura 3.1: Tres esquemas de modelos que muestran diferentes representaciones de progresiones a partir de los expuestos a la enfermedad activa. Las líneas punteadas representan reinfección.

El segundo enfoque, es modelar la probabilidad de evolucionar como función del tiempo desde la infección. Esto puede hacerse ya sea con estructuras explícitas de edad y maduración (de la infección), o mediante la inclusión de períodos variables de incubación en una ecuación diferencial de retraso. Mientras este enfoque representa un mayor reto matemáticamente hablando, se quita la necesidad de establecer como parámetro la fracción de susceptibles que, después de la infección, están “predestinados” a ser “progresores rápidos”, como se ha hecho en el tercer enfoque. En el segundo enfoque, la clase expuesta en la figura 3.1b) puede evolucionar a diferentes tasas hacia I dependiendo del tiempo desde la infección.

El tercer enfoque trata explícitamente de representar dos diferentes clases de expuestos: los

“progresores rápidos” y los “progresores lentos”. Este enfoque está resumido en la Figura 3.1c). En estos modelos, los individuos infectados más nuevos son asignados a uno de estos dos compartimientos y experimentan la correspondiente tasa de evolución. Los individuos típicos pueden moverse del grupo lento al grupo rápido (si una re-infección ocurre), y no al revés.

Otra sutil división entre los modelos de la TB en sí, es el de representar la reinfección. Algunos modelos no permiten la reinfección, lo cual implica que la infección previa confiere inmunidad completa. Sin embargo, observaciones más recientes muestran que los individuos pueden estar infectados con múltiples cepas de la TB (casos con enfermedad activa con dos cepas han sido observados, así como individuos con episodios secuenciales de TB con diferentes cepas cada vez). Algunos modelos permiten la reinfección para mover individuos de las clases recuperadas y expuestas a la clase infecciosa, así como muestran las líneas punteadas de la figura 3.1a); algunos permiten la reinfección para mover individuos de las clase expuesta (líneas punteadas en al figura 3.1b) o la clase de progreso rápido (figura 3.1c)), y otras utilizan representaciones explícitas para múltiples cepas, donde la reinfección mueve individuos de cualquier compartimiento de una cepa a otra, o una combinación. Como se mencionó anteriormente, no hay mucho consenso en cuánta protección, y qué clase de protección confiere una infección. Algunos autores permiten inmunidad parcial mediante la reducción de la probabilidad de la reinfección con una nueva cepa mientras otros especifican qué individuos con infecciones anteriores son totalmente susceptibles para ser infectados, pero con menos probabilidad de progresar a una reinfección.

El modelo que se tomó en este trabajo para estudiarlo se muestra en el siguiente apartado, presentando el modelo y un esquema de cómo funciona; esta parte del trabajo se desarrolla de la siguiente forma: en la primera sección se describe el modelo teórico sobre la dinámica de la tuberculosis y los parámetros utilizados; en la sección 2 se desarrolla el cálculo y la justificación del número reproductivo básico para el modelo planteado en la sección primera; y en la última sección se muestran los resultados de las simulaciones, analizándose los resultados junto a las conclusiones hechas de acuerdo a los gráficos.

3.1. Un modelo *SEIR* para la Tuberculosis.

Algo muy importante sobre los modelos epidemiológicos y que es necesario aclarar es, que podemos utilizar el modelo que queramos, siempre y cuando se apegue a la enfermedad, al ambiente en el que se desarrolla y conforme se vayan considerando las hipótesis, así iremos contruyendo nuestro modelo.

Si bien en este capítulo se analizará un modelo para la TB, no significa solo este modelo se deba utilizar o que éste se apegue muy bien a la enfermedad en general.

En el modelo *SEIR* asumiremos que la población total está dividida en cuatro clases epidemiológicas:

- **Susceptibles** – *S*: Representa la cantidad de personas que son susceptibles a la enfermedad.
- **Expuesto o latente** – *E*: es la clase de la población que están expuestas a la enfermedad, pero que no son infecciosos o contagiosos.
- **Infectado** – *I*: Cantidad de personas infecciosas y capaces de transmitir la enfermedad.
- **Recuperado o tratado** – *R*: personas que ya han sido tratadas de la enfermedad.

Para enfermedades con período de incubación, tal como la TB, la forma general de un modelo es como sigue:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \lambda - \mu S - \frac{\beta_1 SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta_1 SI}{N} - (\mu + k + r_1)E - \frac{\beta_2 EI}{N} + \frac{\beta_3 RI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = kE + \frac{\beta_2 EI}{N} - (\mu + d + r_2)I \\ \frac{dR}{dt} = r_2 I + r_1 E - \mu R - \frac{\beta_3 r I}{N} \end{array} \right. \quad (3.1)$$

en donde:

λ : es la densidad de la población apta para ser estudiada.

μ : es la tasa de mortalidad natural.

d : es la tasa de mortalidad inducida por la TB.

β_1 : tasa de transmisión efectiva, de susceptible a infeccioso.

β_2 : tasa de transmisión efectiva, de infeccioso a latente.

β_3 : tasa de transmisión efectiva, de latente a recuperado.

k : tasa de progresión de la TB activa.

r_1, r_2 : tasa de tratamiento efectivo para los latentes e infectados, respectivamente.

S, E, I, R : densidad de la población de susceptibles, expuestos, infectados y recuperados, respectivamente.

$N = S + E + I + R$: población total.

Para una mejor claridad en el modelo, introduciremos nuevas variables. Éstas serán: $s(t) = S(t)/N$, $e(t) = E(t)/N$, $i(t) = I(t)/N$ y $r(t) = R(t)/N$, que representan las fracciones de la población que son susceptibles, expuestos, infectados y recuperados, respectivamente. Además, el número λ/N le denominaremos tasa de reclutamiento, que representa la proporción de la población que es apta para pertenecer al estudio. Al introducir estas nuevas variables, obtenemos un nuevo sistema de ecuaciones a partir de (3.1):

$$\begin{aligned}
 \frac{ds}{dt} &= \frac{1}{N} \cdot \frac{dS}{dt} & \frac{de}{dt} &= \frac{1}{N} \cdot \frac{dE}{dt} \\
 &= \frac{1}{N} \left(\lambda - \mu S - \frac{\beta_1 SI}{N} \right) & &= \frac{1}{N} \left(\frac{\beta_1 SI}{N} - (\mu + k + r_1)E - \right. \\
 &= \Lambda - \mu s - \beta_1 si & &= \left. - \frac{\beta_2 EI}{N} + \frac{\beta_3 RI}{N} \right) \\
 & & &= \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e - \beta_2 ei + \beta_3 ri
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\frac{di}{dt} &= \frac{1}{N} \cdot \frac{dI}{dt} & \frac{dr}{dt} &= \frac{1}{N} \cdot \frac{dR}{dt} \\
&= \frac{1}{N} \left(kE + \frac{\beta_2 EI}{N} - (\mu + d + r_2)I \right) & &= \frac{1}{N} \left(r_2 I + r_1 E - \mu R - \frac{\beta_3 r I}{N} \right) \\
&= ke + \beta_2 ei - (\mu + d + r_2)i & &= r_2 i + r_1 e - \mu r - \beta_3 r i
\end{aligned}$$

Supondremos además, que $\Lambda = \mu$. Tenemos así, nuestro sistema:

$$\left\{ \begin{array}{l}
\frac{ds}{dt} = \mu - \mu s - \beta_1 si \\
\frac{de}{dt} = \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e - \beta_2 ei + \beta_3 ri \\
\frac{di}{dt} = ke + \beta_2 ei - (\mu + d + r_2)i \\
\frac{dr}{dt} = r_2 i + r_1 e - \mu r - \beta_3 ri
\end{array} \right. \quad (3.2)$$

Descripción de parámetros.

Las etiquetas S , E , I , R son utilizados con frecuencia para las clases epidemiológicas. Comenzamos suponiendo que tenemos una población N , que esta dividida en las cuatro clases mencionadas anteriormente. Se obtiene la clase de susceptibles S con una tasa de reclutamiento μ (este número indica la proporción de individuos que son aptos para pertenecer a la clase S). Cuando hay un contacto adecuado de un susceptible con un infectado, la transmisión de la enfermedad ocurre; así, el susceptible entra a la clase de expuestos E que son aquellos en período de incubación, pero que aún no son contagiosos. Luego de que el período de incubación termina, el individuo entra a la clase I de contagiosos (o infecciosos), los cuales son contagiosos en el sentido de que son capaces de transmitir la infección. Cuando el período de contagio termina, el individuo pasa a la clase R de recuperado, la cual consiste de aquellos que han adquirido inmunidad.

Hay que hacer notar que la elección de las etiquetas que se incluyan en un modelo depende de las características de la enfermedad que se requiere modelar y de los propósitos con el mismo. Iremos construyendo uno de los modelos más generales de la tuberculosis, detallando en qué consiste cada variable que interviene.

Esquemáticamente, puede verse como en la figura 3.2.

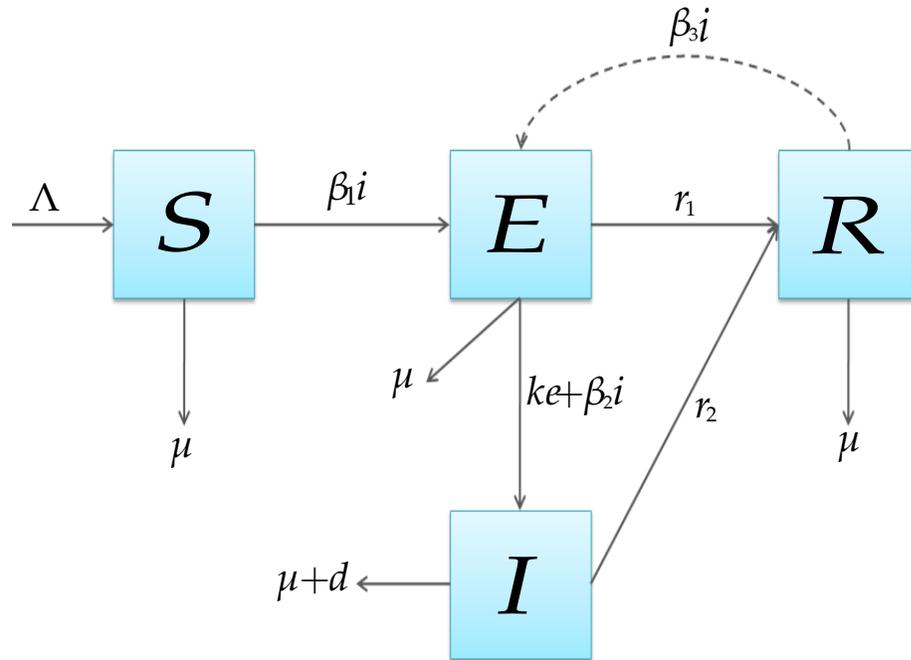


Figura 3.2

1. Comenzando con la clase de susceptibles, podemos decir que ésta se ve afectada por las personas que estamos considerando para el estudio de la enfermedad, utilizando para esto el valor de μ . Las muertes por causas naturales y por aquellos susceptibles que han sido contagiados por un infeccioso. Podemos prever entonces que la razón de cambio de la clase susceptible con respecto al tiempo está dada por la ecuación

$$\frac{ds}{dt} = \mu - \mu s - \beta_1 si$$

2. La tasa de cambio de la clase expuesta o en período de incubación, depende de las muertes naturales, de los susceptibles que tuvieron contactos con un contagioso y

adquirieron la enfermedad, la tasa con la que se propaga la tuberculosis y la tasa de tratamiento para los que se encuentran en período de incubación.

En los últimos años, a pesar de la creación de vacunas para la prevención de la tuberculosis, ya hemos mencionado que esta enfermedad sigue siendo una de las enfermedades más mortales a nivel mundial. La propagación de ésta tiene que ver mucho con la demografía de cada país; por ejemplo, para países donde haya más hacinación de personas la probabilidad de que se de una epidemia de tuberculosis es más alta para aquellos en donde hay menos personas. También, aquellos países subdesarrollados por no poseer la capacidad de obtener las vacunas para los tratamientos de esta enfermedad, tienden a generar más casos de tuberculosis que aquellos países desarrollados. Esta enfermedad se ha ido desarrollando y ha ido adquiriendo más fuerza, tanto que han surgido nuevas cepas (variantes) de la tuberculosis para las cuales las vacunas ya no hacen efecto.

Un paciente puede, entonces, adquirir más de un tipo de tuberculosis, y por tanto, la clase de los expuestos se ve afectada también por la interacción que tienen con los infecciosos.

Luego, la ecuación que me describa la tasa de cambio de ésta clase estaría dada por

$$\begin{aligned}\frac{de}{dt} &= \beta_1 si - \mu e - ke - r_1 e - \beta_2 ei + \beta_3 ri \\ &= \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e - \beta_2 ei + \beta_3 ri\end{aligned}$$

3. Por otra parte, la clase de infecciosos (o contagiosos) se ve afectada por las muertes naturales, las muertes debido a la tuberculosis, por aquellas personas en estado de latencia y que se volvieron infecciosos y además por los infecciosos que estaban en tratamiento.

Tenemos nuestra ecuación

$$\frac{di}{dt} = ke + \beta_2 ei - (\mu + d + r_2)i$$

4. Por último, la clase de personas recuperadas se ve afectada por aquellas personas que mueren por causas naturales, por los expuestos e infecciosos que se recuperaron. Además, se considera que una persona que haya adquirido la enfermedad y que se

haya curado, puede volver a adquirir la bacteria, ya sea la misma u otra modalidad de la tuberculosis, por tanto, esta clase se ve afectada por la interacción que tienen los recuperados con los infecciosos. Es de notar que estas personas recuperadas regresan a la clase expuesta y no a la infecciosa.

La ecuación que me describe la tasa de cambio de esta clase esta dada por

$$\frac{dr}{dt} = r_1e + r_2i - \mu r - \beta_3ri$$

Hay que destacar, que el uso de los parámetros que ya se han mencionado anteriormente, y la elección de cuáles deben intervenir modelo a estudiar depende de las condiciones demográficas de donde se realice el estudio.

3.2. Análisis del modelo *SEIR* para la Tuberculosis.

Antes de inicial con el análisis del modelo de la tuberculosis haremos algunas suposiciones. En el modelo, el término β_3ri me indica que si un paciente infeccioso se recupera éste puede adquirir nuevamente la bacteria de la tuberculosis, ya sea la misma u otra diferente. Supondremos que todo aquel paciente que se ha recuperado, adquiere inmunidad, es decir que $\beta_3 = 0$.

Por otra parte, el término β_2ei me indica que aquellas personas que estan infectados (pero no son capaces de transmitir la enfermedad, los de la clase expuesta) pueden adquirir otro tipo de cepa de tuberculosis además de la que ya adquirieron, es decir, mide la interacción que hay entre los expuestos y los infecciosos. Supondremos que el que una persona en estado de incubación se vuelva infeccioso no depende más de la interacción que tenga con los infecciosos. Por tanto, $\beta_2 = 0$.

Supondremos que la población es constante con una tasa de natalidad igual a la tasa de mortalidad, $\mu = 0.00563$ (datos tomados de bases de datos encontrados en la web). Supondremos que todos los que nacen son susceptibles a la enfermedad.

A partir de esto, obtenemos un modelo simplificado

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = \mu - \beta_1 si - \mu s \\ \frac{de}{dt} = \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e \\ \frac{di}{dt} = ke - (\mu + d + r_2)i \\ \frac{dr}{dt} = r_2 i + r_1 e - \mu r \end{array} \right. \quad (3.3)$$

Ahora, dado que $r = 1 - s - e - i$, es suficiente considerar el sistema *sei*

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = \mu - \beta_1 si - \mu s \\ \frac{de}{dt} = \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e \\ \frac{di}{dt} = ke - (\mu + d + r_2)i \end{array} \right. \quad (3.4)$$

Consideremos el subconjunto de \mathbb{R}^3

$$\mathcal{D} = \{(s, e, i) \in \mathbb{R}_+^3 : s + e + i \leq 1\}$$

el cual es compacto, y por tanto, por las proposiciones 2 y 3, y el teorema 3 (existencia y unicidad) del capítulo 1, las soluciones de (3.4) están definidas en \mathcal{D} .

El campo vectorial del sistema de ecuaciones es

$$\begin{aligned} F(s, e, i) &= (\mu - \beta_1 si - \mu s, \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e, ke - (\mu + d + r_2)i) \\ &= (f_1(s, e, i), f_2(s, e, i), f_3(s, e, i)) \end{aligned} \quad (3.5)$$

El jacobiano de F estará dado por

$$DF(s, e, i) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial s} & \frac{\partial f_1}{\partial e} & \frac{\partial f_1}{\partial i} \\ \frac{\partial f_2}{\partial s} & \frac{\partial f_2}{\partial e} & \frac{\partial f_2}{\partial i} \\ \frac{\partial f_3}{\partial s} & \frac{\partial f_3}{\partial e} & \frac{\partial f_3}{\partial i} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -(\mu + \beta_1 i) & 0 & -\beta_1 s \\ \beta_1 i & -(\mu + k + r_1) & \beta_1 s \\ 0 & k & -(\mu + d + r_2) \end{pmatrix}$$

Necesitamos encontrar ahora los puntos de equilibrio del sistema (3.4). Notemos primero que si $e = i = 0$ entonces $s = 1$. Por tanto, el punto $E_0 = (1, 0, 0)$ es un punto de equilibrio del modelo; se dice que este punto es un estado libre de la enfermedad ya que hay ausencia de infectados e infecciosos.

Veamos si existe algún otro punto de equilibrio, para ello resolvamos el sistema de tres ecuaciones

$$\mu - \beta_1 si - \mu s = 0 \quad \text{[Eq 1]}$$

$$\beta_1 si - (\mu + k + r_1)e = 0 \quad \text{[Eq 2]}$$

$$ke - (\mu + d + r_2)i = 0 \quad \text{[Eq 3]}$$

Tomemos [Eq 3] y despejemos e :

$$ke - (\mu + d + r_2)i = 0 \quad \implies \quad e = \frac{(\mu + d + r_2)}{k}i \quad \text{[Eq 4]}$$

Sustituyendo la [Eq 4] en [Eq 2]:

$$\begin{aligned} & \beta_1 si - (\mu + k + r_1)e = 0 \\ \implies & \beta_1 si - (\mu + k + r_1) \cdot \frac{(\mu + d + r_2)}{k}i = 0 \\ \implies & \left(\beta_1 s - \frac{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)}{k} \right) i = 0 \\ \implies & \beta_1 s = \frac{(\mu + d + r_2)(\mu + k + r_1)}{k}, \quad \text{ya que } i \neq 0 \\ \implies & s = \frac{(\mu + d + r_2)(\mu + k + r_1)}{\beta_1 k} \\ \implies & \boxed{s = \frac{1}{\mathcal{R}_0}} \end{aligned}$$

en donde $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta_1 k}{(\mu + d + r_2)(\mu + k + r_1)}$.

Sustituyendo este valor de s en la **[Eq 1]**:

$$\begin{aligned} \mu - \beta_1 si - \mu \cdot \frac{1}{\mathcal{R}_0} &= 0 \\ \implies \beta_1 si &= \mu - \frac{\mu}{\mathcal{R}_0} = \mu(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}) \quad \mathbf{[Eq 5]} \end{aligned}$$

Utilizando el resultado en **[Eq 5]** en **[Eq 2]** se tiene:

$$\begin{aligned} \mu - \frac{\mu}{\mathcal{R}_0} - (\mu + k + r_1)e &= 0 \\ \implies (\mu + k + r_1)e &= \mu - \frac{\mu}{\mathcal{R}_0} = \mu \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right) \\ \implies e &= \frac{\mu}{(\mu + k + r_1)} \left(\frac{\mathcal{R}_0 - 1}{\mathcal{R}_0}\right) \\ \implies \boxed{e = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{(\mu + k + r_1)\mathcal{R}_0}} &\quad \mathbf{[Eq 6]} \end{aligned}$$

Finalmente, sustituyendo **[Eq 6]** en **[Eq 3]**:

$$\begin{aligned} \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{(\mu + k + r_1)\mathcal{R}_0} \cdot k - (\mu + d + r_2)i &= 0 \\ \implies (\mu + d + r_2)i &= \frac{k\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{(\mu + k + r_1)\mathcal{R}_0} \\ \implies i &= \frac{k\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)\mathcal{R}_0} \\ \implies i &= \frac{k\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\cancel{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} \cdot \frac{\beta_1 k}{\cancel{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)}}} \\ \implies \boxed{i = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_1}} &\quad \mathbf{[Eq 7]} \end{aligned}$$

Por lo tanto, el otro punto de equilibrio estará dado por $E_1 = (s^*, e^*, i^*)$, donde

$$s^* = \frac{1}{\mathcal{R}_0}, \quad e^* = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{(\mu + k + r_1)\mathcal{R}_0}, \quad i^* = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_1}$$

con $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta_1 k}{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)}$. A este estado se le llama *estado endémico*.

Recordemos que \mathcal{R}_0 , el *número reproductivo básico*, se define como el número promedio de infecciones secundarias causadas por un infeccioso durante su período de infectividad en una comunidad donde todos son susceptibles. \mathcal{R}_0 es el parámetro más importante en Epidemiología, ya que a través de él se puede conocer el desarrollo de la enfermedad. Entonces, si $\mathcal{R}_0 < 1$, en promedio se produce menos de un caso infeccioso secundario (se entiende por infeccioso primario al infeccioso que se introdujo en la población susceptible) en una comunidad donde todos son susceptibles, y por lo tanto la enfermedad no progresará. Si por el contrario, $\mathcal{R}_0 > 1$, se produce en promedio más de un infeccioso secundario y habrá un brote epidémico.

\mathcal{R}_0 es el número reproductivo básico para el modelo *seir*. Para comprobarlo, veamos que un infeccioso que se introduce a una comunidad donde todos son susceptibles infecta a $\frac{\beta_1}{\mu + k + r_1}$ individuos durante su período infeccioso. De estos nuevos infectados, una fracción $\frac{k}{\mu + d + r_2}$ no sobreviven el período de incubación y se convierten en nuevos infecciosos. El producto de estas dos cantidades es \mathcal{R}_0 , esto es, el número promedio de infecciones secundarias.

Para determinar la estabilidad del punto de equilibrio E_0 , calculamos los valores propios de $DF(E_0)$.

$$|DF(E_0) - \lambda I| = \left| \begin{pmatrix} -\mu - \lambda & 0 & -\beta_1 \\ 0 & -(\mu + k + r_1) - \lambda & \beta_1 \\ 0 & k & -(\mu + d + r_2) - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0$$

$$\implies -(\mu + \lambda)[((\mu + k + r_1) + \lambda)((\mu + d + r_2) + \lambda) - \beta_1 k] = 0$$

Los valores propios son, entonces, $\lambda_1 = -\mu$, el cual es claramente negativo, ya que $\mu > 0$

y las soluciones de la ecuación

$$\lambda^2 + (2\mu + k + d + r_1 + r_2)\lambda + (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) - \beta_1 k = 0$$

Sea el polinomio

$$P(\lambda) = \lambda^2 + (2\mu + k + d + r_1 + r_2)\lambda + (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) - \beta_1 k = a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0$$

con $a_2 = 1$, $a_1 = (2\mu + k + d + r_1 + r_2)$ y $a_0 = (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) - \beta_1 k$. Es claro que $a_2, a_1 > 0$ ya que es suma de números positivos. Como ya mencionamos antes, si $P(\lambda)$ tiene algún coeficiente negativo o cero en presencia de coeficientes positivos, entonces tendrá una raíz con parte real positiva; y esto nos llevaría a que E_0 es un punto inestable. Así, si

$$\begin{aligned} a_0 \leq 0 &\implies (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) - \beta_1 k \leq 0 \\ &\implies (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) \leq \beta_1 k \\ &\implies \frac{\beta_1 k}{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} \geq 1 \\ &\implies \mathcal{R}_0 \geq 1 \end{aligned}$$

Si $a_0 > 0$, aplicamos el método de Routh-Hürwitz para determinar bajo qué condiciones el polinomio $P(\lambda)$ tiene raíces con parte real negativa.

$$\begin{array}{c|cc} \lambda^2 & a_2 & a_0 \\ \lambda^1 & a_1 & 0 \\ \lambda^0 & u_1 & 0 \end{array}$$

en donde a_2, a_1, a_0 como se definieron anteriormente, y

$$u_1 = \frac{a_1 \cdot a_0 - a_2 \cdot 0}{a_1} = a_0$$

Por tanto, el polinomio $P(\lambda)$ tiene raíces con parte real negativa si $a_0 > 0$, y por consiguiente, E_0 será un equilibrio asintóticamente estable.

Pero $a_0 > 0$ si $(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) > \beta_1 k \implies \frac{\beta_1 k}{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} < 1$, es decir si $\mathcal{R}_0 < 1$ Por lo tanto, tenemos

1. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, E_0 es un equilibrio inestable. Esto quiere decir que todas las soluciones de nuestro modelo se alejarán de E_0 .

2. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, E_0 es un equilibrio asintóticamente estable. Es decir, todas las soluciones del modelo se acercarán a este punto.

Basándonos en estos resultados podemos hacer unas predicciones.

1. Como E_0 es inestable para $\mathcal{R}_0 > 1$ entonces E_1 deberá ser estable (asintóticamente), y lo cual indicará que habrá un brote epidémico.
2. Si E_0 es estable, entonces $\mathcal{R}_0 < 1$ y el punto E_1 deberá ser inestable, esto nos indicará que una epidemia no sucede; notemos que las soluciones tiende al punto de equilibrio libre de la enfermedad, lo cual nos permite afirmar con más énfasis nuestra predicción.

Para comprobar nuestras predicciones, estudiaremos la estabilidad del punto E_1 , siguiendo el mismo procedimiento que se utilizó para E_0 .

$$\begin{aligned}
 DF(E_1) &= \begin{pmatrix} -\mu - \mu(\mathcal{R}_0 - 1) & 0 & -\beta_1/\mathcal{R}_0 \\ \mu(\mathcal{R}_0 - 1) & -(\mu + k + r_1) & \beta_1/\mathcal{R}_0 \\ 0 & k & -(\mu + d + r_2) \end{pmatrix} \\
 &= \begin{pmatrix} -\mu\mathcal{R}_0 & 0 & -\beta_1/\mathcal{R}_0 \\ \mu(\mathcal{R}_0 - 1) & -(\mu + k + r_1) & \beta_1/\mathcal{R}_0 \\ 0 & k & -(\mu + d + r_2) \end{pmatrix}
 \end{aligned}$$

Así los valores propios λ de $DF(E_1)$ deberán satisfacer

$$|DF(E_1) - \lambda I| = \left| \begin{pmatrix} -\mu\mathcal{R}_0 - \lambda & 0 & -\beta_1/\mathcal{R}_0 \\ \mu(\mathcal{R}_0 - 1) & -(\mu + k + r_1) - \lambda & \beta_1/\mathcal{R}_0 \\ 0 & k & -(\mu + d + r_2) - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0$$

$$\begin{aligned}
&\implies -(\mu\mathcal{R}_0 + \lambda) \left(((\mu + k + r_1) + \lambda)((\mu + d + r_2) + \lambda) - \frac{\beta_1 k}{\mathcal{R}_0} \right) - \\
&\quad - \frac{\beta_1}{\mathcal{R}_0} (k\mu(\mathcal{R}_0 - 1)) = 0 \\
&\implies \cancel{(\mu\mathcal{R}_0 + \lambda)((\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2))} + (2\mu + k + d + r_1 + r_2)\lambda + \lambda^2 - \\
&\quad - \cancel{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} + (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)\mu(\mathcal{R}_0 - 1) = 0 \\
&\implies \cancel{\mu\mathcal{R}_0(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} + \mu\mathcal{R}_0(2\mu + k + d + r_1 + r_2)\lambda + \mu\mathcal{R}_0\lambda^2 - \\
&\quad - \cancel{\mu\mathcal{R}_0(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)} + (\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)\lambda + (2\mu + k + d + r_1 + r_2)\lambda^2 + \\
&\quad + \lambda^3 - \cancel{(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)\lambda} + \mu(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)(\mathcal{R}_0 - 1) = 0 \\
&\implies a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0 = 0
\end{aligned}$$

en donde

$$\begin{aligned}
a_3 &= 1 \\
a_2 &= \mu\mathcal{R}_0 + 2\mu + k + d + r_1 + r_2 \\
a_1 &= \mu\mathcal{R}_0(2\mu + d + k + r_1 + r_2) \\
a_0 &= \mu(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)(\mathcal{R}_0 - 1)
\end{aligned}$$

Debemos analizar entonces las raíces del polinomio $Q(\lambda) = \lambda^3 + a_2\lambda + a_1\lambda + a_0$. Nuevamente, si hay un coeficiente negativo o cero en presencia de un coeficiente positivo entonces $Q(\lambda)$ tiene una raíz con parte real positiva, y por tanto, E_1 será un equilibrio inestable. Pero $a_0 < 0 \Leftrightarrow \mathcal{R}_0 < 1$, lo cual nos permite confirmar la predicción hecha en 2.

Si todos los coeficientes son positivos, aplicamos el método de Routh-Hürwitz.

$$\begin{array}{c|cc}
\lambda^3 & a_3 & a_1 \\
\lambda^2 & a_2 & a_0 \\
\lambda^1 & u_1 & u_2 \\
\lambda^0 & v_1 & v_2
\end{array}$$

en donde $u_2 = v_2 = 0$,

$$u_1 = \frac{a_2 \cdot a_1 - a_0 \cdot a_3}{a_2} = \frac{a_2 \cdot a_1 - a_0}{a_2} \quad \text{y} \quad v_1 = \frac{a_1 \cdot u_1 - a_2 \cdot u_2}{u_1} = \frac{a_0 \cdot u_1 - 0 \cdot a_2}{u_1} = a_0$$

Luego, para que E_1 sea un equilibrio asintóticamente estable, necesitamos que $u_1, v_1 > 0$.

Para que $v_1 > 0$ se debe tener que $\mathcal{R}_0 > 1$, lo que comprueba la predicción hecha en 1. Debemos asegurar entonces que $u_1 > 0$.

$$\begin{aligned} u_1 > 0 &\implies \frac{a_2 \cdot a_1 - a_0}{a_2} > 0 \\ \text{pero } a_2 > 0 &\implies a_2 \cdot a_1 - a_0 > 0 \\ &\implies a_2 \cdot a_1 > a_0 \end{aligned}$$

Veamos si esto es cierto.

$$\begin{aligned} a_2 \cdot a_1 &= (\mu\mathcal{R}_0 + 2\mu + k + d + r_1 + r_2)(\mu\mathcal{R}_0)(2\mu + d + k + r_1 + r_2) \\ &= \mu^2\mathcal{R}_0^2(2\mu + k + d + r_1 + r_2) + \mu\mathcal{R}_0(2\mu + k + d + r_1 + r_2)^2 \\ &> \mu\mathcal{R}_0(2\mu + k + d + r_1 + r_2)^2 \\ &= \mu\mathcal{R}_0(\mu + k + r_1 + \mu + d + r_2)^2 \\ &= \mu\mathcal{R}_0((\mu + k + r_1)^2 + 2(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) + (\mu + d + r_2)^2) \\ &> \mu\mathcal{R}_0(2(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)) \\ &> \mu\mathcal{R}_0(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) \\ &> \mu\mathcal{R}_0(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) - \mu(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2) \\ &= \mu(\mu + k + r_1)(\mu + d + r_2)(\mathcal{R}_0 - 1) = a_0 \end{aligned}$$

Por tanto, tenemos que $a_2 \cdot a_1 > a_0$ siempre, y por tanto, $u_1 > 0$.

Tenemos entonces, que nuestras predicciones hechas en 1 y 2 son ciertas. Si $\mathcal{R}_0 < 1$ la población se mantiene libre de una epidemia, mientras que si $\mathcal{R}_0 > 1$ un brote epidémico surge.

3.3. Simulación del Modelo SEIR

En la sección anterior se hizo un análisis teórico del modelo SEIR para la tuberculosis. En esta sección corroboraremos dichos resultados mediante simulaciones del modelo. Las gráficas mostradas en esta sección mostrarán el desarrollo poblacional de las clases Susceptible, Expuesta, Infecciosa y Recuperada con respecto al tiempo. Para una mejor claridad, las gráficas de cada clase se mostrarán en planos coordenados diferentes.

Antes de mostrar los resultados gráficos, hagamos un análisis de acuerdo a la lógica.

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$ se dijo que no se daba una epidemia. Podemos pensar entonces que la clase susceptible no decrecerá tanto, y que la clase expuesta e infecciosa tenderá a decrecer.
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, surge una epidemia. Por tanto, la población susceptible decrecerá, mientras que la población Expuesta e Infecciosa deberá aumentar en número conforme pase el tiempo.

La clase Recuperada también se incluye, aún si en el análisis teórico no se incluyó, en muchas ocasiones la clase a la que se le presta más atención es a la infecciosa ya que ésta es la que me indica si puede o no, haber una epidemia en determinada población.

Para realizar estas simulaciones se utilizó el programa MATLAB, y la función ya definida en MATLAB para resolver sistemas de ecuaciones diferenciales de primer orden llamado **ode45** el cual devuelve la solución numérica de la ecuación diferencial que se le indique, en un intervalo dado, y con condiciones iniciales dadas. Los parámetros que utiliza **ode45** y la forma en que se introducen se indican a continuación.

$$[t, x] = \text{ode45}(y, [a, b], x0);$$

en donde y es la ecuación diferencial que queremos resolver, en caso de ser una sola ecuación, y en caso de ser un sistema de n ecuaciones diferenciales deberá introducirse el vector columna $y = [y1; y2; \dots; yn]$. $[a, b]$ es el dominio de las soluciones, y $x0$ es la condición inicial, en caso de ser una ecuación diferencial, y en caso de ser un sistema de ecuaciones diferenciales, deberá ser un vector fila $[x01, x02, \dots, x0n]$, **ode45** asume que $x(a) = x0$.

Primero, definimos el archivo **seir_prima.m** el cual contiene una función que me devuelve el vector columna que corresponde a las ecuaciones del sistema del modelo. El código está dado como sigue:

```

function y = seir\_prima(t, x)

%%%% lista de parámetros
mu = ;
beta1 = ;
k = ;
r1 = ;
r2 = ;
d = ;
mlambda = mu+k+r1;
gama = mu+k+r2;
%%%%

    y = [mu - mu*x(1) - beta1*x(1)*x(3) ;
          beta1*x(1)*x(3) - mlambda*x(2) ;
          k*x(2) - gama*x(3) ;
          r2*x(3) + r1*x(2) - mu*x(4)] ;

return

```

En la lista de parámetros, se introducen los datos según ya se mencionaron cuando se explicó el modelo *SEIR* para la tuberculosis y $x(1)$, $x(2)$, $x(3)$, $x(4)$ se corresponden con las variables s, e, i, r del modelo.

Luego de generar nuestro vector que contiene las ecuaciones del sistema que deseamos resolver, creamos el archivo **seir2.m** el cual está estructurado como sigue:

```
\% condiciones iniciales
s0 = 0.8;
e0 = 0;
i0 = 0.001;
r0 = 0;

%%\%\% resolución de la ED
[t, x] = ode45(@seir\_prima, [0,1000], [s0, e0, i0, r0]);

s = plot(t,x(:,1));
grid on
hold all
e = plot(t,x(:,2));
i = plot(t,x(:,3));
r = plot(t,x(:,4));
set(s,'Color','magenta','LineWidth',2);   \% se utiliza el color Magenta
                                           para graficar la solución para la
                                           población susceptible
set(e,'Color','yellow','LineWidth',1.5);   \% se utiliza el color Amarillo
                                           para graficar la solución para la
                                           población expuesta
set(i,'Color','blue','LineWidth',1.5);     \% se utiliza el color Azul
                                           para graficar la solución para la
                                           población infecciosa
set(r,'Color','green','LineWidth',1.5);    \% se utiliza el color Verde
                                           para graficar la solución para la
                                           población recuperada

grid on

xlabel('Tiempo'); ylabel('Población Susceptible');
Title('Desarrollo poblacional de la clase Susceptible.')
```

Es de hacer notar, que para una mejor legibilidad de las gráficas de las soluciones, cada una se graficó en un plano coordenado diferente, como se verá en la parte en donde se muestren las gráficas.

Los datos de las tasas que se utilizaron se muestran a un lado de cada gráfica, además se muestra el valor de \mathcal{R}_0 para cada uno de esos datos, así como s^* , e^* e i^* , que son los valores de equilibrio a los cuales tienden las soluciones.

Análisis de los resultados numéricos.

En esta sección se muestran las soluciones numéricas del modelo *SEIR* (3.4) mediante la función *ode45*, la gráfica color Magenta corresponde a la clase Susceptible, la gráfica color Amarillo se corresponde con la clase Expuesta, la gráfica color Azul se corresponde con la clase Infecciosa, y la gráfica color Verde se corresponde con la clase Recuperada.

Las gráficas de la figura 3.3, 3.5 y 3.6 tienen un $\mathcal{R}_0 > 1$ y podemos observar que la población Infecciosa crece por un tiempo, sin embargo tiende a decrecer y se estabiliza en el punto de equilibrio indicado en i^* . Caso contrario, en las gráficas de las figuras 3.4 y 3.7, $\mathcal{R}_0 < 1$ la población infecciosa decrece hasta el punto de extinguirse.

Además, en 3.4 y 3.7 podemos ver que $\mathcal{R}_0 = 0.00017$ y $\mathcal{R}_0 = 0.73$, respectivamente. Y observando las gráficas vemos que la población Infecciosa en 3.4 se extingue mucho más rápido que en 3.7, lo cual nos permite afirmar que entre menos infecciosos secundarios genere un infeccioso primario, la enfermedad se extingue aún con mucha más probabilidad. Podemos observar además, cómo la población susceptible crece, por haber ausencia de la enfermedad, es decir, no hay muertes debido a la enfermedad.

En 3.5 vemos que $\mathcal{R}_0 = 58.47$, es un valor muy grande, que nos indica que un infeccioso primario produce en promedio, 58 infectados por día, un número muy alto para una enfermedad que se propaga fácilmente. Viendo la gráfica de la población susceptible correspondiente para este valor de \mathcal{R}_0 tenemos que la población decrece rápidamente en pocos días, tendiendo casi a extinguirse la población susceptible.

Para $\mathcal{R}_0 = 1.41$ y $\mathcal{R}_0 = 2.69$ en 3.3 y 3.6, respectivamente, la clase susceptible decrece aún si en un tiempo más prolongado que en 3.5.

Discretizando el modelo.

En esta parte del trabajo, discretizaremos el modelo *SEIR* y se mostrarán 3 gráficos, los cuales corresponderán con las tres primeras simulaciones del modelo continuo. El objetivo de este apartado es el mostrar que ambos métodos muestran resultados similares, sin llegar a afirmar que éstos realmente coinciden.

En el capítulo 2 vimos la forma en que se discretiza una ecuación diferencial; aplicaremos este método a cada una de las ecuaciones del modelo. Por tanto, nuestro modelo discretizado es

$$\begin{cases} s_{t+1} &= \mu - \beta_1 s_t i_t - \mu s_t + s_t \\ e_{t+1} &= \beta_1 s_t i_t - (\mu + k + r_1) e_t + e_t \\ i_{t+1} &= k e_t - (\mu + d + r_2) i_t + i_t \end{cases}$$

Para esta parte, el código utilizado (guardado en un archivo **seir.m**) para generar las soluciones está dado como sigue:

```
mu = 0.00563;
beta1 = 0.001;
k = 0.002;
r1 = 0.1;
r2 = 0.1;
d = 0.001;
mlambda = mu+k+r1;
gama = mu+d+r2;

%%%% condiciones iniciales, tomando como población total N = 1000
s0 = 0.8;
e0 = 0;
i0 = 0.001;
r0 = 0;

S = zeros(1, 1000);
E = zeros(1, 1000);
I = zeros(1, 1000);
R = zeros(1, 1000);

S(1) = s0;
E(1) = e0;
I(1) = i0;
R(1) = r0;

for i = 2 : 1 : 1500
    saux = mu - mu*s0 - beta1*s0*i0 + s0;
    eaux = beta1*s0*i0 - mlambda*e0 + e0;
    iaux = k*e0 - gama*i0 + i0 ;
    raux = r2*i0 + r1*e0 - mu*r0 + r0 ;
```

```
s0 = saux;
e0 = eaux;
i0 = iaux;
r0 = raux;

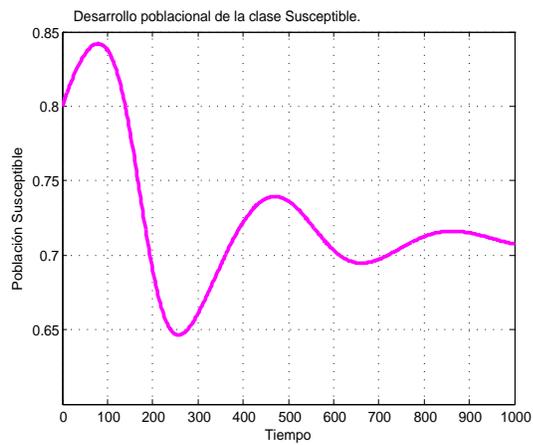
S(i) = s0;
E(i) = e0;
I(i) = i0;
R(i) = r0;
end

s = plot(S);
e = plot(E);
i = plot(I);
r = plot(R);
grid on
set(s, 'Color', 'magenta', 'LineWidth', 1.5);
set(e, 'Color', 'yellow', 'LineWidth', 1.5);
set(i, 'Color', 'blue', 'LineWidth', 1.5);
set(r, 'Color', 'green', 'LineWidth', 1.5);

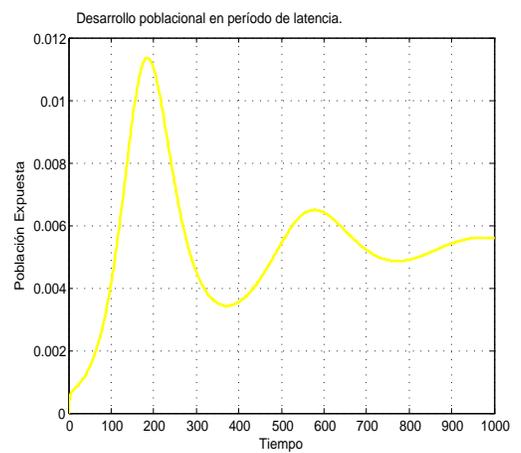
xlabel('Tiempo')
ylabel('Población Susceptible')
Title('Desarrollo poblacional de la clase Susceptible.')
```

Las gráficas obtenidas con este método son muy similares, y pueden observarse en 3.8, 3.9 y 3.10, y se corresponden con 3.3, 3.4 y 3.5, respectivamente.

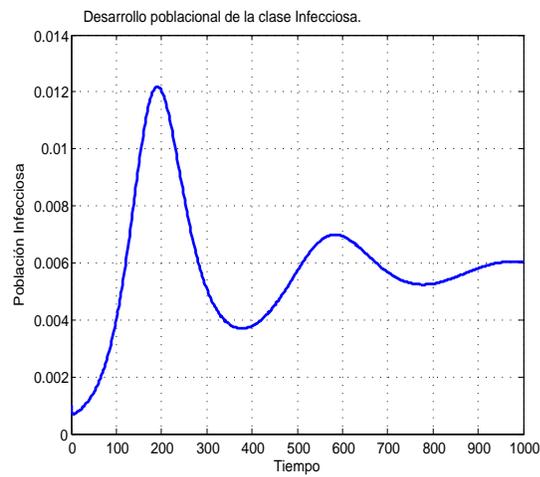
$$\begin{array}{ll} \Lambda = 0.00563 & r_1 = 0.1 \\ \mu = 0.00563 & r_2 = 0.08 \\ \beta_1 = 0.4 & d = 0.1 \\ k = 0.2 & \mathcal{R}_0 = 1.41 \\ s^* = 0.71 & e^* = 0.005 \\ i^* = 0.006 \end{array}$$



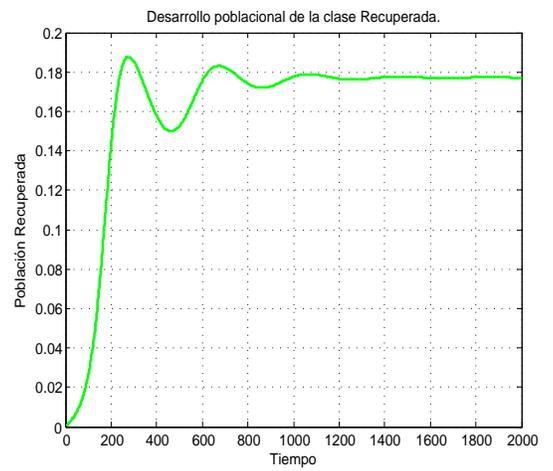
(a)



(b)



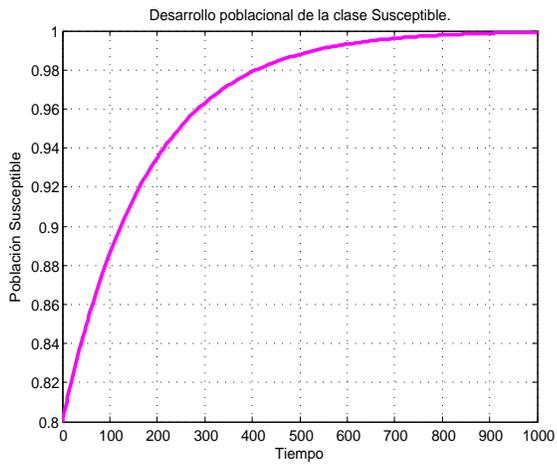
(c)



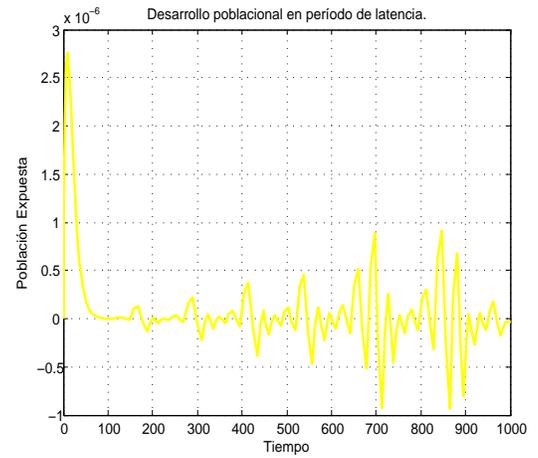
(d)

Figura 3.3

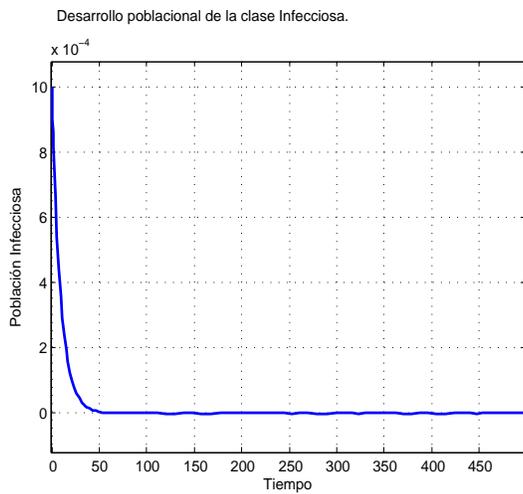
$$\begin{array}{ll}
 \Lambda = 0.00563 & r_1 = 0.1 \\
 \mu = 0.00563 & r_2 = 0.1 \\
 \beta_1 = 0.001 & d = 0.001 \\
 k = 0.002 & \mathcal{R}_0 = 0.0002 \\
 s^* = 5738.3 & e^* = -300.11 \\
 i^* = -5.63 &
 \end{array}$$



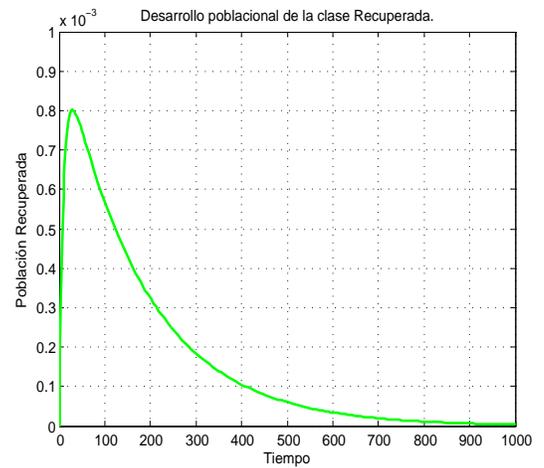
(a)



(b)



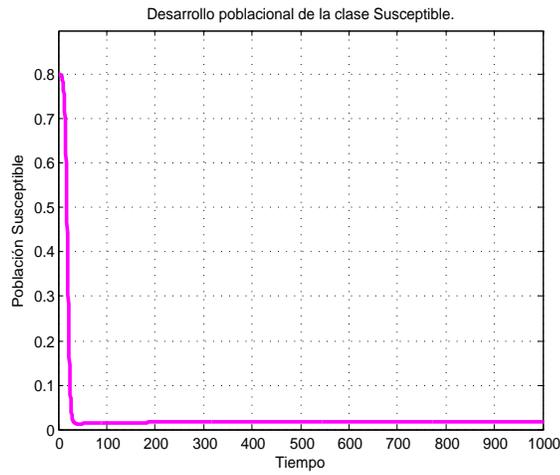
(c)



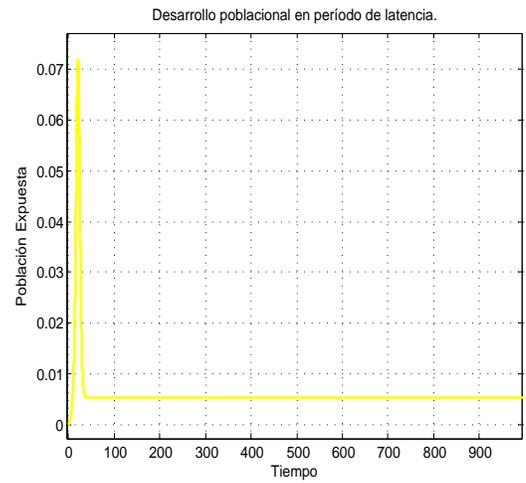
(d)

Figura 3.4

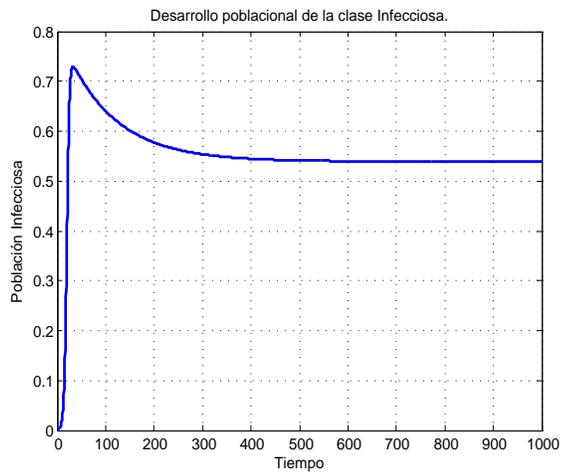
$$\begin{aligned} \Lambda &= 0.00563 & r_1 &= 0.06 \\ \mu &= 0.00563 & r_2 &= 0.003 \\ \beta_1 &= 0.6 & d &= 0.001 \\ k &= 1 & \mathcal{R}_0 &= 58.47 \\ s^* &= 0.017 & e^* &= 0.005 \\ i^* &= 0.54 \end{aligned}$$



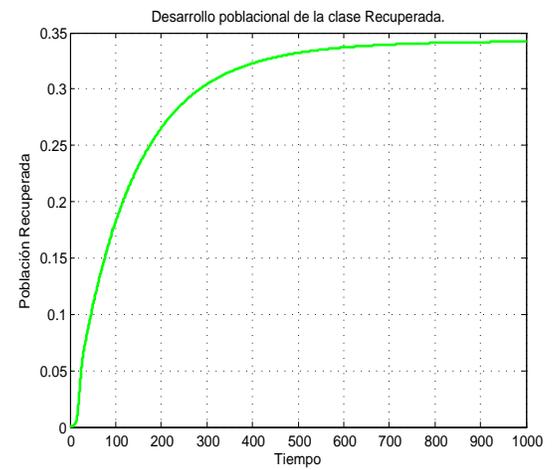
(a)



(b)



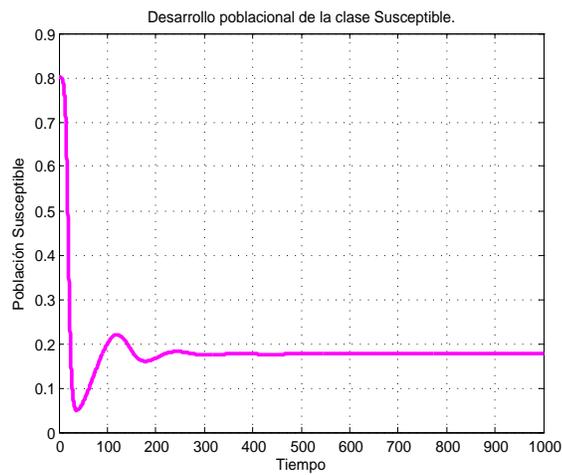
(c)



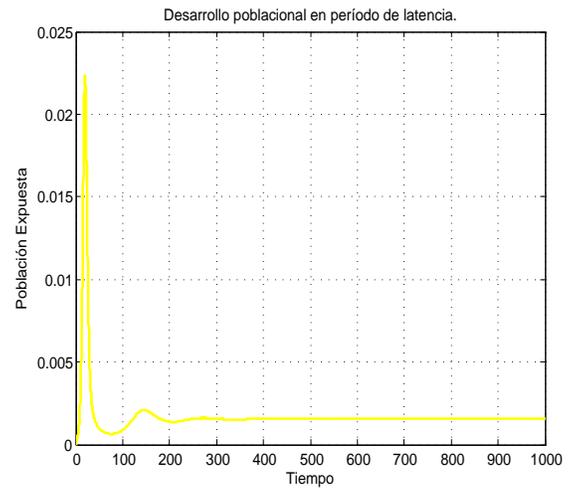
(d)

Figura 3.5

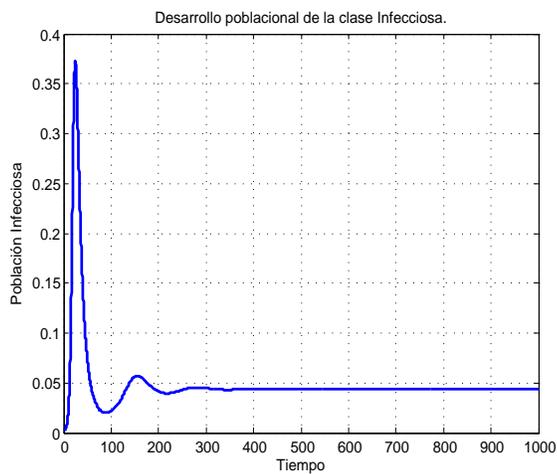
$$\begin{array}{ll}
 \Lambda = 0.00563 & r_1 = 0 \\
 \mu = 0.00563 & r_2 = 0 \\
 \beta_1 = 0.3 & d = 0.1 \\
 k = 0.1 & \mathcal{R}_0 = 2.7 \\
 s^* = 0.4 & e^* = 0.033 \\
 i^* = 0.032 &
 \end{array}$$



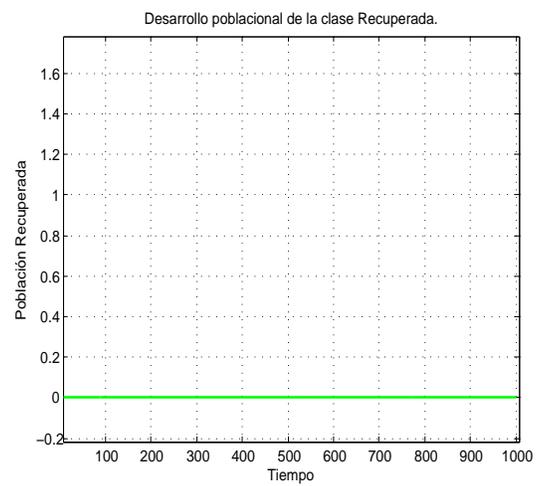
(a)



(b)



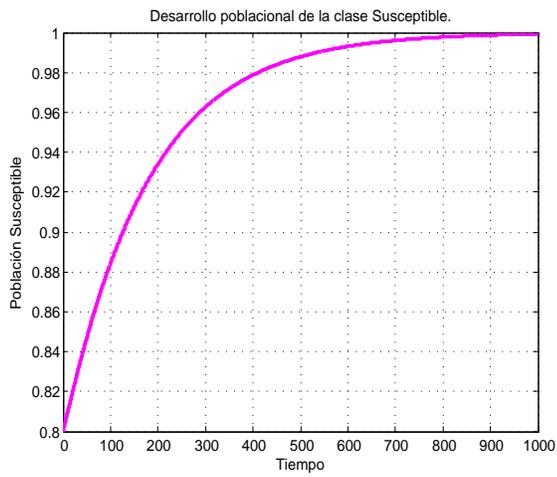
(c)



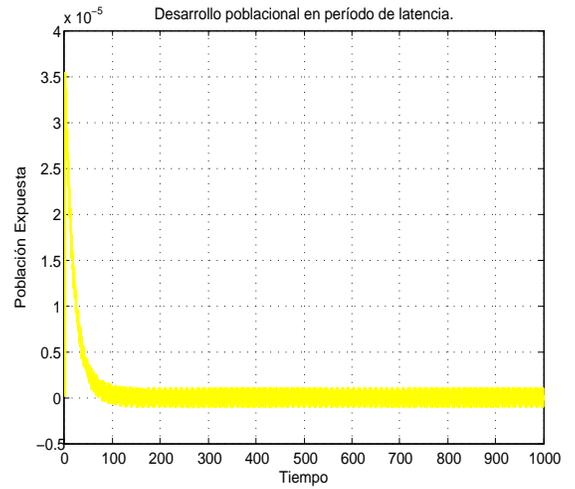
(d)

Figura 3.6

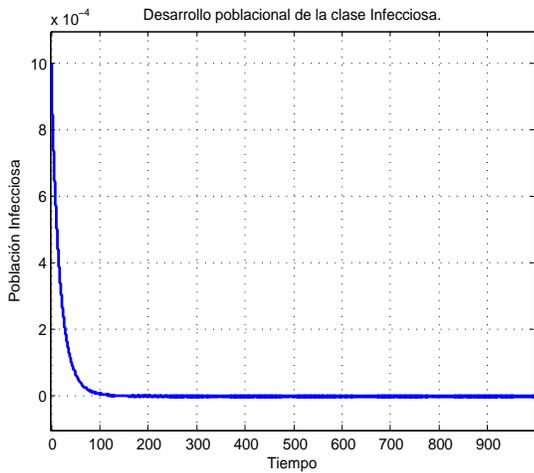
$$\begin{aligned} \Lambda &= 0.00563 & r_1 &= 0.1 \\ \mu &= 0.00563 & r_2 &= 0.01 \\ \beta_1 &= 0.2 & d &= 0.2 \\ k &= 0.4 & \mathcal{R}_0 &= 0.73 \\ s^* &= 1.36 & e^* &= -0.004 \\ i^* &= -0.01 \end{aligned}$$



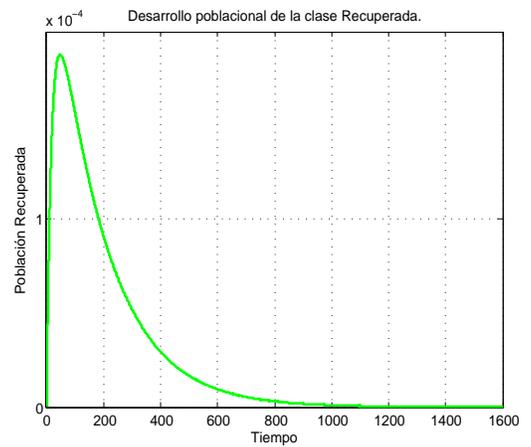
(a)



(b)



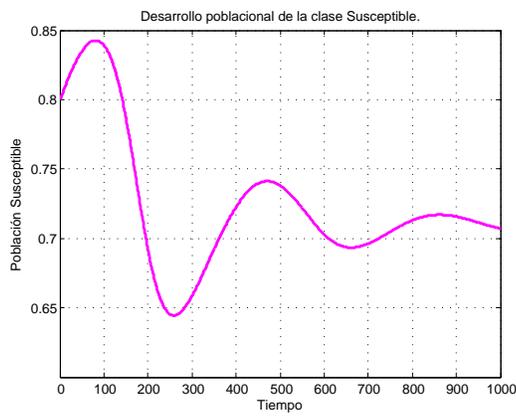
(c)



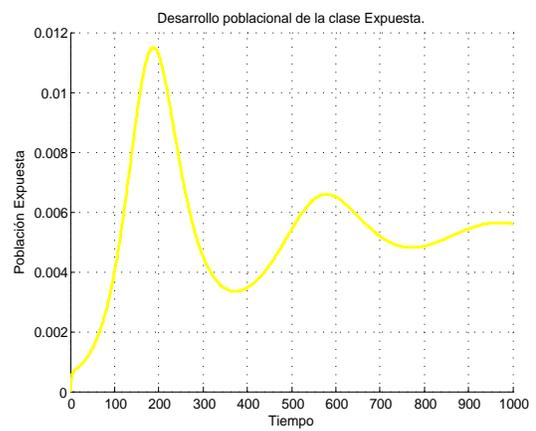
(d)

Figura 3.7

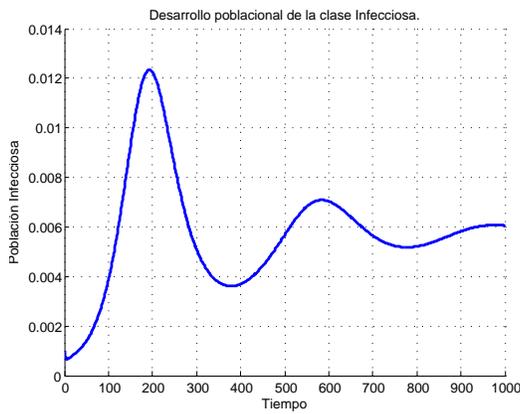
$$\begin{array}{ll}
 \Lambda = 0.00563 & r_1 = 0.1 \\
 \mu = 0.00563 & r_2 = 0.08 \\
 \beta_1 = 0.4 & d = 0.1 \\
 k = 0.2 & \mathcal{R}_0 = 1.41 \\
 s^* = 0.71 & e^* = 0.005 \\
 i^* = 0.006 &
 \end{array}$$



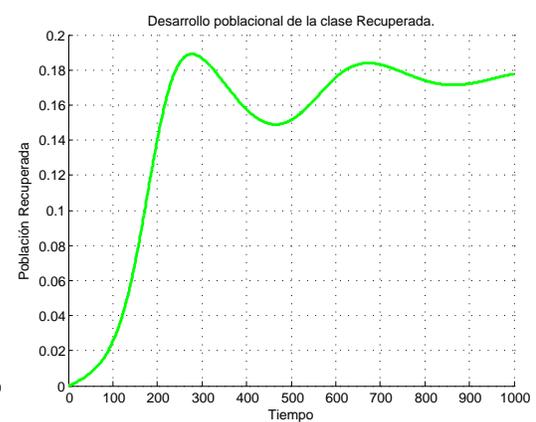
(a)



(b)



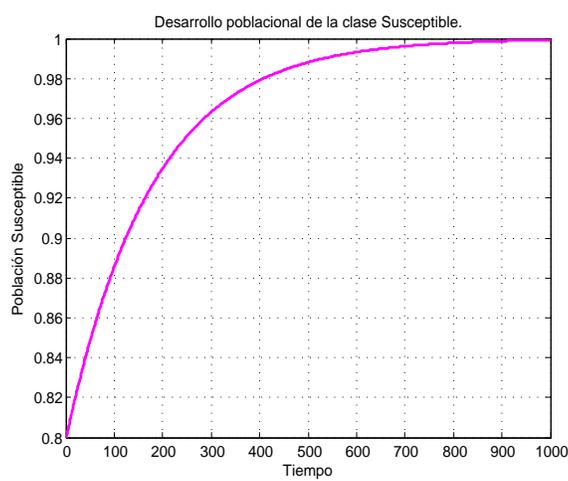
(c)



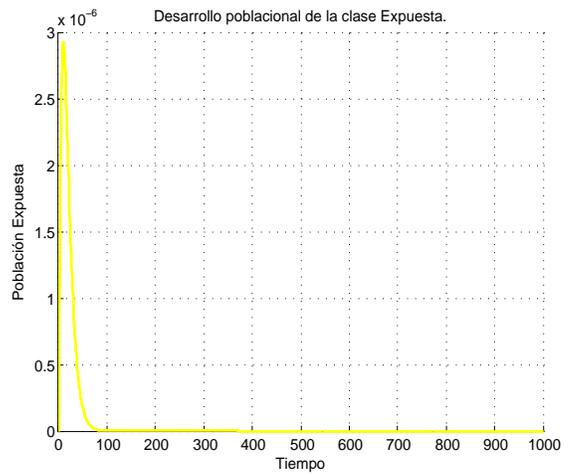
(d)

Figura 3.8

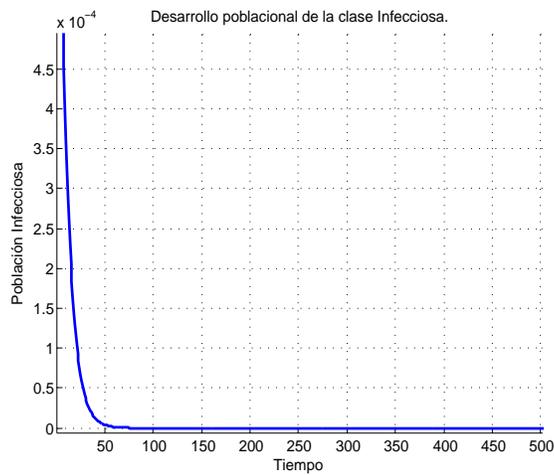
$$\begin{array}{ll}
 \Lambda = 0.00563 & r_1 = 0.1 \\
 \mu = 0.00563 & r_2 = 0.1 \\
 \beta_1 = 0.001 & d = 0.001 \\
 k = 0.002 & \mathcal{R}_0 = 0.0002 \\
 s^* = 5738.3 & e^* = -300.11 \\
 i^* = -5.63 &
 \end{array}$$



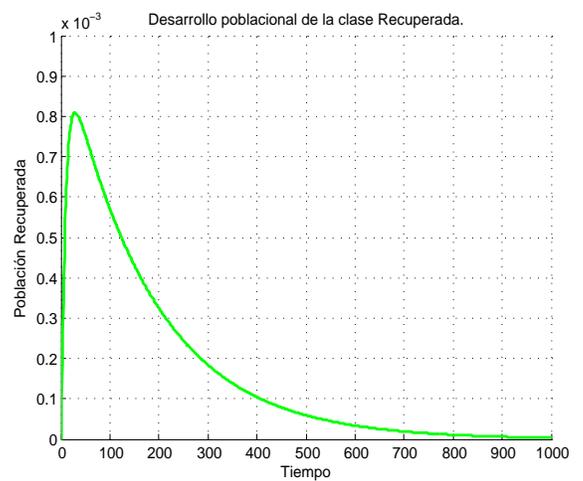
(a)



(b)



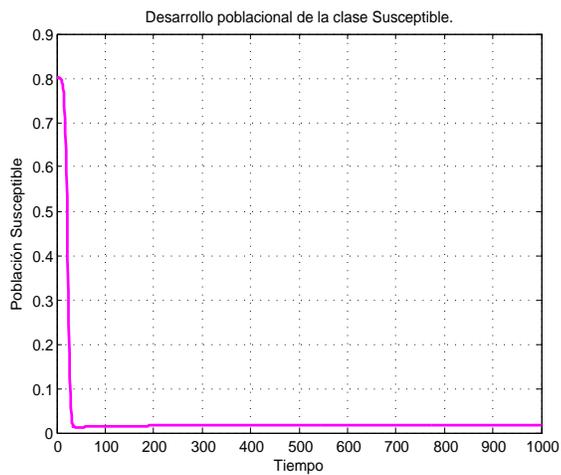
(c)



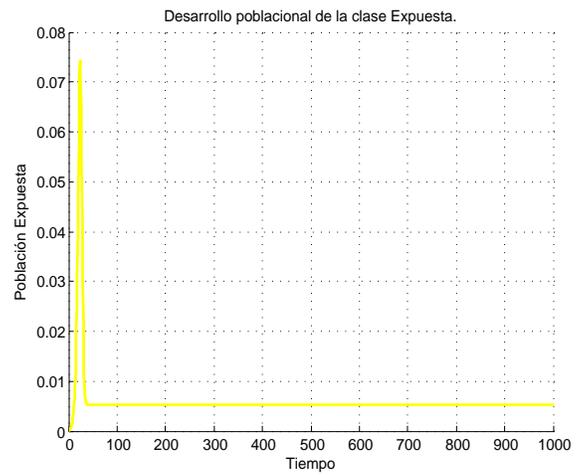
(d)

Figura 3.9

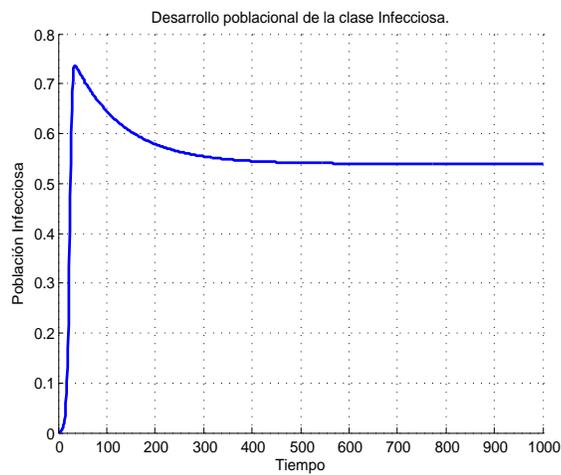
$$\begin{aligned} \Lambda &= 0.00563 & r_1 &= 0.06 \\ \mu &= 0.00563 & r_2 &= 0.003 \\ \beta_1 &= 0.6 & d &= 0.001 \\ k &= 1 & \mathcal{R}_0 &= 58.47 \\ s^* &= 0.017 & e^* &= 0.005 \\ i^* &= 0.54 \end{aligned}$$



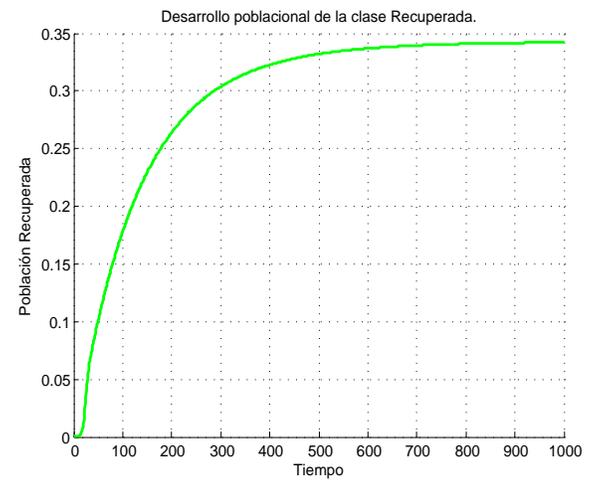
(a)



(b)



(c)



(d)

Figura 3.10

Apéndice A

Ecuaciones diferenciales de primer orden

Esta sección trata de cómo resolver de manera analítica las ecuaciones diferenciales de primer orden. Cabe mencionar que no todas las ecuaciones diferenciales pueden resolverse analíticamente, pero veremos que si tienen alguna forma en particular, existen métodos para resolverlas.

La resolución de ecuaciones diferenciales en términos de funciones analíticas no es inmediata, especialmente si no son lineales. En el caso de las ecuaciones de primer orden existen ciertos tipos especiales de ecuaciones que admiten método sencillos para resolverlas. Dada una ecuación diferencial, ésta puede estar expresada en distintas formas:

- **Forma general:**

$$F(t, x, x') = 0$$

- **Forma normal:**

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x)$$

- **Forma diferencial:**

$$M(t, x)dt + N(t, x)dx = 0$$

A.1. Ecuaciones separables

Definición 11. Una ecuación diferencial de la forma

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x)$$

es una ecuación separable o de variables separables si $f(t, x)$ se puede expresar como el producto de una función de t por una función de x , es decir

$$\frac{dx}{dt} = p(t)q(x)$$

Método de resolución.

Para resolver ecuaciones de este tipo, separamos las variables t y x , cada una en miembros opuestos de la ecuación. Suponemos que $q(x) \neq 0$, y tendremos

$$\frac{1}{q(x)} dx = p(t) dt$$

integrando en ambos lados, se tiene

$$\int \frac{1}{q(x)} dx = \int p(t) dt$$

obteniendo así la solución implícita $F(x) = G(t) + C$.

Ejemplo 11. Resolver la ecuación diferencial $x' = \frac{t+2}{x^4}$.

Solución. Separando las variables se tiene

$$x^4 dx = (t+2) dt$$

integrando en ambos lados

$$\int x^4 dx = \int (t+2) dt \implies \frac{1}{5} x^5 = \frac{1}{2} t^2 + 2t + C$$

Despejando la variable dependiente, tenemos

$$x(t) = \sqrt[5]{\frac{5}{2} t^2 + 10t + K}$$

con $K = 5C$.

A.2. Ecuaciones diferenciales exactas

Definición 12. Sea $\frac{dx}{dt} = f(t, x)$ una ecuación diferencial tal que se puede escribir de la forma

$$M(t, x)dx + N(t, x)dt = 0$$

con $M(t, x)$ y $N(t, x)$ funciones continuas en un rectángulo R . Se dice que es exacta si existe una función $F(t, x)$ tal que

$$\frac{\partial F(t, x)}{\partial t} = M(t, x) \quad y \quad \frac{\partial F(t, x)}{\partial x} = N(t, x)$$

y además se verifica

$$\frac{\partial M(t, x)}{\partial x} = \frac{\partial N(t, x)}{\partial t}$$

Método de resolución

Veremos con un ejemplo en particular la manera de resolver un problema de este tipo.

Ejemplo 12. Encontrar la solución de la ecuación diferencial $\frac{dx}{dt} = \frac{x}{x-t}$.

Solución. Reescribamos la ecuación:

$$\frac{dx}{dt} = \frac{x}{x-t} \implies x + (t-x)\frac{dx}{dt}$$

Sean

$$M(t, x) = x$$

$$N(t, x) = t - x$$

Como se cumple que $M_x = 1 = N_t$, entonces la ecuación es exacta. Hacemos

$$U_t = x$$

$$U_x = t - x$$

De $U_t = x$ tenemos que $U(t, x) = xt + p(x)$. De la otra condición tenemos

$$U_x = t + p'(x) = t - x \implies p'(x) = -x \implies p(x) = -\frac{1}{2}x^2$$

Tenemos entonces que

$$U(t, x) = xt - \frac{1}{2}x^2 = C$$

Como no es posible obtener una expresión explícita de la función $x(t)$, la dejamos expresada tal y como está.

Supongamos que dada la ecuación $M(t, x)dx + N(t, x)dt = 0$ es exacta. Entonces, tenemos que

$$\frac{\partial F(t, x)}{\partial t} = M(t, x)$$

Esto implica que

$$F(t, x) = \int M(t, x)dt = G(t, x) + g(x)$$

con $G(t, x)$ una primitiva de $M(t, x)$ respecto de t .

Ahora, sabemos que $\frac{\partial F(t, x)}{\partial x} = N(t, x)$, entonces $\frac{\partial G(t, x)}{\partial x} + g'(x) = N(t, x)$, de donde se tiene que $g'(x) = N(t, x) - \frac{\partial G(t, x)}{\partial x}$ y por tanto

$$g(x) = \int (N(t, x) - \frac{\partial G(t, x)}{\partial x})dx$$

Resumiendo, tenemos que

$$F(t, x) = G(t, x) + \int \left(N(t, x) - \frac{\partial G(t, x)}{\partial x} \right) dx$$

A.3. Ecuaciones lineales

Una clase de ecuaciones diferenciales que aparecen con frecuencia en las aplicaciones es la constituida por las ecuaciones lineales. Veremos la forma de resolver este tipo de ecuaciones, ecuaciones lineales de primer orden.

Definición 13. Una ecuación lineal de primer orden es aquella que tiene la forma

$$a(t)x' + b(t)x = c(t) \tag{A.1}$$

donde $a(t)$, $b(t)$ y $c(t)$ dependen sólo de t .

Supongamos que $a(t)$, $b(t)$ y $c(t)$ son funciones continuas en un intervalo y que $a(t) \neq 0$. Entonces la ecuación (A.1) puede llevarse a la forma

$$x' + P(t)x = Q(t) \tag{A.2}$$

Método de resolución

Si $P \equiv 0$ la ecuación es separable, cuyo método para resolver este tipo de ecuaciones se estudió anteriormente. Supongamos entonces que P no es la función cero. Multiplicamos ambos lados por

$$\varphi(t) = e^{\int P(t)dt}$$

a esta expresión se le llama **factor integrante** de la ecuación, y se tiene entonces la ecuación equivalente a (A.2)

$$\varphi(t)x' + \varphi(t)P(t)x = \varphi(t)Q(t) \implies e^{\int P(t)dt}x' + e^{\int P(t)dt}P(t)x = e^{\int P(t)dt}Q(t)$$

Notemos que $\varphi(t)P(t) = \varphi'(t)$, por tanto

$$\varphi(t)x' + \varphi'(t)x = \varphi(t)Q(t) \implies \frac{d}{dt}(\varphi(t)x) = \varphi(t)Q(t)$$

Integrando respecto de t se tiene que

$$\varphi(t)x = \int \varphi(t)Q(t)dt + C$$

Por tanto, la solución general estará dada por

$$x(t) = \frac{1}{\varphi(t)} \left(\int \varphi(t)Q(t)dt + C \right)$$

Pero $\frac{1}{\varphi(t)} = \frac{1}{e^{\int P(t)dt}} = e^{-\int P(t)dt}$, por tanto, la solución general será

$$x(t) = e^{-\int P(t)dt} \left(\int e^{\int P(t)dt} Q(t)dt + C \right)$$

Ejemplo 13. Hallar la solución general de la ecuación $x' + 2tx = 2te^{-t^2}$

Solución. Para esta ecuación se tiene que $P(t) = 2t$ y $Q(t) = 2te^{-t^2}$, por tanto el factor integrante de la ecuación es $\varphi(t) = e^{\int 2tdt} = e^{t^2}$. Ahora, calculamos

$$\int e^{t^2} (2te^{-t^2})dt = \int 2tdt = t^2$$

Por tanto, la solución general de la ecuación diferencial es

$$x(t) = e^{-t^2}(t^2 + C)$$

A.4. La ecuación de Bernoulli

Definición 14. Se llama ecuación de Bernoulli a la ecuación diferencial de primer orden que se puede expresar en la forma

$$x' + P(t)x = Q(t)x^n \quad (\text{A.3})$$

con $P(t)$, $Q(t)$ funciones continuas en un intervalo abierto de \mathbb{R} , y $n \in \mathbb{R}$.

Método de resolución

Si $n = 0$ o $n = 1$, la ecuación (A.3) es una ecuación lineal.

Supongamos entonces que $n \neq 0, 1$. Dividimos la ecuación por x^n , entonces se obtiene la ecuación equivalente

$$x^{-n}x' + P(t)x^{1-n} = Q(t) \quad (\text{A.4})$$

Sea el cambio de variable

$$v = x^{1-n}$$

De aquí se obtiene que

$$\frac{dv}{dt} = (1-n)x^{1-n-1} \cdot \frac{dx}{dt} \implies v' = (1-n)x^{-n}x'$$

Por tanto,

$$x' = \frac{1}{1-n}x^n v'$$

Haciendo el cambio de variable en (A.4) se tiene

$$\frac{1}{1-n}x^n x^{-n}v' + P(t)v = Q(t) \implies v' + (1-n)P(t)v = (1-n)Q(t)$$

Esta última ecuación es una ecuación lineal, por tanto, de aquí en adelante, se aplica el método ya visto para resolver las ecuaciones lineales de primer orden.

Ejemplo 14. Hallar la solución general de la ecuación de Bernoulli $x' + x = e^t y^{-2}$

Solución. Para esta ecuación de Bernoulli se tiene que $n = -2$, por tanto, el cambio de variable es $v = x^3$. Luego,

$$\frac{dv}{dt} = 3x^2 \frac{dx}{dt} \implies x' = \frac{1}{3}x^{-2}v'$$

Multiplicando toda la ecuación por x^2 se tiene

$$x^2 x' + x^3 = e^t$$

y haciendo el cambio de variable en la ecuación tenemos

$$\frac{1}{3} x^2 x^{-2} v' + v = e^t \implies v' + 3v = 3e^t$$

Esta última ecuación es una ecuación lineal, así que la resolvemos como ya aprendimos:

$P(t) = 3$, $Q(t) = 3e^t$. El factor integrante es $e^{\int 3dt} = e^{3t}$

$$\begin{aligned} \implies e^{3t} v' + 3e^{3t} v &= 3 \cdot e^{3t} \cdot e^t \\ \implies \frac{d}{dt} (e^{3t} v) &= 3e^{4t} \\ \implies e^{3t} v &= 3 \int e^{4t} dt + C \\ \implies v &= e^{-3t} \left(3 \left(\frac{1}{4} e^{4t} \right) + C \right) \\ \implies x^3 &= \frac{3}{4} e^t + C e^{-3t} \\ \implies x(t) &= \sqrt[3]{\frac{3}{4} e^t + C e^{-3t}} \end{aligned}$$

Apéndice B

Desigualdad de Gronwall y las Iterantes de Picard.

B.1. Desigualdad de Gronwall.

El *lema de Gronwall* establece una cota superior para las funciones no negativas que pueden acotarse por una función lineal de su integral. Este lema es de gran utilidad para probar la continuidad y unicidad de soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias.

En este trabajo no se demuestra este resultado.

Lema 1. Sean $f : I \subseteq \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ y $x_0 \in I$ tales que

$$0 \leq f(x) \leq A + B \int_{x_0}^x f(d) ds$$

$\forall x \in I$ y $A, B \geq 0$ constantes. Entonces

$$f(x) \leq Ae^{B(x-x_0)}$$

.

B.2. Iterantes de Picard.

En algunas ocasiones se vuelve complicado el resolver una ecuación diferencial, sin embargo existe un método numérico que me permite aproximar la solución de una ecuación diferencial. Este proceso se conoce como *el proceso iterativo de Picard*.

Consideramos el problema de valor inicial

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x), \quad x(t_0) = x_0$$

Se sabe que la solución a este problema está dada por

$$x(t) = x_0 + \int_{x_0}^x f(s, x(s)) ds$$

El proceso iterativo de Picard consiste en construir una sucesión $\{x_n\}$ de funciones que se aproximen cada vez más a la solución deseada. El proceso para el cálculo de las iterantes de Picard es como sigue:

1. Sea

$$x^0(t) = x_0$$

para cada t .

2. Luego, de forma inductiva formamos

$$x^{i+1}(t) = x_0 + \int_{x_0}^x f(s, x^i(s)) ds$$

para $i \geq 1$.

Apéndice C

Aprenda sobre la Tuberculosis

C.1. ¿Qué es la tuberculosis y cómo se contagia?

La tuberculosis (TB) es una enfermedad grave causada por bacterias. Se contagia de persona a persona por medio del aire y usualmente afecta los pulmones. Cuando una persona que está enferma de TB tose, estornuda o habla, lanza al aire gérmenes de TB. Otras personas pueden respirar los gérmenes de TB y algunas se pueden enfermar.

Es poco probable que alguien se contagie la tuberculosis por un contacto breve con personas enfermas de TB (como por ejemplo en buses). La TB no se contagia por estrechar las manos, compartir comida o tener relaciones sexuales.

Las personas usualmente se contagian con los gérmenes de TB en sus cuerpos sólo cuando pasan mucho tiempo cerca de alguien que está enfermo de TB.

La mayoría de personas no saben que tienen TB hasta que se enferman. Por eso es una buena idea que las personas que tienen alto riesgo de tener TB se hagan una prueba. Con el tratamiento y la atención apropiados, la TB se puede prevenir y curar.

C.2. Cómo hace el cuerpo para combatir la TB

Las personas usualmente se contagian con los gérmenes de TB en sus cuerpos sólo cuando pasan mucho tiempo cerca de alguien que está enfermo de TB. Aún entonces, el cuerpo

usualmente puede luchar contra los gérmenes.

- **TB latente** La mayoría de las personas que respiran gérmenes de TB no se enferman. Cuando las defensas del cuerpo de una persona son fuertes, construyen una barrera alrededor de los gérmenes para que no se pueda multiplicar y perjudicar al cuerpo. Estas barreras se llaman *tubérculos* (por tal razón, la TB recibe tal nombre). Una vez los gérmenes quedan atrapados dentro de los tubérculos, disminuyen y detienen su actividad como si se quedaran dormidos. Eso se llama **TB latente (inactiva)**. Mientras las defensas del cuerpo permanecen fuertes, las personas con TB latente no se sienten enfermas y no pueden contagiar sus gérmenes de TB a otros. Pero si las defensas del cuerpo se debilitan, las personas con TB latente se pueden enfermar. Los gérmenes de TB se despiertan y empiezan a propagarse. Por eso es que muchas personas con TB latente toman medicinas para destruir los gérmenes de la TB.

- **TB activa** Cuando una persona no puede combatir los gérmenes de la TB, se enferma. Los gérmenes de la TB se multiplican y hacen mucho daño al cuerpo. Esta enfermedad se llama **TB activa**. Las personas con TB activa usualmente tienen los siguientes síntomas:
 - Tos durante más de 3 semanas.
 - Sudor intenso en la noche.
 - Sensación de cansancio todo el tiempo.
 - Pérdida del apetito.
 - Fiebre.
 - Escalofríos.

Las personas con TB activa deben tomar medicina para destruir los gérmenes y evitar daño a los pulmones y a otras partes del cuerpo, incluyendo el cerebro, la columna vertebral y los riñones. Hasta que toman medicina, las personas con TB

activa en sus pulmones son contagiosas. Pueden contagiar la enfermedad a otros cuando hablan, tosen o estornudan.

La medicina para la TB se tiene que tomar durante varios meses para que haga su efecto. Las personas con TB activa se sienten mejor cuando empiezan a tomar la medicina. Pero los gérmenes de la TB pueden regresar si una persona no toma sus medicinas durante suficiente tiempo. Si eso sucede, los gérmenes de la TB se pueden poner más fuerte y son más difíciles de matar.

Índice alfabético

- Aplicación de flujo, 57
- Aproximación lineal, 41
- Clase
 - expuesta, 124
 - infecciosa, 110, 124
 - recuperada, 110, 124
 - susceptible, 110, 124
- Comportamiento transitorio, 85
- Criterio de Routh-Hürwitz, 37
- Curvas integrales, 47
- Desigualdad de Gronwall, 36, 163
- Diagrama de fases, 47
- Ecuación
 - autónoma, 19
 - de Bernoulli, 13, 161
 - de variables separables, 157
 - en diferencia, 77, 79
 - exacta, 158
 - lineal, 13
 - lineal de primer orden, 159
 - logística, 26
 - variacional, 40
- Efecto Allee, 28
- Equilibrio
 - asintóticamente estable, 70
 - inestable, 70
- Estabilidad en el sentido de Lyapunov, 38
- Factor de estiramiento, 88
- Fenómeno umbral, 27
- Función
 - globalmente lipschitziana, 30
 - localmente lipschitziana, 17, 30
- Iteración de un modelo, 83
- Iterantes de Picard, 35
- Ley de acción de masas, 99
- Linealización del modelo, 88
- Método
 - de aproximaciones sucesivas, 30
 - de Routh-Hürwitz, 71
 - indirecto de Lyapunov, 70
- Modelo
 - SEIR*, 125
 - SIR*, 113
 - logístico, 82
 - Ricker, 91
- Número básico de reproducción, 115, 134

- Perturbación del equilibrio, 87
- Población orbital, 102
- Problema de valor inicial, 15
- Proceso iterativo de Picard, 164
- Prolongación de solución, 18
- Punto de equilibrio, 85, 105

- Sigmoide, 83
- Sistema dinámico, 23
- Solución
 - asintóticamente estable, 38
 - estable, 38
 - inestable, 38
- Solución de una ecuación diferencial, 12
- Solución estacionaria, 22

- Tasa de crecimiento per-cápita, 80
- Tasa finita de crecimiento, 77
- Teorema de existencia y unicidad, 16, 21, 34

- Valor umbral, 115

Bibliografía

- [1] Gordillo F. “Estabilidad de Sistemas No Lineales Basada en la Teoría de Liapunov”. Revista Iberoamericana de Automática e Informática Industrial. Abril 2009. Vol.6
- [2] Mouronte-López ML. “Caracterización y Análisis de Sistemas Dinámicos no Lineales Mediante el Estudio del Mapa de Frecuencias y espacio de fases”. Director: Benito-Zafrilla R.M. Universidad Politécnica de Madrid, 2004
- [3] Ibarguen, E. et al. “Estabilidad global para un modelo matemático sobre la respuesta inmune innata de macrófagos contra el *Micobacterium tuberculosis*. Revista Sigma, 2010
- [4] Brauer F, Castillo-Chávez C. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. 2012. 508 p. Hardcover. ISBN: 978-1-4614-1685-2
- [5] Feng Z, Castillo-Chavez C, Capurro Angel. “A Model for Tuberculosis with Exogenous Reinfection”. 2000
- [6] Colijn C, Cohen T, Murray M. “Mathematical Models of Tuberculosis: Accomplishments and Future Challenges”. Noviembre 2006
- [7] “Análisis de la Estabilidad Interna de los Sistemas No Lineales”. Universidad Nacional de Rosario (UNR) - Argentina
- [8] Castillo-Chavez C, Feng Z. “Global Stability of an age-structure model for TB and its applications to optimal vaccination strategies”. 1998. Elsevier Science Inc.

- [9] Kermack W. O., McKendrick A. G. “A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics”. Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character. Vol. 115
- [10] Imaz C., Vorel Z. “Ecuaciones Diferenciales Ordinarias”. Editorial Limusa. Mexico. 1975.
- [11] Fernandez Pérez, C. “Ecuaciones diferenciales I. Ecuaciones Lineales”. Madrid: Pirámide.
- [12] Ibarguen, E. et al. 2010. “Estabilidad global para un modelo matemático sobre la respuesta inmune innata de macrófagos contra el *Mycobacterium tuberculosis*”. Revista Sigma, 10 (1) .Pág. 1-17 [http://coes.udenar.edu.co/revistasigma/articulos/Volumen X No 1/1.pdf](http://coes.udenar.edu.co/revistasigma/articulos/Volumen%20X%20No%201/1.pdf).
- [13] Wigginton J. E., Kirschner. “A model to predict cell-mediated immune regulatory mechanisms during human infection with *Mycobacterium tuberculosis*”. Departamento de Microbiología e Inmunología, Universidad de Medicina de Michigan.
- [14] Aparicio J., Capurro A., Castillo-Chávez C. “Markers of Disease Evolution: The Case of Tuberculosis”. <http://www.idealibrary.com>.
- [15] Allman E. S., Rhodes J.A. *Mathematical Models in Biology. An Introduction*. 2004. 385 p. ISBN-I3: 987-0-521-81980-0, ISBN-I0: 0-521-81980-6.
- [16] Khalil H.K. *Nonlinear Systems*. Second Edition. 1996. Michigan State University. ISBN: 0-13-228024-8.
- [17] van den Driessche P., Watmough J. “Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission”.
- [18] Oetiker T., Partl H., Hyna I., Schlegl E. “La introducción no-tan-corta a $\text{\LaTeX}2\epsilon$ o $\text{\LaTeX}2\epsilon$ en 127 minutos”. Versión 4.20.2. 2010

