

Universidad Nacional de Salta

Facultad de Ciencias Exactas



Análisis dinámico de la transmisión de infecciones por micro y macroparásitos

Autor: Leonardo Miguel Yanez

Director: Gonzalo Maximiliano López

Para Beatriz y Demetria

Agradecimientos

Quiero dedicar este logro a mi familia, en especial a mi Papá y mi Mamá quienes siempre han creído en mí y me han apoyado incondicionalmente. Y un agradecimiento especial a Ivanna, por ser mi mayor fuente de apoyo y fortaleza durante este proceso.

Tambien expresar mis agradecimiento a mi Director, Gonzalo M. López, por su orientación, paciencia y disposición a lo largo de este proceso. Su experiencia y consejos fueron fundamentales para el desarrollo de esta tesis.

A mis compañeros de facultad y amigos, en especial a Pedro, Alan y Jose quienes han estado a mi lado en cada paso de este camino, ofreciéndome su apoyo incondicional, risas y momentos de distracción cuando más los necesitaba.

Al jurado por leer esta tesis y por sus consejos para mejorarla.

Resumen

Este trabajo aborda el estudio matemático de las dinámicas de transmisión de agentes patógenos, comenzando con un análisis dinámico de modelos de microparásitos, como virus y bacterias, y macroparásitos, como helmintos. El estudio se basa en herramientas teóricas de los sistemas dinámicos, con énfasis en conceptos como estabilidad, valores propios y bifurcaciones, que permiten modelar y prever transiciones críticas en las dinámicas de infección.

El análisis parte de una base teórica sólida sobre sistemas lineales y no lineales, para luego utilizar modelos clásicos como SIR y SIS en la descripción de infecciones por microparásitos, considerando factores como la demografía y los equilibrios epidemiológicos. Posteriormente, el enfoque se amplía hacia el estudio de infecciones por macroparásitos, incorporando nuevas perspectivas sobre la interacción huésped-parásito, el número reproductivo básico y las bifurcaciones asociadas a estos sistemas más complejos.

El trabajo concluye con una descripción de los modelos de microparásitos y macroparásitos, resaltando las diferencias clave en sus dinámicas y sus implicaciones en el modelado matemático y la predicción de comportamientos epidemiológicos.

Este enfoque integrador, basado en modelos clásicos y literatura relevante, busca llenar vacíos en el conocimiento sobre el análisis dinámico de la transmisión de enfermedades, especialmente en el caso de los macroparásitos. Además, proporciona herramientas fundamentales para diseñar intervenciones efectivas en áreas endémicas, promoviendo estrategias óptimas de control y eliminación de infecciones parasitarias, con el objetivo de mejorar la salud pública en comunidades afectadas.

Abstract

This work deals with the mathematical study of pathogen transmission dynamics, starting with a dynamic analysis of models of microparasites, such as viruses and bacteria, and macroparasites, such as helminths. The study is based on theoretical tools of dynamical systems, with emphasis on concepts such as stability, eigenvalues, and bifurcations, which allow modeling and prediction of critical transitions in infection dynamics.

The analysis starts with a solid theoretical foundation on linear and nonlinear systems, and then uses classical models such as SIR and SIS to describe microparasite infections, taking into account factors such as demography and epidemiological equilibria. The focus is then extended to the study of macroparasite infections, incorporating new perspectives on host-parasite interaction, basic reproductive number, and the bifurcations associated with these more complex systems.

The paper concludes with a description of microparasite and macroparasite models, highlighting key differences in their dynamics and their implications for mathematical modeling and prediction of epidemiological behavior.

This integrative approach, based on classical models and relevant literature, aims to fill knowledge gaps in the dynamic analysis of disease transmission, especially in the case of macroparasites. In addition, it provides fundamental tools for designing effective interventions in endemic areas, promoting optimal strategies for the control and elimination of parasitic infections, with the aim of improving the public health of affected communities.

Índice general

Resumen	VII
Abstract	IX
Índice general	XI
Introducción	1
1. Conceptos preliminares	7
1.1. Sistemas lineales en \mathbb{R}^2	7
1.1.1. Teorema Fundamental de los Sistemas Lineales	7
1.1.2. Retratos de fase	9
1.1.3. Valores propios Complejos	13
1.1.4. Valores Propios Múltiples	14
1.2. Forma de Jordan	16
1.3. Teoría de la estabilidad	17
2. Sistemas no lineales: Teoría Local	21
2.1. El Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad	21
2.2. El Intervalo Máximo de Existencia	25
2.3. El Flujo definido por una Ecuación Diferencial	27
2.4. Linealización	29
3. Sistemas no lineales: Teoría de la Bifurcación	31
3.1. Variedad Central	34
3.2. Forma Normal	41
3.3. Bifurcaciones en puntos de equilibrio no hiperbólicos	45
4. Modelado matemático y análisis de la dinámica de infección por microparásitos	55
4.1. Introducción	55
4.2. Un Modelo SIR	56

4.2.1.	Modelo de Kermack-McKendrick	56
4.3.	SIS: Un modelo para enfermedades sin inmunidad	58
4.3.1.	Número Reproductivo Básico	60
4.4.	Modelo con Demografica de Kermack-McKendrick	62
4.4.1.	Equilibrios libre de enfermedad y endémicos.	63
4.4.2.	Análisis de estabilidad local de los equilibrios	64
4.4.3.	Diagrama de Bifurcación	65
5.	Modelado matemático y análisis de la dinámica de infección por macroparasitos	69
5.1.	Introducción	69
5.2.	Formulación del modelo	71
5.3.	Equilibrios y el número reproductivo básico	74
5.4.	Análisis de Estabilidad Local	78
5.5.	Dinámica y Análisis de Bifurcación	80
5.6.	Análisis de sensibilidad	83
5.7.	Simulaciones	85
	Discusión y conclusión general	89
	Bibliografía	93

Introducción

El modelado matemático es una herramienta fundamental en salud pública para comprender y controlar la propagación de enfermedades infecciosas. Su aplicación ha sido ampliamente utilizada para evaluar estrategias de control de patologías como la tuberculosis (TB), el VIH, la influenza, las geohelmintiasis y enfermedades emergentes como el virus Zika y el SARS-CoV-2.

El objetivo de un modelo matemático de una enfermedad infecciosa es describir el proceso de transmisión de la enfermedad, que se puede definir generalmente de la siguiente manera: cuando individuos infecciosos son introducidos en una población de susceptibles, la enfermedad se transmite a otros individuos a través de sus modos de transmisión, propagándose así en la población. Un individuo infectado puede permanecer asintomático en las primeras etapas de la infección, desarrollando síntomas clínicos más adelante y siendo diagnosticado como un caso de enfermedad.

Cuando se trata de microparásitos, como virus, bacterias, hongos o protozoos, el modelo se enfoca en la dinámica de infecciones rápidamente transmisibles y de duración relativamente corta dentro del huésped. La transmisión ocurre frecuentemente de manera directa entre individuos, y el ciclo de transmisión puede producir brotes rápidos debido a la capacidad de los microparásitos para replicarse rápidamente en el huésped. Además, un individuo infectado generalmente desarrolla inmunidad tras la recuperación, lo que limita la propagación futura en poblaciones cerradas.

Por otro lado, para macroparásitos como helmintos o artrópodos, el modelo debe incluir la dinámica de la carga parasitaria dentro de los huéspedes. Estos organismos no se reproducen directamente en el huésped; más bien, la severidad de la infección depende del número de parásitos adquiridos del ambiente o por transmisores intermedios. La transmisión está influenciada por factores como condiciones ambientales, ciclos de vida complejos y vectores, en caso de que estos estén involucrados. La inmunidad desarrollada por los huéspedes frente a los macroparásitos tiende a ser parcial o incompleta, lo que permite infecciones recurrentes.

Si el número de casos aumenta por encima del promedio habitual en un corto período de tiempo, ocurre un brote de la enfermedad. Cuando la enfermedad se

propaga rápidamente a muchas personas, es una epidemia. Los individuos infectados se recuperan de la infección, ya sea a través de tratamiento o por la acción del sistema inmunológico, y adquieren diversos grados de inmunidad frente a reinfecciones. En microparásitos, esta inmunidad puede ser duradera, mientras que en macroparásitos suele ser más limitada.

Cuando el grupo de individuos susceptibles se agota lo suficiente, las nuevas infecciones cesan y la epidemia disminuye y se detiene.

Sin embargo, si se añaden nuevos susceptibles a la población, ya sea por nacimiento o migración, o si la reinfección ocurre fácilmente, la epidemia puede persistir y la infección puede permanecer en la población durante un largo período de tiempo. Esto se aplica tanto a microparásitos como a macroparásitos, aunque con diferencias en los mecanismos de persistencia: los macroparásitos pueden depender de ciclos de transmisión que incluyan reservorios ambientales o vectores, mientras que los microparásitos pueden mantenerse mediante infecciones subclínicas o cronicación en algunos individuos. En este caso, se dice que la enfermedad es endémica en la población.

Si la enfermedad se propaga espacialmente a escala global a muchos países y continentes, ocurre una pandemia. La gripe española de 1918, que se propagó a todos los continentes y mató a más de 50 millones de personas, es un ejemplo clásico de una pandemia global. Más recientemente, la pandemia de COVID-19 del 2019 ha demostrado el impacto global que pueden tener los virus, afectando a millones de personas en todos los continentes y poniendo de relieve la importancia de los modelos matemáticos para predecir y controlar la propagación. Con los viajes aéreos modernos, muchas enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes tienen un potencial creciente para causar una pandemia global. Un ejemplo a escala global de infecciones por macroparásitos es la oncocercosis (ceguera de los ríos), causada por el parásito *Onchocerca volvulus* y transmitida por moscas negras, que afecta a millones de personas en regiones de África y América Latina, destacando la importancia de controlar vectores y ciclos de transmisión.

Ante una epidemia inminente, las autoridades de salud pública buscarán respuestas a las siguientes preguntas importantes:

1. ¿Qué tan grave será la epidemia? La gravedad se puede medir de dos maneras diferentes
 - Número total de personas infectadas que podrían requerir atención médica.
 - Número máximo de personas infectadas en un momento dado. En el caso de los microparásitos, la transmisión rápida y la capacidad de replicación dentro del huésped pueden generar un gran número de casos en poco tiempo, lo que podría saturar los sistemas de salud. Para los ma-

crotopárasitos, además del número de personas infectadas, es importante considerar la carga parasitaria, ya que una mayor carga puede agravar los síntomas y requerir tratamientos más prolongados o especializados.

2. ¿Cuánto tiempo durará? ¿Cuándo alcanzará su pico? ¿Cuál será su curso temporal? En los microparásitos, la duración y el pico de la epidemia dependen del período de incubación, la tasa de transmisión y el R_0 (número básico de reproducción). En los macroparásitos, los ciclos de vida más largos y la dependencia de factores ambientales hacen que las epidemias puedan extenderse más en el tiempo, con picos menos marcados.
3. ¿Qué tan efectivas serán las cuarentenas o las vacunaciones? En microparásitos, las cuarentenas y las vacunas suelen ser medidas efectivas para interrumpir la transmisión directa entre individuos. En macroparásitos, las cuarentenas tienen un impacto limitado, ya que la transmisión puede depender de vectores o del contacto con reservorios ambientales. En este caso, el control de vectores, mejoras en el saneamiento y programas de desparasitación masiva son estrategias clave.
4. ¿Qué cantidad de vacunas o medicamentos deben ser almacenados? Para microparásitos, se prioriza el almacenamiento de vacunas específicas o medicamentos antivirales para responder rápidamente a brotes. En el caso de los macroparásitos, es esencial disponer de medicamentos antiparasitarios, así como herramientas para interrumpir ciclos de vida (por ejemplo, insecticidas para el control de vectores).
5. ¿Cuáles son las medidas efectivas para contener, controlar y erradicar una enfermedad endémica? En microparásitos, estas medidas incluyen vacunaciones masivas, tratamientos rápidos y medidas preventivas como el uso de mascarillas o el distanciamiento social. En macroparásitos, se requiere un enfoque sostenido, que combine desparasitación regular, educación comunitaria, mejoras en higiene y saneamiento, y control de vectores o reservorios.

El modelado matemático puede proporcionar una comprensión de los mecanismos subyacentes de la transmisión y propagación de la enfermedad, ayudar a identificar los factores clave en el proceso de transmisión de la enfermedad, sugerir medidas efectivas de control y prevención, y proporcionar una estimación de la gravedad y la escala potencial de la epidemia. En pocas palabras, el modelado matemático debería convertirse en parte del conjunto de herramientas de la investigación en salud pública y la toma de decisiones.

Es importante tener en cuenta que un modelo matemático es una aproximación del proceso real de la enfermedad. Es una traducción matemática de nuestras

hipótesis sobre la transmisión de la enfermedad. Otro papel importante de los modelos matemáticos es la prueba de hipótesis: al comparar los resultados del modelo con el conocimiento existente o los datos sobre la enfermedad, podemos utilizar el modelo para probar diversas hipótesis sobre la enfermedad. En comparación con los enfoques experimentales, el enfoque de modelado tiene la ventaja de ahorrar enormes cantidades de tiempo y recursos. Debemos advertir que un modelo matemático no es una "solución mágica". A menudo existen muchas dificultades asociadas con el modelado matemático.

Siempre existe una compensación en el modelado matemático entre modelos más realistas y, por lo tanto, más complejos, y nuestra capacidad para analizar el modelo matemáticamente y obtener información útil para su interpretación. Los avances en la teoría y metodología matemática a menudo nos permiten utilizar con éxito modelos más realistas. Sin embargo, al usar modelos matemáticos para analizar o interpretar datos de enfermedades, no siempre es cierto que un modelo más realista sea mejor. Parte de la razón es que los modelos más realistas incorporan un mayor grado de complejidad biológica y, por lo tanto, introducen más parámetros en el modelo. Con el mismo conjunto de datos, puede ser más difícil estimar todos los valores de los parámetros de un modelo más complejo en comparación con un modelo más simple. El resultado podría ser un mayor grado de incertidumbre en los resultados del modelo. Existen tres enfoques generales para el modelado matemático de enfermedades infecciosas:

- **Modelos estadísticos:** Estos modelos están muy orientados a los datos y se construyen para tratar con un conjunto específico de datos.
 - i) Ventajas: los modelos estadísticos son ampliamente utilizados en la epidemiología y la investigación en salud pública.
 - ii) Desventajas: los modelos estadísticos requieren muestras grandes de datos.
- **Modelos deterministas:** Son típicamente modelos que utilizan ecuaciones diferenciales y de diferencias en varias formas. La suposición clave es que los tamaños de las poblaciones susceptibles e infectadas son funciones continuas del tiempo. Los modelos describen las interrelaciones dinámicas entre las tasas de cambio y los tamaños de las poblaciones.
 - i) Ventajas: las teorías matemáticas para este tipo de modelos son más maduras en comparación con los modelos estocásticos; la derivación de los modelos matemáticos depende menos de los datos en comparación con los modelos estadísticos; y los modelos matemáticos son adecuados para hacer predicciones.

- ii) Desventajas: no se espera que estos modelos sean válidos si los tamaños de la población son muy pequeños, en cuyo caso las perturbaciones estocásticas se vuelven no despreciables.
- **Modelos estocásticos:** En este tipo de modelo, la infección de la enfermedad se trata como un proceso estocástico. Los modelos describen las interrelaciones dinámicas de sus distribuciones de probabilidad.
 - i) Ventajas: los modelos estocásticos son adecuados para tratar con grupos pequeños de población, como una pequeña comunidad o un solo hospital, o cuando unos pocos individuos infectados están altamente activos y tienen un alto número de contactos infecciosos.
 - ii) Desventajas: el análisis matemático de los modelos estocásticos es difícil debido a la falta de maquinaria matemática; el análisis del modelo depende en gran medida de observaciones de un gran número de simulaciones numéricas.

Este trabajo aborda el estudio de sistemas dinámicos y su aplicación al modelado matemático de infecciones causadas por micro y macroparásitos. A través de un enfoque teórico y práctico, se busca comprender las dinámicas subyacentes que rigen estos sistemas, mostrando sus similitudes y diferencias fundamentales.

En la primera parte, se presenta un marco teórico sólido sobre sistemas dinámicos. Se analizan los sistemas lineales en \mathbb{R}^2 , incluyendo herramientas como el Teorema Fundamental de los Sistemas Lineales, los retratos de fase, y la clasificación de sistemas según sus valores propios. Además, se introducen conceptos avanzados como la Forma de Jordan y la Teoría de la Estabilidad, esenciales para entender la dinámica de los sistemas estudiados. Posteriormente, se desarrolla el análisis de sistemas no lineales, explorando la linealización, el Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad, y la teoría de bifurcaciones, permitiendo modelar transiciones críticas en sistemas complejos.

La segunda parte del trabajo se enfoca en la aplicación de estos conceptos a modelos epidemiológicos. Para los microparásitos, se emplean modelos clásicos como el *SIR* y *SIS*, analizando condiciones de persistencia, erradicación, y estabilidad epidemiológica. Estos modelos se adaptan para incluir dinámicas demográficas y explorar el impacto de los equilibrios libres de enfermedad y endémicos.

El estudio se extiende hacia los macroparásitos, como helmintos, destacando las diferencias clave con respecto a los microparásitos. En este caso, el enfoque se centra en el número reproductivo básico (R_0), la dinámica de la carga parasitaria en los huéspedes y el reservorio, y los diagramas de bifurcación que describen comportamientos complejos. Para los macroparásitos, las simulaciones validan las predicciones teóricas y destacan los factores críticos en la transmisión, como la

tasa de producción de huevos, la mortalidad de larvas, y la contribución de los huéspedes humanos al reservorio ambiental.

En conclusión, este estudio no solo proporciona una comparación detallada entre las dinámicas de micro y macropárasitos, sino que también ofrece herramientas matemáticas para diseñar intervenciones más efectivas, contribuyendo al control de enfermedades en comunidades vulnerables.

Capítulo 1

Conceptos preliminares

1.1. Sistemas lineales en \mathbb{R}^2

Empezaremos el estudio con los sistemas lineales de ecuaciones diferenciales ordinaria utilizando las definiciones dadas en [10], como :

$$\dot{x} = Ax \quad (1.1)$$

donde $x \in \mathbb{R}^n$ y A es una matriz de $n \times n$ y

$$\dot{x} = \frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ \frac{dx_n}{dt} \end{bmatrix} \quad (1.2)$$

Se demuestra que la solución del sistema lineal (1.1) junto con la condición inicial $x(0) = x_0$ esta dado por $x(t) = e^{At}x_0$, donde e^{At} es una matriz de $n \times n$ definido por la serie de Taylor.

1.1.1. Teorema Fundamental de los Sistemas Lineales

Sea A una matriz $n \times n$. Establecemos el hecho fundamental de que para $x_0 \in \mathbb{R}^n$ el problema del valor inicial

$$\begin{cases} \dot{x} = Ax \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (1.3)$$

tiene una única solución para todo t en \mathbb{R} , esta dada por

$$x(t) = e^{At}x_0$$

Nótese la similitud en la forma de esta solución y la solución $x(t) = e^{at}x_0$ de la ecuación diferencial elemental de primer orden $x' = ax$ y condición inicial $x(0) = x_0$. Para demostrar este teorema, primero calculamos la derivada de la función exponencial e^{At} utilizando el hecho básico del análisis de que dos procesos límite convergentes pueden intercambiarse si uno de ellos converge uniformemente. Esto se conoce como el teorema de Moore's.

Lema 1.1.1. *Sea A una matriz cuadrada, entonces*

$$\frac{d}{dt}e^{At} = Ae^{At}$$

Teorema 1.1.2 (Teorema de Fundamental de Sistemas Lineales). *Sea A una matriz de $n \times n$ entonces para un $x_0 \in \mathbb{R}^n$, el problema de valor inicial*

$$\begin{cases} \dot{x} = Ax \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (1.4)$$

Tiene una única solución dada por

$$x(t) = e^{At}x_0$$

Demostración. El lema (1.1.1) establece que si $x(t) = e^{At}x_0$, entonces

$$x'(t) = \frac{d}{dt}e^{At}x_0 = Ae^{At}x_0 = Ax(t)$$

para todo $t \in \mathbb{R}$. Además, $x(0) = Ix_0 = x_0$. Por lo tanto, $x(t) = e^{At}x_0$ es una solución.

Para ver que esta es la única solución, sea $x(t)$ cualquier solución del problema de valor inicial dado en el teorema y definamos

$$y(t) = e^{-At}x(t).$$

Entonces, a partir del lema anterior y el hecho de que $x(t)$ es una solución de nuestro sistema, tenemos

$$y'(t) = -Ae^{-At}x(t) + e^{-At}x'(t)$$

$$= -Ae^{-At}x(t) + e^{-At}Ax(t)$$

$$= 0$$

para todo $t \in \mathbb{R}$, ya que e^{-At} y A conmutan. Por lo tanto, $y(t)$ es una constante. Tomando $t = 0$, se obtiene que $y(0) = x_0$, y por lo tanto, cualquier solución del problema de valor inicial (1.4) está dada por

$$x(t) = e^{At}y(0) = e^{At}x_0.$$

Esto completa la demostración del teorema. \square

1.1.2. Retratos de fase

Analizamos los diversos retratos de fase que son posibles para el sistema lineal.

$$\dot{x} = Ax \tag{1.5}$$

donde $x \in \mathbb{R}^2$ y A es una matriz de 2×2 . Comenzamos describiendo los retratos de fase del sistema lineal.

$$\dot{x} = Bx \tag{1.6}$$

donde la matriz $B = P^{-1}AP$. El retrato de fase para el sistema lineal (1.5) se obtiene luego del retrato de fase para (1.6) bajo la transformación lineal de coordenadas $x = Py$. En primer lugar, si la matriz B es de alguna forma

$$B = \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \mu \end{bmatrix}, \quad B = \begin{bmatrix} \lambda & 1 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} \quad \text{ó} \quad B = \begin{bmatrix} a & -b \\ b & a \end{bmatrix},$$

entonces del teorema fundamental de las soluciones y de la forma de la matriz e^{Bt} se deduce que la solución del problema de valores iniciales (1.6) con $x(0) = x_0$ está dada por

$$\begin{aligned} X(t) &= \begin{bmatrix} e^{\lambda t} & 0 \\ 0 & e^{\mu t} \end{bmatrix} X_0, & X(t) &= e^{\lambda t} \begin{bmatrix} 1 & t \\ 0 & 1 \end{bmatrix} X_0 \\ X(t) &= e^{at} \begin{bmatrix} \cos(bt) & -\sin(bt) \\ \sin(bt) & \cos(bt) \end{bmatrix} X_0, \end{aligned}$$

respectivamente. Ahora enumeramos los diversos retratos de fase que resultan de estas soluciones, agrupados según su tipo topológico con una clasificación más detallada de fuentes y sumideros en varios tipos de nodos y focos inestables y estables:

CASO I: $B = \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \mu \end{bmatrix}$ para $\lambda < 0 < \mu$

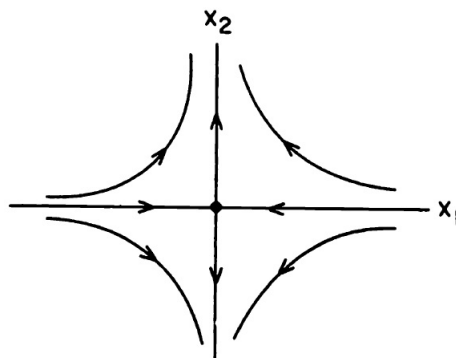


Figura 1.1: Silla de montar en el origen.

Se dice que en este caso el sistema (1.6) tiene una silla en el origen. Si $\mu < 0 < \lambda$, las flechas en la figura(1.1) están invertidas. Siempre que A tiene dos valores propios reales de signo opuesto, $\lambda < 0 < \mu$, el retrato de fase para el sistema lineal (1.5) es linealmente equivalente al retrato de fase que se muestra en la figura anterior; es decir, se obtiene de la figura(1.1) mediante una transformación lineal de coordenadas; y los subespacios estable e inestable de (1.5) están determinados por los vectores propios de la matriz A . Las cuatro trayectorias distintas de cero o curvas solución que se aproximan al punto de equilibrio en el origen cuando $t \rightarrow \pm\infty$ se denominan separatrices del sistema.

CASO II: $B = \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \mu \end{bmatrix}$ con $\lambda \leq \mu < 0$ o $B = \begin{bmatrix} \lambda & 1 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix}$ con $\lambda < 0$

Los retratos de fase para el sistema lineal (1.6) ,en estos casos se dan en la figura (1.2), respectivamente. El origen se denomina nodo estable en cada uno de estos casos. Se llama nodo propio en el primer caso con $\lambda = \mu$ y nodo impropio en los otros dos casos. Si $\lambda \geq \mu > 0$ o si $\lambda > 0$ en el Caso II, las flechas en la figura (1.2) se invierten y el origen se denomina nodo inestable. Siempre que A tiene dos valores propios negativos $\lambda \leq \mu < 0$, el retrato de fase del sistema lineal (1.5) es linealmente equivalente a uno de los retratos de fase que se muestran en la figura (1.2). La estabilidad del nodo

está determinada por el signo de los valores propios: estable si $\lambda \leq \mu < 0$ e inestable si $\lambda \geq \mu > 0$. Tenga en cuenta que cada trayectoria en esta figura se aproxima al punto de equilibrio en el origen a lo largo de una recta tangente bien definida $\theta = \theta_0$, determinada por un vector propio de A , con $t \rightarrow \infty$

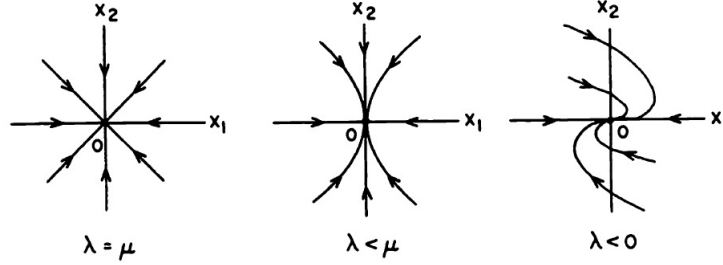


Figura 1.2: Nodo estable en el origen

CASO III: $B = \begin{bmatrix} a & -b \\ b & a \end{bmatrix}$ con $a < 0$

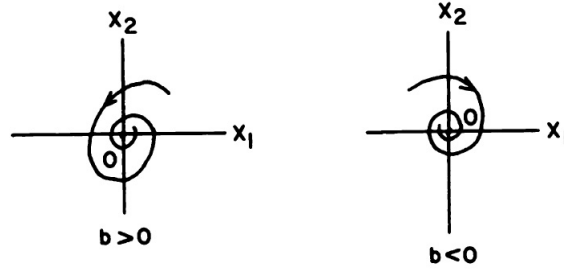


Figura 1.3: Nodo estable en el origen

El retrato de fase para el sistema lineal (1.6) se muestra en la figura (1.3). En estos casos se hace referencia al origen como foco estable. Si $a > 0$, las trayectorias se alejan del origen en espiral al aumentar t y el origen se denomina foco inestable. Siempre que A tiene un par de valores propios conjugados complejos con parte real distinta de cero, $a \pm ib$, con $a < 0$, los retratos de fase para el sistema (1.5) son linealmente equivalentes a uno de los retratos de fase que se muestran en la figura (1.3). Tenga en cuenta que las trayectorias de dicha figura no se acerca al origen a lo largo de líneas tangentes bien definidas; es decir, el ángulo $\theta(t)$ que forma el vector $x(t)$ con el eje x_1 no se acerca a una constante θ_0 cuando $t \rightarrow \infty$, sino a $|\theta(t)| \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$ y $|X(t)| \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ en este caso.

CASO IV: $B = \begin{bmatrix} 0 & -b \\ b & 0 \end{bmatrix}$

Para el retrato de fase del sistema lineal (1.6) se muestra en la figura (1.4). En este caso se dice que el sistema (1.6) tiene un centro en el origen. Siempre que A tiene un par de valores propios conjugados complejos imaginarios puros, $\pm ib$, el retrato de fase del sistema lineal (1.5) es linealmente equivalente a uno de los retratos de fase que se muestran en la figura (1.4). Tenga en cuenta que las trayectorias o curvas solución en la figura (1.4) se encuentran en círculos $|X(t)| = k$ (constante). En general, las trayectorias del sistema (1.5) estarán en elipses y la solución $x(t)$ de (1.5) satisfará $m < |X(t)| < M$ para todo $t \in \mathbb{R}$. El ángulo $\theta(t)$ también satisface $|\theta(t)| \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$.

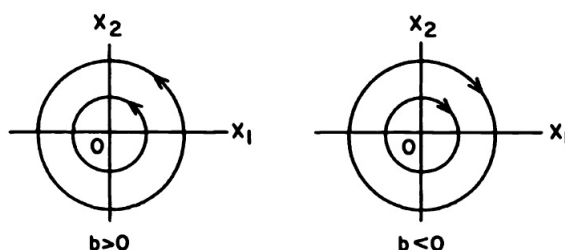


Figura 1.4: Un centro en el origen

Si uno (o ambos) de los valores propios de A es cero, es decir, si $\det(A) = 0$, el origen se denomina punto de equilibrio degenerado de (1.5).

Definición 1.1.3. Se dice que el sistema lineal (1.5) tiene una silla, un nodo, un foco o un centro en el origen si la matriz A es similar a una de las matrices B en los Casos I, II, III o IV respectivamente, es decir, si su retrato de fase es linealmente equivalente a uno de los retratos de fase en las Figuras (1.1)-(1.4) respectivamente.

Teorema 1.1.4. Sea $\delta = \det(A)$ y sea $\tau = \text{Tr}(A)$ y consideramos el sistema lineal $\dot{x} = Ax$

- (a) Si $\delta < 0$ entonces (1.5) tiene una silla en el origen.
- (b) Si $\delta > 0$ y $\tau^2 - 4\delta \geq 0$ entonces 1.5 tiene un nodo en el origen; es estable si $\tau < 0$ e inestable si $\tau > 0$.
- (c) Si $\delta > 0$ y $\tau^2 - 4\delta < 0$ y $\tau \neq 0$ entonces (1.5) tiene un foco en el origen; es estable si $\tau < 0$ e inestable si $\tau > 0$.

(d) Si $\delta > 0$ y $\tau = 0$ entonces (1.5) tiene un centro en el origen.

Definición 1.1.5. Un nodo o foco estable de (1.5) se denomina sumidero del sistema lineal y un nodo o foco inestable de (1.5) se denomina fuente del sistema lineal.

1.1.3. Valores propios Complejos

Si la matriz real A de $2n \times 2n$ tiene valores propios complejos, entonces ocurren en pares conjugados complejos y si A tiene $2n$ valores propios complejos distintos, el siguiente teorema del álgebra lineal nos permite resolver el sistema lineal

$$\dot{x} = Ax$$

Teorema 1.1.6. Se A es una matriz real de $2n \times 2n$ con $2n$ valores propios complejos distintos $\lambda_j = a_j + ib_j$ y $\bar{\lambda}_j = a_j - ib_j$ y sus correspondientes vectores propios complejos $w_j = u_j + iv_j$ y $\bar{w}_j = u_j - iv_j$, $j = 1, \dots, n$, entonces $\{u_1, v_1, \dots, u_n, v_n\}$ es una base de \mathbb{R}^{2n} , la matriz

$$P = [v_1 u_1 v_2 u_2 \dots v_n u_n]$$

es inversible y

$$P^{-1}AP = \text{diag} \begin{bmatrix} a_j & b_j \\ -b_j & a_j \end{bmatrix}$$

es una matriz real de $2n \times 2n$ con 2×2 bloques a lo largo de la diagonal.

Corolario 1.1.7. Bajo las hipótesis del teorema anterior, la solución del problema del valor inicial $\dot{x} = Ax$ y $x(0) = x_0$, está dado por

$$x(t) = P[\text{diag}]e^{a_j t} \begin{bmatrix} \cos(b_j t) & -\text{sen}(b_j t) \\ \text{sen}(b_j t) & \cos(b_j t) \end{bmatrix} P^{-1}x_0$$

observemos que la matriz

$$R = \begin{bmatrix} \cos(bt) & -\text{sen}(bt) \\ \text{sen}(bt) & \cos(bt) \end{bmatrix}$$

representa una rotación a través de bt radianes.

1.1.4. Valores Propios Múltiples

El teorema fundamental para sistemas lineales de esta Sección nos dice que la solución del sistema lineal

$$\dot{x} = Ax \tag{1.7}$$

junto con la condición inicial $X(0) = x_0$ viene dada por

$$x(t) = e^{At}x_0$$

Hemos visto cómo encontrar la matriz e^{At} de $n \times n$ cuando A tiene valores propios distintos. Ahora completamos el cuadro mostrando cómo encontrar e^{At} es decir, cómo resolver el sistema lineal (1.7), cuando A tiene múltiples valores propios.

Definición 1.1.8. Sea λ un valor propio de la matriz A de $n \times n$ de multiplicidad $m < n$. Entonces para $k = 1, \dots, m$, cualquier solución v distinta de cero de

$$(A - \lambda I)^k v = 0$$

se llama vector propio generalizado de A .

Definición 1.1.9. Una matriz N de $n \times n$ se dice Nilpotente de orden k si $N^{k-1} \neq 0$ y $N^k = 0$

Teorema 1.1.10. Sea A una matriz real de $n \times n$ con valores propios reales $\lambda_1, \dots, \lambda_n$ repetidos según su multiplicidad. Entonces existe una base de vectores propios generalizados para \mathbb{R}^n . Y si v_1, \dots, v_n es cualquier base de vectores propios generalizados para \mathbb{R}^n , la matriz $P = [v_1 \dots v_n]$ es invertible,

$$A = S + N$$

donde

$$P^{-1}SP = \text{diag}[\lambda_j]$$

la matriz $N = A - S$ es Nilpotente de orden $k \leq n$ y, S y N conmutan, es decir $SN = NS$

Corolario 1.1.11. *Bajo las hipótesis del teorema anterior, el sistema lineal (1.7), junto con la condición inicial $X(0) = x_0$, tiene la solución*

$$x(t) = P[\text{diag}][e^{\lambda_j t}]P^{-1}[I + Nt + \dots + \frac{N^{k-1}t^{k-1}}{(k-1)!}]x_0$$

Si A es un valor propio de la multiplicidad n de una matriz A de $n \times n$, entonces los resultados anteriores son particularmente fáciles de aplicar ya que en este caso

$$S = \text{diag}[\lambda]$$

con respecto a la base habitual para \mathbb{R}^n y

$$N = A - S$$

Por lo tanto, la solución al problema de valor inicial (1.3) junto con $X(0) = x_0$ viene dada por

$$x(t) = e^{\lambda_j t}[I + Nt + \dots + \frac{N^k t^k}{k!}]x_0$$

En el caso de múltiples valores propios complejos, tenemos el siguiente teorema

Teorema 1.1.12. *Sea A una matriz real de $2n \times 2n$ con valores propios complejos $\lambda_j = a_j + ib_j$ y $\bar{\lambda}_j = a_j - ib_j$, $j = 1, \dots, n$. Entonces existen vectores propios complejos genemlizados $w_j = u_j + iv_j$ y $\bar{w}_j = u_j - iv_j$, $j = 1, \dots, n$, tales que $u_1, v_1, \dots, u_n, v_n$ es una base de \mathbb{R}^{2n} . Para cualquier base de este tipo, la matriz $P = [v_1 u_1 v_2 u_2 \dots v_n u_n]$ es invertible,*

$$A = S + N$$

donde

$$P^{-1}AP = \text{diag} \begin{bmatrix} a_j & -b_j \\ b_j & a_j \end{bmatrix}$$

la matriz $N = A - S$ es nilpotente de orden $k \leq 2n$ y S y N conmutan

Corolario 1.1.13. *Bajo las hipótesis del teorema anterior, la solución del problema de valor inicial (1.6), junto con $x(0) = x_0$, viene dada por*

$$x(t) = P[\text{diag}]e^{a_j t} \begin{bmatrix} \cos(b_j t) & -\text{sen}(b_j t) \\ \text{sen}(b_j t) & \cos(b_j t) \end{bmatrix} P^{-1} \left[I + Nt + \dots + \frac{N^k t^k}{k!} \right] x_0$$

1.2. Forma de Jordan

La forma canónica de Jordan de una matriz proporciona una idea de la forma de la solución de un sistema lineal de ecuaciones diferenciales. Encontrar la forma canónica de Jordan de una matriz A no es necesariamente el mejor método para resolver el sistema lineal relacionado, ya que encontrar una base de vectores propios generalizados que reduzca A a su forma canónica de Jordan puede ser difícil. Por otro lado, cualquier base de vectores propios generalizados se puede utilizar en el método descrito en la sección anterior. La forma canónica de Jordan, descrita en el siguiente teorema, da como resultado una forma particularmente simple para la parte nilpotente N de la matriz A y, por lo tanto, es útil en la teoría de ecuaciones diferenciales ordinarias

Teorema 1.2.1 (Forma Canónica de Jordan). *Sea A una matriz con valores propios reales $\lambda_j, j = 1, \dots, k$ y valores propios complejos $\lambda_j = a_j + ib_j$ y $\bar{\lambda}_j = a_j - ib_j, j = k + 1, \dots, n$.*

Entonces existe una base $\{v_1, \dots, v_k, v_{k+1}, u_{k+1}, \dots, v_n, u_n\}$ para \mathbb{R}^{2n-k} , donde $v_j, j = 1, \dots, k$ y $w_j = k + 1, \dots, n$ son valores propios generalizados de A , con $u_j = \mathbb{R}_e(w_j)$ y $v_j = \mathbb{I}m(w_j)$ para $j = k + 1, \dots, n$ tal que la matriz $P = [v_1 \dots v_k v_{k+1} u_{k+1} \dots v_n u_n]$ es invertible y

$$P^{-1}AP = \begin{bmatrix} B & & \\ & \ddots & \\ & & B \end{bmatrix} \quad (1.8)$$

Donde los bloques elementales de Jordan $B = B_j, j = 1, \dots, n$ son de la forma

$$B = \begin{bmatrix} \lambda & 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda & 1 & \dots & 0 \\ \dots & & & & \\ 0 & \dots & & 0 & \lambda \end{bmatrix} \quad (1.9)$$

para un λ valor propio de A o de la forma

$$B = \begin{bmatrix} D & I_2 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & D & I_2 & \cdots & 0 \\ \cdots & & & & \\ 0 & \cdots & & D & I_2 \\ 0 & \cdots & & 0 & D \end{bmatrix} \quad (1.10)$$

con

$$D = \begin{bmatrix} a & -b \\ b & a \end{bmatrix}, \quad I_2 = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad y \quad 0 = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix},$$

para $\lambda = a + ib$ un valor propio complejo de A .

La forma canónica de Jordan de una matriz dada A de $n \times n$ es única excepto por el orden de los bloques elementales de Jordan (1.8) y por el hecho de que los 1 en los bloques elementales (1.9) o los I_2 en los bloques elementales (1.10) pueden aparecer arriba o abajo de la diagonal. Nos referiremos a (1.8) con el B_j dado por (1.9) o (1.10) como la forma canónica superior de Jordan de A .

La forma canónica de Jordan de A proporciona cierta información explícita sobre la forma de la solución del problema de valor inicial

$$\begin{cases} \dot{x} = Ax \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (1.11)$$

que, según el Teorema Fundamental para Sistemas Lineales, está dado por

$$x(t) = P[\text{diag}][e^{B_j t}]P^{-1}x_0$$

1.3. Teoría de la estabilidad

En esta sección definimos el subespacio estable, inestable y central, E^s , E^u y E^c respectivamente, de un sistema lineal.

$$\dot{x} = Ax \quad (1.12)$$

Sea $w_j = u_j + iv_j$; es un vector propio generalizado de la matriz (real) A correspondiente a un valor propio $\lambda_j = a_j + ib_j$. Tenga en cuenta que si $b_j = 0$ entonces $v_j = 0$. Y sea

$$B = \{u_1, \dots, u_k, u_{k+1}, v_{k+1}, \dots, u_m, v_m\}$$

es una base de \mathbb{R}^n , con $n = 2m - k$.

Definición 1.3.1. Sea $\lambda_j = a_j + ib_j$, $w_j = u_j + iv_j$ y B ya definido anteriormente, entonces

$$E^s = \text{Span}\{u_j, v_j/a_j < 0\}$$

$$E^c = \text{Span}\{u_j, v_j/a_j = 0\}$$

$$E^u = \text{Span}\{u_j, v_j/a_j > 0\}$$

es decir, E^s , E^c y E^u son los subespacios de \mathbb{R}^n abarcados por las partes real e imaginaria de los vectores propios generalizados w_j correspondientes a valores propios λ_j con partes reales negativas, cero y positivas respectivamente.

A continuación describimos la noción de flujo de un sistema de ecuaciones diferenciales y mostramos que los subespacios estable, inestable y central de (1.12) son invariantes bajo el flujo de (1.12) .

La solución al problema del valor inicial asociado con (1.12) viene dada por

$$x(t) = e^{At}x_0$$

Se puede considerar que el conjunto de aplicaciones $e^{At} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ describe el movimiento de los puntos $x_0 \in \mathbb{R}^n$ a lo largo de trayectorias de (1.12) . Este conjunto de aplicaciones se denomina flujo del sistema lineal (1.12) . A continuación definimos los importantes concepto de flujo hiperbólico

Definición 1.3.2. Si todos los valores propios de la matriz A de $n \times n$ tienen una parte real distinta de cero, entonces el flujo $e^{At} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ se denomina flujo hiperbólico y (1.12) se denomina sistema lineal hiperbólico.

Definición 1.3.3. Se dice que un subespacio $E \subset \mathbb{R}^n$ es invariante con respecto al flujo $e^{At} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$, si $e^{At} \subset E$ para todo $t \in \mathbb{R}$.

A continuación mostramos que los subespacios estable, inestable y central, E^s , E^u y E^c de (1.12) son invariantes bajo el flujo e^{At} del sistema lineal (1.12) ; es decir, cualquier solución que comience en E^s , E^u o E^c en el momento $t = 0$ permanece en E^s , E^u o E^c respectivamente para todo $t \in \mathbb{R}$.

Lema 1.3.4. Sea E el espacio propio generalizado de A correspondiente a un valor propio λ . Entonces $AE \subset E$.

Teorema 1.3.5. Sea A una matriz real de $n \times n$. Entonces

$$\mathbb{R}^n = E^s \oplus E^u \oplus E^c$$

donde E^s , E^u y E^c son los subespacios estable, inestable y central de (1.12) respectivamente; además, E^s , E^u y E^c son invariantes con respecto al flujo de (1.12) respectivamente.

Corolario 1.3.6. Si $x_0 \in E^s$, entonces $e^{At}x_0 \in E^s$ para todo $t \in \mathbb{R}$ y

$$\lim_{t \rightarrow \infty} e^{At}x_0 = 0$$

Si $x_0 \in E^u$, entonces $e^{At}x_0 \in E^u$ para todo $t \in \mathbb{R}$ y

$$\lim_{t \rightarrow -\infty} e^{At}x_0 = 0$$

Así, vemos que todas las soluciones de (1.12) que comienzan en la variedad estable E^s de (1.12) permanecen en E^s para todo t y se aproximan al origen exponencialmente rápido cuando $t \rightarrow \infty$; y todas las soluciones de (1.12) que comienzan en la variedad inestable E^u de (1.12) permanecen en E^u para todo t y se aproximan al origen exponencialmente rápido cuando $t \rightarrow -\infty$.

Un dato importante es que existe un resultado análogo para sistemas no lineales llamado teorema de la variedad estable.

Capítulo 2

Sistemas no lineales: Teoría Local

2.1. El Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad

Como fue en la sección anterior tomaremos como referencia las definiciones de [10].

Establecemos el teorema fundamental de existencia y unicidad para un sistema autónomo no lineal de ecuaciones diferenciales ordinarias.

$$\dot{x} = f(x) \quad (2.1)$$

bajo la hipótesis de que $f \in C^1(E)$ donde E es un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n .

Definición 2.1.1. Supongamos que $f \in C(E)$ donde $E \subset \mathbb{R}^n$. Entonces $x(t)$ es una solución de la ecuación diferencial (2.1) en un intervalo I si $x(t)$ es diferenciable en I y si para todo $t \in I$, $x(t) \in E$ y

$$x'(t) = f(x(t))$$

Y dado $x_0 \in E$, $x(t)$ es una solución del Problema de Valor Inicial

$$\dot{x} = f(x)$$

$$x(t_0) = x_0$$

En el intervalo I si $t_0 \in I$, $x(t_0) = x_0$ es una solución de la ecuación diferencial (2.1) en el intervalo I .

Definición 2.1.2. Sea E un subconjunto de \mathbb{R}^n . Una función $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ se dice que satisface la condición de Lipschitz en E si existe una constante $k > 0$ tal que para todo $x, y \in E$ se cumple:

$$|f(x) - f(y)| \leq k|x - y|$$

Lema 2.1.3. Sea E un subconjunto de \mathbb{R}^n y sea $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$. Entonces si $f \in C^1(E)$, f es localmente de Lipschitz en E .

Definición 2.1.4. Sea V un espacio lineal normado. Entonces la sucesión $\{u_k\} \subset V$ es llamado una Sucesión de Cauchy si para todo $\epsilon > 0$ existe un N tal que $k, m \geq N$ implica que $\|u_k - u_m\| < \epsilon$.

El espacio V es llamado Completo si toda Sucesión de Cauchy en V es convergente en V .

Teorema 2.1.5. Para $I = [-a, a]$, $C(I)$ es un Espacio Lineal Normado Completo.

Teorema 2.1.6 (El Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad). Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene a x_0 y $f \in C^1(E)$. Entonces existe un $a > 0$ tal que el problema de valor inicial

$$\dot{x} = f(x)$$

$$x(0) = x_0$$

Tiene una única solución $x(t)$ en el intervalo $I = [-a, a]$.

Demostración. Dado que $f \in C^1(E)$, se sigue del lema (2.1.3) que existe una vecindad $N_\epsilon(x_0) \subset E$ y una constante $K > 0$ tal que para todos $x, y \in N_\epsilon(x_0)$,

$$|f(x) - f(y)| \leq K|x - y|.$$

Sea $b = \epsilon/2$. Entonces, la función continua $f(x)$ está acotada en el conjunto compacto

$$N_0 = \{x \in \mathbb{R}^n \mid |x - x_0| < b\}.$$

Definimos

$$M = \max_{x \in N_0} |f(x)|.$$

Sean las aproximaciones sucesivas $u_k(t)$ definidas por

$$\begin{cases} u_0(t) = x_0 \\ u_{k+1}(t) = x_0 + \int_0^t f(u_k(s))ds \end{cases} \quad (2.2)$$

Suponiendo que existe $a > 0$ tal que $u_k(t)$ está definida y es continua en $[-a, a]$ y satisface

$$\max_{t \in [-a, a]} |u_k(t) - x_0| < b, \quad (2.3)$$

se sigue que $f(u_k(t))$ está definida y es continua en $[-a, a]$, y por lo tanto

$$u_{k+1}(t) = x_0 + \int_0^t f(u_k(s))ds$$

está definida y es continua en $[-a, a]$, además de satisfacer

$$|u_{k+1}(t) - x_0| \leq \int_0^t |f(u_k(s))|ds \leq Ma$$

para todo $t \in [-a, a]$. Así, eligiendo $0 < a < b/M$, se sigue por inducción que $u_k(t)$ está definida y es continua, y satisface (2.3) para todos $t \in [-a, a]$ y $k = 1, 2, 3, \dots$

A continuación, dado que para todos $t \in [-a, a]$ y $k = 0, 1, 2, 3, \dots$, se cumple que $u_k(t) \in N_0$, se sigue de la condición de Lipschitz de f que para todos $t \in [-a, a]$,

$$\begin{aligned} |u_2(t) - u_1(t)| &\leq \int_0^t |f(u_1(s)) - f(u_0(s))|ds \\ &\leq K \int_0^t |u_1(s) - u_0(s)|ds \\ &\leq Ka \max_{t \in [-a, a]} |u_1(t) - x_0| \\ &\leq Kab. \end{aligned}$$

Luego, suponiendo que

$$\max_{t \in [-a, a]} |u_j(t) - u_{j-1}(t)| \leq (Ka)^{j-1}b \quad (2.4)$$

para algún entero $j \geq 2$, se sigue que para todo $t \in [-a, a]$,

$$\begin{aligned} |u_{j+1}(t) - u_j(t)| &\leq \int_0^t |f(u_j(s)) - f(u_{j-1}(s))|ds \\ &\leq K \int_0^t |u_j(s) - u_{j-1}(s)|ds \\ &\leq Ka \max_{t \in [-a, a]} |u_j(t) - u_{j-1}(t)| \\ &\leq (Ka)^j b. \end{aligned}$$

Así, por inducción, se obtiene que (2.4) se cumple para $j = 2, 3, \dots$. Definiendo $\alpha = Ka$ y eligiendo $0 < a < 1/K$, vemos que para $m > k > N$ y $t \in [-a, a]$,

$$\begin{aligned} & \sum_{j=k}^{m-1} |u_{j+1}(t) - u_j(t)| \\ & \leq \sum_{j=N}^{\infty} (Ka)^j b = \frac{(Ka)^N b}{1 - Ka}. \end{aligned}$$

Dado que esta cantidad tiende a cero cuando $N \rightarrow \infty$, se concluye que para todo $\varepsilon > 0$, existe un N tal que para $m, k > N$,

$$\|u_m - u_k\| = \max_{t \in [-a, a]} |u_m(t) - u_k(t)| < \varepsilon.$$

Es decir, $\{u_k\}$ es una sucesión de Cauchy de funciones continuas en $C([-a, a])$. Se sigue del teorema anterior que $u_k(t)$ converge a una función continua $u(t)$ uniformemente para todo $t \in [-a, a]$ cuando $k \rightarrow \infty$.

Tomando el límite en ambos lados de la ecuación (2.2) que define las aproximaciones sucesivas, se obtiene que la función continua

$$u(t) = \lim_{k \rightarrow \infty} u_k(t) \quad (2.5)$$

satisface la ecuación integral

$$u(t) = x_0 + \int_0^t f(u(s)) ds \quad (2.6)$$

para todo $t \in [-a, a]$. Se ha usado el hecho de que el límite y la integral pueden intercambiarse, ya que el límite en (2.5) es uniforme para todo $t \in [-a, a]$.

Como $u(t)$ es continua, $f(u(t))$ también lo es, y por el Teorema fundamental del Cálculo, el lado derecho de la ecuación integral (2.6) es diferenciable, por lo que

$$u'(t) = f(u(t))$$

para todo $t \in [-a, a]$. Además, $u(0) = x_0$, y de (2.3) se sigue que $u(t) \in N_\varepsilon(x_0) \subset E$ para todo $t \in [-a, a]$. Por lo tanto, $u(t)$ es una solución del problema de valor inicial

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (2.7)$$

en $[-a, a]$.

Finalmente, queda por demostrar que esta solución es única. Sean $u(t)$ y $v(t)$ dos soluciones del problema de valor inicial (2.7) en $[-a, a]$. Entonces, la función

continua $|u(t) - v(t)|$ alcanza su máximo en algún punto $t_j \in [-a, a]$, lo que implica que

$$\begin{aligned}
\|u - v\| &= \max_{t \in [-a, a]} |u(t) - v(t)| \\
&\leq \int_0^t |f(u(s)) - f(v(s))| ds \\
&\leq K \int_0^t |u(s) - v(s)| ds \\
&\leq Ka \max_{t \in [-a, a]} |u(t) - v(t)| \\
&\leq Ka \|u - v\|.
\end{aligned}$$

Pero $Ka < 1$, por lo que la única forma de que esta desigualdad se cumpla es que $\|u - v\| = 0$, es decir, $u(t) = v(t)$ en $[-a, a]$.

Hemos demostrado que las aproximaciones sucesivas (2.2) convergen uniformemente a una única solución del problema de valor inicial (2.7) en el intervalo $[-a, a]$, donde a es cualquier número que satisfaga $0 < a < \min(\eta, \Lambda)$.

□

2.2. El Intervalo Máximo de Existencia

El teorema fundamental de existencia y unicidad estableció que si $f \in C^1(E)$ entonces el problema del valor inicial

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (2.8)$$

tiene una solución única definida en algún intervalo $(-a, a)$. Mostramos que (2.8) tiene una solución única $x(t)$ definida en un intervalo máximo de existencia (α, β) . Además, si $\beta < \infty$ y si el límite

$$x_1 = \lim_{t \rightarrow \beta^-} x(t)$$

entonces existe $x_1 \in \dot{E}$, en la frontera de E . La frontera de un conjunto abierto E , $\dot{E} = \overline{E} \setminus E$ donde \overline{E} es la clausura de E . Por otro lado, si el límite anterior existe y $x_1 \in E$, entonces $\beta = \infty$, $f(x_1) = 0$ y x_1 es un punto de equilibrio de (2.8) según la definición anterior.

Lema 2.2.1. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene x_0 y supongamos que $f \in C^1(E)$. Sean $u_1(t)$ y $u_2(t)$ soluciones del problema de valores iniciales (2.8) en los intervalos I_1 y I_2 . Entonces $0 \in I_1 \cap I_2$ y si I es cualquier intervalo abierto que contiene 0 y está contenido en $I_1 \cap I_2$, se sigue que $u_1(t) = u_2(t)$ para todo $t \in I$.

Teorema 2.2.2. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y supongamos que $f \in C^1(E)$. Entonces, para cada punto $x_0 \in E$, existe un intervalo máximo J en el que el problema con valores iniciales (2.8) tiene una solución única, $x(t)$, es decir, si el problema con valores iniciales tiene una solución $y(t)$ en un intervalo I , entonces $I \subset J$ y $y(t) = x(t)$ para todo $t \in I$. Además, el intervalo máximo J es abierto, es decir, $J = (\alpha, \beta)$.

Definición 2.2.3. El intervalo (α, β) en el Teorema (2.2.2) se llama intervalo máximo de existencia de la solución $x(t)$ del problema de valor inicial (2.8) o simplemente intervalo máximo de existencia del problema de valor inicial (2.8).

Teorema 2.2.4. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene x_0 , sea $f \in C^1(E)$, y sea (α, β) el intervalo máximo de existencia de la solución $x(t)$ del problema de valor inicial (2.8). Supongamos que $\beta < \infty$. Entonces, dado cualquier conjunto compacto $K \subset E$, existe un $t \in (\alpha, \beta)$ tal que $x(t) \in K$.

Si (α, β) es el intervalo máximo de existencia para el problema de valores iniciales (2.8), entonces $0 \in (\alpha, \beta)$ y los intervalos $[0, \beta)$ y $(\alpha, 0]$ se denominan intervalos máximos de existencia a derecha e izquierda respectivamente. Esencialmente la misma prueba produce el siguiente resultado.

Teorema 2.2.5. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene x_0 , sea $f \in C^1(E)$, y sea $[0, \beta)$ el intervalo máximo de existencia de la solución $x(t)$ del problema de valor inicial (2.8). Supongamos que $\beta < \infty$. Entonces, dado cualquier conjunto compacto $K \subset E$, existe un $t \in (0, \beta)$ tal que $x(t) \in K$.

Corolario 2.2.6. Bajo la hipótesis del teorema anterior, si $\beta < \infty$ y si $\lim_{t \rightarrow \beta^-} x(t)$ existe entonces $x_1 = \lim_{t \rightarrow \beta^-} x(t) \in \dot{E}$.

Corolario 2.2.7. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene x_0 , sea $f \in C^1(E)$, y sea $[0, \beta)$ el intervalo máximo de existencia de la solución $x(t)$ del problema de valor inicial (2.8). Supongamos que $\beta < \infty$. Entonces, dado cualquier conjunto compacto $K \subset E$ tal que

$$\{y \in \mathbb{R}^n / y = x(t); t \in [0, \beta)\} \subset K$$

Se deduce que $\beta = \infty$; es decir el problema de valor inicial (2.8) tiene una solución $x(t)$ en $[0, \infty)$

Teorema 2.2.8. *Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contenga x_0 y sea $f \in C^1(E)$. Supongamos que el problema con valores iniciales (2.8) tiene una solución $x(t, x_0)$ definida en un intervalo cerrado $[a, b]$. Entonces existe un $\delta > 0$ y una constante positiva K tal que para todo $y \in N_\delta(x_0)$ el problema con valores iniciales*

$$\begin{aligned}\dot{x} &= f(x) \\ \dot{x}(0) &= y\end{aligned}$$

tiene una única solución $x(t, y)$ definido en $[a, b]$ que satisface $|x(t, y) - x(t, x_0)| \leq |y - x_0|e^{K|t|}$ y $\lim_{y \rightarrow x_0} x(t, y) = x(t, x_0)$ uniformemente para todos $t \in [a, b]$.

Lema 2.2.9. *Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y sea A un subconjunto compacto de E . Entonces, si $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ es localmente Lipschitz en E , se deduce que f satisface una condición de Lipschitz en A .*

2.3. El Flujo definido por una Ecuación Diferencial

El flujo se define como $e^{At} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$, del sistema lineal $\dot{x} = Ax$. El mapeo $\phi_t = e^{At}$ satisface las siguientes propiedades básicas para todo $x \in \mathbb{R}^n$

- (i) $\phi_0(x) = x$
- (ii) $\phi_s(\phi_t(x)) = \phi_{s+t}(x)$ para todo $s, t \in \mathbb{R}$
- (iii) $\phi_{-t}(\phi_t(x)) = \phi_t(\phi_{-t}(x))$ para todo $t \in \mathbb{R}$

Definiremos el flujo, ϕ_t , del sistema no lineal

$$\dot{x} = f(x) \tag{2.9}$$

En la siguiente definición, denotamos el intervalo máximo de existencia (α, β) de la solución $\phi(t, x_0)$ del problema de valores iniciales

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \tag{2.10}$$

por $I(x_0)$ ya que los extremos α y β del intervalo máximo generalmente depende de x_0 .

Definición 2.3.1. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y sea $f \in C^1(E)$. Para $x_0 \in E$, sea $\phi(t, x_0)$ la solución del problema de valor inicial (2.10) definido en su intervalo máximo de existencia $I(x_0)$. Entonces, para $t \in I(x_0)$, el conjunto de asignaciones ϕ_t definido por $\phi_t(x_0) = \phi(t, x_0)$ se llama Flujo de la Ecuación Diferencial (2.9) o Flujo definido por la ecuación diferencial (2.9); ϕ_t , también se conoce como el Flujo del Campo Vectorial $f(x)$.

Si pensamos que el punto inicial x_0 es fijo y dejamos que $I = I(x_0)$, entonces la aplicación $\phi(\cdot, x_0) : I \rightarrow E$ define una curva solución o trayectoria del sistema (2.9) a través del punto $x_0 \in E$. Como es habitual, el mapeo $\phi(\cdot, x_0)$ se identifica con su gráfica en $I \times E$ y una trayectoria se visualiza como un movimiento a lo largo de una curva Γ que pasa por el punto x_0 en el subconjunto E del espacio de fase \mathbb{R}^n . Por otro lado, si pensamos que el punto x_0 varía a lo largo de $K \subset E$, entonces el flujo de la ecuación diferencial (2.9), $\phi_t : K \rightarrow E$ puede verse como el movimiento de todos los puntos del conjunto K .

Si pensamos que la ecuación diferencial (2.9) describe el movimiento de un fluido, entonces una trayectoria de (2.9) describe el movimiento de una partícula individual en el fluido, mientras que el flujo de la ecuación diferencial (2.9) describe el movimiento de la fluido completo.

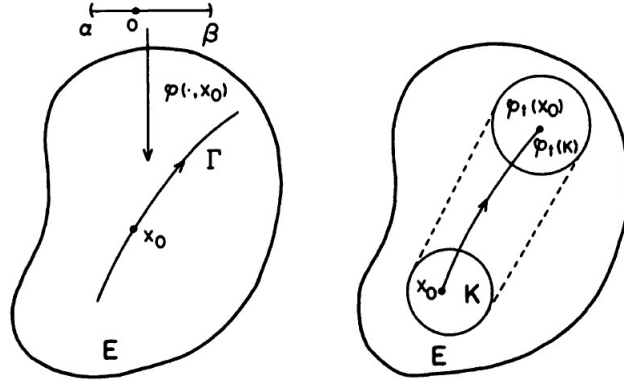


Figura 2.1: Trayectoria y Flujo

Ahora mostramos que las propiedades básicas (i)-(iii) de los flujos lineales también se satisfacen con los flujos no lineales.

Definamos el conjunto $\Omega \subset \mathbb{R} \times E$ como

$$\Omega = \{(t, x_0) \in \mathbb{R} \times E / t \in I(x_0)\}$$

Teorema 2.3.2. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y sea $f \in C^1(E)$. Entonces Ω es un subconjunto abierto de $\mathbb{R} \times E$ y $\phi \in C^1(\Omega)$

Teorema 2.3.3. Sea E es un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y sea $f \in C^1(E)$. Entonces para todo $x_0 \in E$, si $t \in I(x_0)$ y $s \in I(\phi_t(x_0))$, resulta que $s + t \in I(x_0)$ y

$$\phi_{s+t}(x_0) = \phi_s(\phi_t(x_0))$$

Teorema 2.3.4. Bajo las hipótesis del Teorema (2.3.2), si $(t, x_0) \in \Omega$ entonces existe una vecindad U de x_0 tal que $\{t\} \times U \subset \Omega$. Entonces se deduce que el conjunto $V = \phi_t(U)$ es un conjunto abierto en E y que

$$\phi_{-t}(\phi_t(x)) = x, \forall x \in U$$

y

$$\phi_t(\phi_{-t}(y)) = y, \forall y \in V$$

Hemos mostramos que el tiempo a lo largo de cada trayectoria de (2.9) se puede reescalar, sin afectar el retrato de fase de (2.9), de modo que para todo $x \in E$, la solución $\phi(t, x_0)$ del problema de valor inicial (2.10) está definido para todo $t \in \mathbb{R}$; es decir, para todo $x_0 \in E$, $I(x_0) = (-\infty, \infty)$. Este cambio de escala evita algunas de las complicaciones encontradas al enunciar los teoremas anteriores. Una vez realizado este reescalado, se deduce que $\Omega = \mathbb{R} \times E$, $\phi \in C^1(\mathbb{R} \times E)$, $\phi_t \in C^1(E)$ para todo $t \in \mathbb{R}$, y las propiedades (i)-(iii) para el flujo del sistema no lineal (2.9) se cumple para todos $t \in \mathbb{R}$ y $x \in E$ igual que para el flujo lineal e^{At} . Se supondrá, de ahora en adelante, que este cambio de escala se ha realizado de modo que para todo $x_0 \in E$, $\phi(t, x_0)$ se define para todo $t \in \mathbb{R}$; es decir, supondremos que el flujo del sistema no lineal (2.9) $\phi_t \in C^n(E)$ para todo $t \in \mathbb{R}$.

Definición 2.3.5. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n , sea $f \in C^1(E)$, y sea $\phi_t : E \rightarrow E$ el flujo de la ecuación diferencial (2.9) definida para todo $t \in \mathbb{R}$. Entonces un conjunto $S \subset E$ se llama invariante con respecto al flujo ϕ_t si $\phi_t(S) \subset S$ para todo $t \in \mathbb{R}$ y S se llama invariante positiva (o negativamente) con respecto al flujo ϕ_t si $\phi_t(S) \subset S$ para todo $t \geq 0$ (o $t \leq 0$).

Antes habíamos mostramos que los subespacios estable, inestable y central del sistema lineal $\dot{x} = Ax$ son invariantes bajo el flujo lineal $\phi_t = e^{At}$.

2.4. Linealización

Un buen lugar para empezar a analizar el sistema no lineal

$$\dot{x} = f(x) \tag{2.11}$$

es determinar los puntos de equilibrio de (2.11) y describir el comportamiento de (2.11) cerca de sus puntos de equilibrio. Se mostrara que el comportamiento local del sistema no lineal (2.11) cerca de un punto de equilibrio hiperbólico x_0 está determinado cualitativamente por el comportamiento del sistema lineal.

$$\dot{x} = Ax \quad (2.12)$$

con la matriz $A = Df(x_0)$, cerca del origen. La función lineal $Ax = Df(x_0)x$ es llamado Parte Lineal de f en x_0 .

Definición 2.4.1. Un punto $x_0 \in \mathbb{R}^n$ se denomina punto de equilibrio o punto crítico de (2.11) si $f(x_0) = 0$. Un punto de equilibrio x_0 se denomina punto de equilibrio hiperbólico de (2.11) si ninguno de los valores propios de la matriz $Df(x_0)$ tienen parte real cero. El sistema lineal (2.12) con la matriz $A = Df(x_0)$ se llama linealización de (2.11) en x_0 .

Si $x_0 = 0$ es un punto de equilibrio de (2.11), entonces $f(0) = 0$ y, por el Teorema de Taylor,

$$f(x) = Df(0)x + \frac{1}{2}D^2f(0)(x, x) + \dots$$

De ello se deduce que la función lineal $Df(0)x$ es una buena primera aproximación a la función no lineal $f(x)$ cerca de $x = 0$ y es razonable esperar que el comportamiento del sistema no lineal (2.11) cerca del punto $x = 0$ se aproximará por el comportamiento de su linealización en $x = 0$.

Tenga en cuenta que si x_0 es un punto de equilibrio de (2.11) y $\phi_t : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ es el flujo de la ecuación diferencial (2.11), entonces $\phi_t(x_0) = x_0$ para todo $t \in \mathbb{R}$. Por lo tanto, x_0 se llama un punto fijo del Flujo ϕ_t , también llamado cero, punto crítico o punto singular del campo vectorial $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$. A continuación damos una clasificación aproximada de los puntos de equilibrio de (2.11) según los signos de las partes reales de los valores propios de la matriz $Df(x_0)$.

Definición 2.4.2. Un punto de equilibrio x_0 de (2.11) se denomina **Sumidero** si todos los valores propios de la matriz $Df(x_0)$ tienen parte real negativa; se llama **Fuente** si todos los valores propios de $Df(x_0)$ tienen parte real positiva; y se llama **Silla de Montar** si es un punto de equilibrio hiperbólico y $Df(x_0)$ tiene al menos un valor propio con parte real positiva y al menos uno con parte real negativa.

Capítulo 3

Sistemas no lineales: Teoría de la Bifurcación

Comenzamos esta sección dando una presentación de la Bifurcación dada por [7] y como nos define herramientas para su estudio.

El término bifurcación fue utilizado originalmente por Poincaré para describir la "división" de soluciones de equilibrio en una familia de ecuaciones diferenciales. Si

$$\begin{cases} \dot{x} = f_\mu(x), \mu \in \mathbb{R}^k \\ x \in \mathbb{R}^n \end{cases} \quad (3.1)$$

es un sistema de ecuaciones diferenciales que depende de un parámetro μ de dimensión k , entonces las soluciones de equilibrio de la ecuación anterior están dadas por las soluciones de la ecuación $f_\mu(x) = 0$. A medida que μ varía el teorema de la función implícita implica que estos equilibrios están descritos por funciones suaves de μ , excepto en aquellos puntos en los que la derivada jacobiana de $f(x)$ con respecto a x , $D_x f(x)$, tiene un valor propio igual a cero. El gráfico de cada una de estas funciones es una rama de equilibrios de (3.1). En un equilibrio (x_0, μ_0) , donde $D_x f(x_0)$ tiene un valor propio igual a cero, varias ramas de equilibrios pueden encontrarse, y se dice que (x_0, μ_0) es un punto de bifurcación.

Como ejemplo consideremos la ecuación (3.1), con $f(x) = \mu x - x^3$. Aquí $D_x f(x) = \mu - 3x^2$, y el único punto de bifurcación es $(x, \mu) = (0, 0)$. Es fácil comprobar que el único punto fijo $x = 0$, que existe para $\mu \leq 0$, es estable, que se vuelve inestable para $\mu > 0$, y que los nuevos puntos fijos bifurcados en $x = \pm\sqrt{\mu}$ son estables. Obtenemos la imagen cualitativa de la Figura (3.1), en la que las ramas de equilibrios se muestran en el espacio (x, μ) .

Esta figura es un ejemplo de un diagrama de bifurcación.

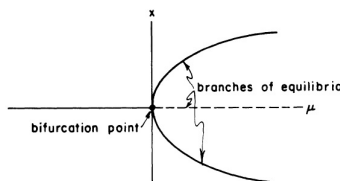


Figura 3.1: El diagrama de bifurcación $f(x) = \mu x - x^3$

Las bifurcaciones de los equilibrios generalmente producen cambios en el tipo topológico de un flujo, pero hay muchos otros tipos de cambios que ocurren en la clase de equivalencia topológica de los flujos. Incluiríamos todos estos en nuestro uso del término bifurcación.

Definición 3.0.1. Un valor μ_0 de la ecuación (3.1) para el cual el flujo de (3.1) no es estructuralmente estable es un valor de bifurcación μ .

Esta definición no es completamente satisfactoria porque impulsa a estudiar la estructura detallada de los flujos para los cuales no existen descripciones completas. En consecuencia, los intentos de construir una teoría sistemática de bifurcaciones llevan a preguntas técnicas muy difíciles, no todas las cuales son relevantes para las aplicaciones de la teoría. Para evitar tales complicaciones, frecuentemente aflojamos la definición dada y examinamos solo algunas de las características cualitativas de un sistema de ecuaciones diferenciales. Sin embargo, no retrocedemos al problema estático de tratar únicamente con las bifurcaciones de equilibrios.

Otra peculiaridad de esta definición es que un punto de bifurcación no necesita representar necesariamente un cambio en la clase de equivalencia topológica de un flujo. Por ejemplo, el sistema $\dot{x} = -(\mu^2 x - x^3)$ tiene un valor de bifurcación $\mu = 0$, pero todos los flujos en esta familia tienen un equilibrio globalmente atractivo en $x = 0$. Sin embargo, perturbaciones arbitrarias (desdoblamientos) sí producen flujos topológicamente distintos.

Dado un sistema (3.1), queremos trazar su conjunto de bifurcación. Este consiste en los lugares en el μ -espacio que corresponden a sistemas para los cuales la estabilidad estructural se rompe de maneras específicas que clasificamos en la medida en que somos capaces de hacerlo. También a veces encontramos conveniente trazar diagramas de bifurcación: los lugares en el espacio producto (x, μ) de (partes de) el conjunto invariante de (3.1). Estos conjuntos invariantes no necesitan ser únicamente puntos fijos, como en la Figura (3.1); órbitas periódicas, por ejemplo, a menudo se representan en términos de alguna medida (como $|x|$) de su amplitud.

Lo que resulta de particular interés es que existen tipos identificables de bifurcaciones que aparecen repetidamente en muchos problemas. Idealmente, nos

gustaría tener una clasificación de bifurcaciones que produjera una lista específica de posibilidades para cada ejemplo, comenzando con consideraciones generales como el número de parámetros en el problema, la dimensión del espacio de fase y cualquier simetría u otras propiedades especiales del sistema (por ejemplo, la ecuación de Duffing forzada y los sistemas de Lorenz son contractores de volumen: esto excluye muchos tipos de comportamiento en estos sistemas). Se han desarrollado partes de tal clasificación, pero aquí hablaremos solo de algunas definiciones.

Los esquemas de clasificación se basan en conceptos que tienen su origen en la teoría de transversalidad en la topología diferencial. El teorema de transversalidad implica que cuando dos variedades (superficies) de dimensiones k y l se intersectan en un espacio de dimensión n , entonces, en general, su intersección será una variedad de dimensión $k + l - n$. Si $k + l < n$, no se espera que ocurran intersecciones en absoluto. Por ejemplo, superficies bidimensionales en el espacio tridimensional generalmente se intersectan a lo largo de curvas, mientras que dos curvas en el espacio tridimensional generalmente no se intersectan. El significado de "en general" se da en términos de topologías del espacio de funciones para el espacio de embebimientos de variedades de dimensión l en un espacio de dimensión n . No vamos a desarrollar esto, sino que solo señalamos aquí que las intersecciones no transversales pueden ser perturbadas a transversales, pero las intersecciones transversales conservan su topología bajo perturbación. Una intersección en posición general o transversal de variedades en un espacio de dimensión n es aquella para la cual los espacios tangentes de las variedades intersectantes abarcan el espacio n . La fórmula de dimensión también puede expresarse en términos de co-dimensión. La co-dimensión de una subvariedad de dimensión l en un espacio de dimensión n es $(n - l)$. Entonces, la intersección de dos subvariedades \sum_1 y \sum_2 generalmente satisface $(n - l_1) + (n - l_2) = 2n - (l_1 + l_2) = n - (l_1 + l_2 - n)$. Por lo tanto, la co-dimensión de $\sum_1 \cap \sum_2$ es la suma de las co-dimensiones de \sum_1 y \sum_2 si la intersección es transversal.

Como ejemplo, consideremos dos curvas en el plano, una de las cuales es el eje x y la otra es el gráfico de una función f . Las dos curvas se intersectan transversalmente en un punto x si $f(x) = 0$ (la condición de intersección) y $f'(x) \neq 0$ (transversalidad). Decimos que una intersección transversal de las curvas es un cero simple. Si f tiene solo ceros simples, entonces pequeñas perturbaciones de f tienen el mismo número de ceros que f . En una familia f_μ , los ceros simples varían como funciones suaves de μ . (Esta afirmación es simplemente el Teorema de la Función Implícita.)

Los ceros no simples no tienen estas propiedades. Por ejemplo, la familia $f(x) = \mu + x^2$ tiene un cero no simple en $(x, \mu) = (0, 0)$. Para $\mu > 0$, las funciones f_μ no tienen ceros en absoluto. Sin embargo, si se considera $f(x) = F(x, \mu)$ como una función de dos variables, entonces su gráfico interseca el plano de coordenadas

(x, μ) transversalmente a lo largo de la curva $\mu + x^2 = 0$. Por lo tanto, aunque el punto de bifurcación $(x, \mu) = (0, 0)$ corresponde a un sistema inestable, el diagrama de bifurcación correspondiente a la familia de sistemas es estable frente a pequeñas perturbaciones.

El concepto de transversalidad es clave en la teoría de bifurcaciones. Se usa para analizar cómo las bifurcaciones en familias de sistemas (como los descritos en el formato f_μ) afectan la dinámica del sistema cerca de la bifurcación. Cuando una familia de sistemas tiene bifurcaciones de un tipo específico, las dinámicas cerca de esas bifurcaciones tienden a ser cualitativamente similares, aunque la definición precisa de "dinámicas cualitativamente similares" puede variar y no tiene una resolución sencilla. En lugar de trabajar con una definición estricta, se destacan las características dinámicas que persisten bajo pequeñas perturbaciones.

Las bifurcaciones se pueden clasificar según su codimensión, que es la menor dimensión del espacio de parámetros que contiene la bifurcación de manera persistente. Un despliegue de una bifurcación es una familia de sistemas que incluye la bifurcación de forma persistente. Estos conceptos se ilustran con ejemplos que muestran cómo las bifurcaciones pueden influir en la estabilidad y el comportamiento de los sistemas.

El análisis de las bifurcaciones de sistemas generalmente involucra la linealización del sistema en los equilibrios, y el uso de técnicas como la transversalidad permite determinar cómo varía el comportamiento de los sistemas cerca de puntos de bifurcación. Esto ayuda a identificar las formas normales de las matrices jacobianas evaluadas en los puntos de bifurcación, que proporcionan información importante sobre la naturaleza de las bifurcaciones.

Antes de proceder con la discusión de la bifurcación local de codimensión uno se presentan dos técnicas generales que facilitan los cálculos en el análisis de bifurcaciones, permitiendo una descripción más sencilla de las dinámicas de los sistemas cercanos a los puntos de bifurcación.

Después de aplicar estas técnicas, quedan unos pocos sistemas específicos de ecuaciones diferenciales cuyo comportamiento determina las características cualitativas de cada tipo de bifurcación. Recalamos una vez más que estas técnicas son de carácter local y solo aplicables a las bifurcaciones de equilibrios y órbitas periódicas.

3.1. Variedad Central

En esta sección comenzamos con el desarrollo de las técnicas necesarias para el análisis de problemas de bifurcación. Discutimos y enunciamos el teorema del variedad central, que proporciona un medio para reducir sistemáticamente la dimensión de los espacios de estado que deben considerarse al analizar bifurcaciones

de un tipo dado. Usamos el siguiente sistema

Definición 3.1.1. (El sistema de Lorenz) Lorenz, un meteorólogo, presentó un análisis de un conjunto acoplado de tres ecuaciones diferenciales ordinarias cuadráticas que representan tres modos (uno en velocidad y dos en temperatura) de las ecuaciones de Oberbeck-Boussinesq para la convección de fluidos en una capa bidimensional calentada desde abajo. Los artículos citados anteriormente proporcionan más detalles. Las ecuaciones son:

$$\begin{cases} \dot{x} = a(y - x) \\ \dot{y} = px - y - xz \\ \dot{z} = -\beta z + xy, \quad (x, y, z) \in \mathbb{R}^3 \end{cases}$$

donde $a, p, \beta > 0$, y contienen tres parámetros: a (el número de Prandtl), p (el número de Rayleigh) y β (una relación de aspecto). Esta truncación a tres modos refleja con precisión las propiedades convectivas dominantes del fluido para números de Rayleigh p cercanos a 1. En particular, cuando $p = 1$, la solución puramente conductiva de las ecuaciones diferenciales parciales del fluido, que tiene velocidad cero y un gradiente de temperatura lineal, se vuelve inestable hacia una solución que contiene celdas o rodillos convectivos estacionarios.

Usaremos su bifurcación en $\rho = 1$ como un ejemplo que ilustra el papel de las variedades centrales en los cálculos de bifurcación. Hay dos situaciones análogas a considerar: un equilibrio para un campo vectorial y un punto fijo para un difeomorfismo.

Supongamos que tenemos un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias $\dot{x} = f(x)$ tal que $f(0) = 0$. Si la linealización de f en el origen no tiene valores propios puramente imaginarios y por el siguiente teorema

Teorema 3.1.2. (Hartman-Grobman). *Si $Df(x)$ no tiene valores propios nulos ni puramente imaginarios, entonces existe un homeomorfismo h definido en algún vecindario U de x en \mathbb{R}^n , que lleva localmente las órbitas del flujo no lineal φ , a la solución al problema de valor inicial:*

$$\dot{x} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n, \quad x(0) = x_0$$

a las órbitas del flujo lineal $e^{tDf(x)}$.

Si linealizamos la ecuación anterior en x , es decir, estudiaremos el sistema lineal:

$$\dot{\xi} = Df(x)\xi, \quad \xi \in \mathbb{R}^n.$$

con $Df = \left[\frac{\partial f_i}{\partial x_j} \right]$ es la matriz jacobiana de las primeras derivadas parciales de la función $f = (f_1(x_1, \dots, x_n), f_2(x_1, \dots, x_n), \dots, f_n(x_1, \dots, x_n))^T$ (T denota la traspuesta), y $x = x + \xi$, con $|\xi| \ll 1$.

El homeomorfismo preserva el sentido de las órbitas y también puede elegirse de manera que preserve la parametrización por el tiempo.

Podemos establecer que el número de valores propios con partes reales positivas y negativas determina la equivalencia topológica del flujo cerca del origen. Si hay valores propios con partes reales iguales a cero, entonces el flujo cerca del origen puede ser bastante complicado.

Observamos el ejemplo $\dot{x} = xy + x^3; \dot{y} = -y - x^2y$, uno de los valores propios es -1 y, por lo tanto, existe una variedad estable unidimensional (en este caso, el eje y). Para este problema, un cálculo directo muestra que el eje x es un segundo conjunto invariante tangente al (de hecho, idéntico al) espacio de eigenvectores del centro E^c . Este es un ejemplo de una variedad central: una variedad invariante tangente al espacio de eigenvectores del centro. El comportamiento dinámico local "transversal" a la variedad central es relativamente simple, ya que está controlado por los flujos exponencialmente contractivos (y expansivos) en las variedades locales estables (e inestables). Nota que no podemos definir la variedad central en términos del comportamiento asintótico de las soluciones en ella, ya que, como muestra este ejemplo (y pueden ser otros), las soluciones en la variedad central pueden ser expansivas o contractivas.

En general, el método de la variedad central aísla el comportamiento asintótico complicado al ubicar una variedad invariante tangente al subespacio generado por el (generalizado) espacio de vectores propios de los valores propios en el eje imaginario. Sin embargo, existen dificultades técnicas que no están presentes en el teorema de la variedad estable. Estas involucran la no unicidad y la pérdida de suavidad en la variedad central invariante. Antes de enunciar los resultados principales, ilustramos estos problemas con un par de ejemplos.

Considerar el sistema

$$\begin{cases} \dot{x} = x^2 \\ \dot{y} = -y \end{cases} \quad (3.2)$$

Las soluciones de este sistema tienen la forma de $x(t) = \frac{x_0}{1-tx_0}$ y $y(t) = y_0e^{-t}$.

Eliminando t , obtenemos curvas de solución que son gráficas de las funciones $y(x) = (y_0e^{-1/x_0})e^{1/x}$. Para $x < 0$, todas estas curvas de solución se acercan al origen de una manera que es "plana"; es decir, todas sus derivadas se anulan en $x = 0$. Para $x > 0$, la única curva de solución que se aproxima al origen (cuando $t \rightarrow \infty$ es el eje x). Así, la variedad central, tangente a la dirección del vector propio que pertenece a 0 (el eje x) está lejos de ser única. Podemos obtener una variedad central C^∞ uniendo cualquier curva de solución en el semiplano izquierdo con la mitad positiva del eje x ; como en la figura (3.2) Sin embargo, cabe destacar que la única variedad central analítica es el propio eje x .

Para explicar la falta de suavidad en las variedades centrales, primero hacemos

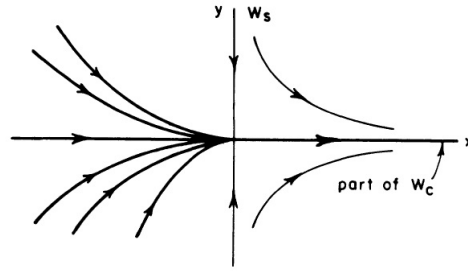


Figura 3.2: El retrato de fase de la ecuación (3.2), mostrando algunas variedades centrales (curvas gruesas).

una simple observación sobre las trayectorias que se acercan a un nodo. Consideremos el sistema lineal

$$\begin{cases} \dot{x} = ax \\ \dot{y} = by \end{cases} \quad (3.3)$$

con $b > a > 0$, dividiendo estas ecuaciones obtenemos

$$\frac{dy}{dx} = \frac{by}{ax} \quad (3.4)$$

Las soluciones de la ecuación (3.4) se ven fácilmente que tienen la forma $y(x) = C|x|^{b/a}$. Las gráficas de las funciones $y(x)$ son las curvas de solución de (3.3). Si extendemos una de estas curvas de solución hasta el origen, entonces dejará de ser infinitamente diferenciable si b/a no es un entero y $C \neq 0$. Si $r < b/a < r + 1$, entonces la curva extendida será C^r , pero no C^{r+1} . Incluso si b/a es un entero, la curva formada por la unión de 0 y dos curvas de solución a la derecha e izquierda de 0 será diferenciable $b/a - 1$ veces en general. Ahora damos un ejemplo que ilustra que una variedad central puede verse obligada a contener curvas que se unen en un nodo como las que acabamos de describir. Consideremos el sistema

$$\begin{cases} \dot{x} = \mu x - x^3 \\ \dot{y} = y \\ \dot{\mu} = 0 \end{cases} \quad (3.5)$$

en el cual el "parámetro" μ desempeña el papel de una variable dependiente (trivial). Es fácil verificar que, para el sistema linealizado en $(x, y, \mu) = (0, 0, 0)$, el eje y es un subespacio inestable y el plano (x, μ) es el subespacio central. Los equilibrios de este sistema consisten en el eje μ y la parábola $\mu = x^2$ en el plano de coordenadas (x, μ) , figura (3.3). Dado que $\dot{\mu} \equiv 0$, el plano μ es constante e invariante bajo el flujo de (3.5). En un plano μ constante distinto de cero, todos los equilibrios son hiperbólicos. Aquellos en el eje μ , con $\mu < 0$ y a lo largo de la

parábola son puntos de silla, mientras que aquellos a lo largo del eje μ y positivo son nodos inestables. Queremos encontrar la variedad central en 0. Para $\mu \leq 0$, el flujo de (3.5) es topológicamente una familia uniparamétrica de puntos de silla, y la única opción para una variedad central proviene de los puntos en el plano de coordenadas (x, μ) .

Cuando $\mu > 0$, las variedades inestables de los puntos de silla a lo largo de la parábola (cada una una línea vertical $(x = \pm\sqrt{h})$) forman una variedad invariante M , que separa \mathbb{R}^3 en dos regiones invariantes. La variedad central debe intersectar M , pero solo puede hacerlo conteniendo la parábola de equilibrios. Se deduce que la variedad central para $\mu > 0$ debe consistir en los equilibrios de (3.5) junto con las separatrices de los puntos de silla estables de los equilibrios a lo largo de la parábola. Para (3.5), todos estos se encuentran en el plano de coordenadas (x, μ) , y la variedad central es el plano (x, μ) . Sin embargo, si modificamos el sistema (3.5) cambiando la segunda ecuación a $\dot{y} = y + x^4$, entonces afirmamos (sin prueba) que la variedad central aún debe consistir en los equilibrios junto con sus separatrices de silla. No obstante, estas ya no encajan de manera C^∞ a lo largo de la curva de nodos en la mitad positiva del eje μ . El grado de suavidad disminuye a medida que uno se aleja del origen, porque la linealización de (3.5) en el punto $(0, 0, \mu_0)$ tiene autovalores en el plano $\mu = \mu_0$ que son 1 y μ_0 . Por lo tanto, el grado de suavidad que esperamos está limitado por $1/\mu_0$. Si solo nos interesa una variedad invariante C^r con $r < \infty$, entonces nuestra búsqueda tendrá éxito siempre que nos restrinjamos a un vecindario suficientemente pequeño del origen (con un diámetro de a lo sumo $1/r$ en este ejemplo).

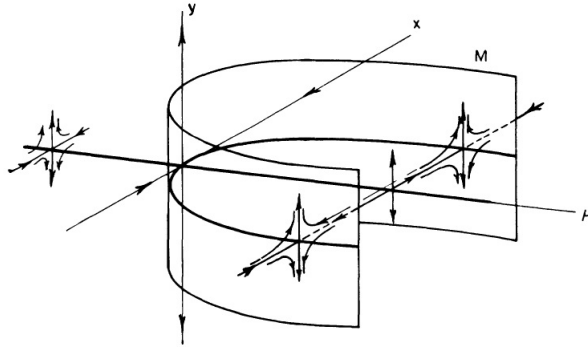


Figura 3.3: El retrato de fase de la ecuación (3.3), Variedad Invariante

Teorema 3.1.3 (Teorema de la Variedad Central para Flujos). Sea f un campo vectorial C^r en \mathbb{R}^n que se anula en el origen ($f(0) = 0$) y sea $A = Df(0)$. Dividimos el espectro (conjunto de valores propios de A) en tres partes σ_s , σ_u y σ_c con

$$\operatorname{Re} \lambda = \begin{cases} < 0 & \text{si } \lambda \in \sigma_s \\ = 0 & \text{si } \lambda \in \sigma_c \\ > 0 & \text{si } \lambda \in \sigma_u \end{cases}$$

Sean los espacios propios (generalizados) E^s , E^u y E^c de σ_s , σ_u y σ_c respectivamente. Entonces existen variedades invariantes estables e inestables W^s , W^u , de clase C^r , tangentes a E^s y E^u en 0, y una variedad central W^c , de clase C^{r-1} , tangente a E^c en 0. Las variedades W^s , W^u y W^c son todas invariantes para el flujo de f . Las variedades estables e inestables son únicas, pero W^c no necesariamente lo es.

Ilustramos la situación en la figura (3.4). Cabe señalar que no podemos asignar direcciones al flujo en W^c sin información específica sobre los términos de orden superior de f cerca de 0.

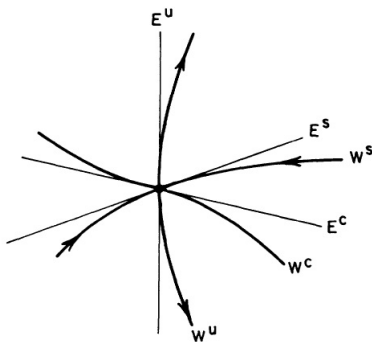


Figura 3.4: Las variedades estables, inestables y centrales.

Uno podría suponer que una alternativa más simple a usar el teorema de variedades centrales para un sistema sería proyectar el sistema sobre el subespacio lineal generado por E^c . Así, si uno escribe un campo vectorial f , como $f = f_u + f_s + f_c$ con $f_u \in E^u$, $f_s \in E^s$ y $f_c \in E^c$, cerca del equilibrio, se esperaría que f_c restringido a E^c proporcione una imagen cualitativa correcta de la dinámica en las direcciones centrales. El sistema de Lorenz ilustra que esto no siempre es así y, por lo tanto, proporciona un ejemplo instructivo del papel que juegan los cálculos de variedades centrales en un problema de bifurcación.

El teorema del conjunto central de variedades implica que el sistema bifurcante es localmente topológicamente equivalente a

$$\begin{aligned}\dot{\tilde{x}} &= \tilde{f} \\ \dot{\tilde{y}} &= -\tilde{y}; \\ \dot{\tilde{z}} &= \tilde{z}\end{aligned} \quad (\tilde{x}, \tilde{y}, \tilde{z}) \in W^c \times W^s \times W^u$$

en el punto de bifurcación. Ahora abordamos el problema de calcular el campo vectorial "reducido" \tilde{f} . Para simplificar, y porque es el caso más interesante físicamente, asumimos que la variedad inestable está vacía y que la parte lineal del sistema bifurcante está en forma de bloque diagonal:

$$\begin{aligned}\dot{x} &= Bx + f(x, y) \\ \dot{y} &= Cy + g(x, y);\end{aligned} \quad (x, y) \in \mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^m$$

donde B y C son matrices de $n \times n$ y $m \times m$ cuyos valores propios tienen, respectivamente, partes reales cero y partes reales negativas, y f y g se anulan, junto con sus primeras derivadas parciales, en el origen.

Dado que el conjunto central de variedades es tangente a E^c (el espacio $y = 0$), podemos representarlo como un gráfico (local)

$$\begin{cases} W^c = \{(x, y)/y = h(x)\} \\ h(0) = Dh(0) = 0 \end{cases} \quad (3.6)$$

donde $h : U \rightarrow \mathbb{R}^m$ está definida en algún vecindario $U \subset \mathbb{R}^n$ del origen, como esta en la figura . Ahora consideramos la proyección del campo vectorial en $y = h(x)$ sobre E^c

$$\dot{x} = Bx + f(x, h(x)) \quad (3.7)$$

Dado que $h(x)$ es tangente a $y = 0$ las soluciones de la ecuación anterior proporcionan una buena aproximación del flujo $\dot{\tilde{x}} = \tilde{f}(\tilde{x})$ restringido a W^c .

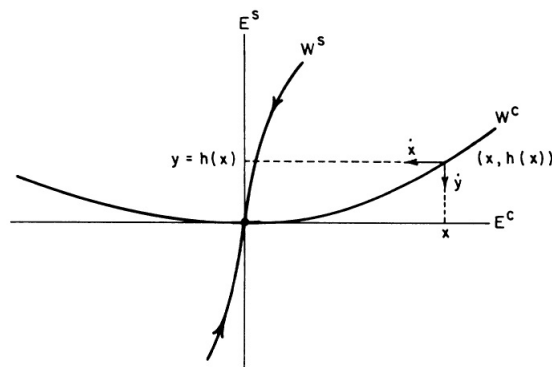


Figura 3.5: La variedad central y el campo vectorial proyectado.

3.2. Forma Normal

En esta sección, continuamos desarrollando herramientas técnicas que proporcionan la base para nuestro estudio de las propiedades cualitativas de los flujos cerca de una bifurcación. Suponemos que se ha aplicado el teorema del conjunto central de variedades a un sistema, y a partir de ahora restringimos nuestra atención al flujo dentro de la variedad central; es decir, a la ecuación aproximada (3.7). Intentaremos encontrar transformaciones de coordenadas adicionales que simplifiquen la expresión analítica del campo vectorial en la variedad central. Los campos vectoriales resultantes, "simplificados", se denominan formas normales. El análisis de la dinámica de las formas normales proporciona una imagen cualitativa de los flujos de cada tipo de bifurcación.

La idea de introducir sucesivas transformaciones de coordenadas para simplificar la expresión analítica de un problema general es una herramienta poderosa. Forma la base de la teoría de Kolmogorov-Arnold-Moser (KAM) para estudiar fenómenos cuasiperiódicos y también se utiliza en el método de promediación (las formas normales pueden calcularse por promediación, cf. Chow y Mallet-Paret [1977]). Ocasionalmente, también supondremos en el análisis de los flujos cercanos a un equilibrio hiperbólico que el sistema ha sido linealizado mediante una transformación de coordenadas. Las formas normales hacen evidentes algunas propiedades de simetría de la bifurcación. La explotación de esta simetría es de considerable ayuda en el análisis de la dinámica.

Ahora describimos con más detalle el problema de calcular las formas normales. Comenzamos con un sistema de ecuaciones diferenciales

$$\dot{x} = f(x) \tag{3.8}$$

que tiene un equilibrio en 0. (En (3.8) omitimos la referencia explícita al parámetro μ) Nos gustaría encontrar un cambio de coordenadas $x = h(y)$ con $h(0) = 0$ tal que el sistema (3.8) se vuelva "tan simple como sea posible". En las coordenadas y , tenemos

$$Dh(y)\dot{y} = f(h(y))$$

o

$$\dot{y} = (Dh(y))^{-1}f(h(y)) \quad (3.9)$$

Lo mejor que se puede esperar es que (3.9) sea lineal. Formalmente (esto significa en términos de series de potencias), se puede intentar encontrar iterativamente una secuencia de transformaciones de coordenadas h_1, h_2, \dots que eliminen términos de grado creciente de la serie de Taylor de ((3.9) en el origen. El procedimiento de formas normales sistematiza estos cálculos, sin embargo, proporcionar los resultados más fuertes en todos los casos. En general, "tan simple como sea posible" significa que se han eliminado todos los términos no esenciales (hasta cierto grado) de la serie de Taylor. Cuando el procedimiento se aplica a un equilibrio hiperbólico, se obtiene la parte formal del teorema de linealización de Hartman (3.1.2), como explicaremos a continuación. Después de esta digresión, volveremos a los equilibrios bifurcantes no hiperbólicos. Supongamos por el momento que $Df(0)$ tiene valores propios distintos (posiblemente complejos) $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ y que un cambio lineal inicial de coordenadas ha diagonalizado $Df(0)$. Entonces, (3.8) escrito en estas coordenadas se convierte en:

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= \lambda_1 x_1 + g_1(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \dot{x}_2 &= \lambda_2 x_2 + g_2(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ &\dots \\ \dot{x}_n &= \lambda_n x_n + g_n(x_1, x_2, \dots, x_n) \end{aligned}$$

o

$$\dot{x} = \Lambda x + g(x) \quad (3.10)$$

donde las funciones g_i se anulan en segundo orden en el origen. Nos gustaría encontrar un cambio de coordenadas h de la forma identidad más términos de orden superior, que tenga la propiedad de que (3.9) tenga términos no lineales que se anulen en un orden superior al de los g . Si k es el menor grado de una derivada no nula de algún g_i , intentamos encontrar una transformación h de la forma:

$$x = h(y) = y + P(y) \quad (3.11)$$

con P un polinomio de grado k de modo que el menor grado de los términos no lineales en la ecuación transformada (3.9) sea $k + 1$. Ahora, (3.9) toma la forma:

$$\dot{y} = (I + DP(y))^{-1} f(y + P(y)) \quad (3.12)$$

Queremos expandir esta expresión, reteniendo solo los términos de grado k y menores. Denotando los términos de g_i de grado k por g_i^k y $P(y)$ por $(P_1(y), \dots, P_n(y))$, tenemos

$$\dot{y}_i = \lambda_i y_i + \lambda_i P_i(y) + g_i^k(y) - \sum_{j=1}^n \frac{\partial P_i}{\partial y_j} \lambda_j y_j \quad (3.13)$$

Hemos utilizado en esta fórmula el hecho de que $(I + DP)^{-1} = I - DP$, términos de módulo de grado k y superiores. (Para calcular (3.12) términos de módulo de grado $k + 1$, solo necesitamos $(I + DP)^{-1}$ términos de módulo de grado k porque f tiene grado 1.) Por lo tanto, queremos encontrar un P que satisfaga la ecuación:

$$\lambda_i P_i(y) - \sum_{j=1}^n \frac{\partial P_i}{\partial y_j} \lambda_j y_j = -g_i^k(y) \quad (3.14)$$

Observamos que el operador que asocia a P el lado izquierdo de (3.14) es lineal en los coeficientes de P . Además, si P_i es el monomio $y_1^{a_1} \dots y_n^{a_n}$, entonces $\partial P_i / \partial y_j \lambda_j y_j = a_j \lambda_j P_i$ y el lado izquierdo de (3.14) se convierte en $(\lambda_i - \sum_j a_j \lambda_j) P_i$, y por lo tanto, los monomios son vectores propios para el operador con valores propios $\lambda_i - \sum_j a_j \lambda_j$. Concluimos que P puede encontrarse satisfaciendo (3.14) siempre que ninguna de las sumas $\lambda_i - \sum_j a_j \lambda_j$ sea cero cuando $a = 1, \dots, a_n$ son enteros no negativos con $\sum_j a_j = k$. Si no existe una ecuación $\lambda_i - \sum_j a_j \lambda_j = 0$ que se satisfaga para enteros no negativos a_j con $\sum_j a_j \geq 2$, entonces la ecuación puede ser linealizada a cualquier orden algebraico deseado.

La cuestión de la linealización C^∞ o analítica es más difícil que el problema formal considerado anteriormente. Cuando todos los valores propios tienen parte real con el mismo signo (0 es una fuente o un sumidero), Poincaré ([?]) pudo resolver el problema analítico. Cuando 0 es una silla y hay valores propios de signo opuesto, el problema tiene pequeños divisores. El problema de la linealización analítica depende de las condiciones diofantinas (soluciones que sean números enteros o fraccionarios con ciertas propiedades) aritméticas satisfechas por los valores propios. Fue resuelto por Siegel [1952], mientras que el problema de la linealización C^∞ fue resuelto más tarde por Sternberg [1958]. No obstante, las observaciones anteriores deberían ayudar a explicar por qué el teorema de Hartman (3.1.2) solo puede garantizar la linealización a través de un homeomorfismo.

Para la teoría de bifurcaciones, estamos interesados específicamente en los equilibrios en los que hay valores propios con partes reales iguales a cero. En tales equilibrios, el problema de linealización no puede ser resuelto y hay términos de resonancia (no lineales) en f que no pueden ser eliminados mediante cambios de

coordenadas. El teorema de la forma normal formula sistemáticamente hasta qué punto se puede resolver, utilizando un procedimiento análogo al esbozado anteriormente para resolver el problema de linealización en equilibrios hiperbólicos. Las observaciones clave que forman la base de los cálculos son:

- Que la solvencia depende únicamente de la parte lineal del campo vectorial.
- Que el problema puede ser reducido a una secuencia de ecuaciones lineales que deben ser resueltas.

El resultado final es una serie de Taylor para el campo vectorial que contiene solo los términos resonantes esenciales.

Para concluir esta sección, discutimos el papel de los parámetros en los cálculos de la forma normal. Al igual que en el cálculo de las variedades centrales para sistemas parametrizados, volvemos a emplear el truco de extender el sistema $\dot{x} = f(x, \mu)$ al sistema mas grande

$$\begin{aligned}\dot{x} &= f(x, \mu) \\ \dot{\mu} &= 0\end{aligned}$$

Este enfoque permite analizar cómo los parámetros afectan las formas normales y facilita la obtención de resultados más generales en la teoría de bifurcaciones.

Se pueden realizar los cálculos de la forma normal en este sistema más grande mientras se insiste en que las transformaciones de coordenadas $H(x, \mu)$ sea siempre de la forma $H(x, \mu) = (h(x, \mu), \mu)$. Estas transformaciones necesariamente mantienen la ecuación $\dot{\mu} = 0$ invariante y transformarán el sistema $\dot{x} = f(x, \mu)$ de una manera dependiente de μ . En la práctica, estos cálculos se realizan de manera similar a antes, pero los coeficientes se consideran como series de potencias en los parámetros μ .

El teorema de la forma normal descrito en esta sección está lejos de ser la última palabra en cuanto a cuándo dos campos vectoriales pueden ser transformados uno en otro mediante un cambio suave de coordenadas. Aparte del teorema de linealización de Siegel y Sternberg Takens [1973a] proporciona resultados sobre esta cuestión que se aplican a campos vectoriales con un único valor propio cero o un único par de valores propios puramente imaginarios. Para equilibrios con partes lineales más degeneradas, parece que se sabe poco.

3.3. Bifurcaciones en puntos de equilibrio no hiperbólicos

Dado el sistema, definido en [10], como

$$\dot{x} = f(X, \mu) \quad (3.15)$$

observamos que esta dependiendo de un parámetro, $\mu \in \mathbb{R}$, que cambia a medida que el campo vectorial f pasa por un punto en el conjunto de bifurcación o cuando el parámetro μ varía a través de un valor de bifurcación μ_0 . Un valor μ_0 del parámetro μ en la ecuación (3.15) para el cual el campo C^1 -vectorial de $f(x, \mu_0)$ no es estructuralmente estable se denomina valor de bifurcación. A lo largo de esta sección supondremos que $f \in C^1(E \times J)$ donde E es un conjunto abierto en \mathbb{R}^n y $J \subset \mathbb{R}$ es un intervalo.

Comenzamos nuestro estudio de las bifurcaciones de campos vectoriales con los tipos más simples de bifurcaciones que ocurren en sistemas dinámicos; es decir, bifurcaciones en puntos de equilibrio no hiperbólicos. De hecho, comenzamos con una discusión de varios tipos de puntos críticos de sistemas unidimensionales.

$$\dot{x} = f(x, \mu) \quad (3.16)$$

con $x \in \mathbb{R}$ y $\mu \in \mathbb{R}$. Los tres tipos más simples de bifurcaciones que ocurren en un punto crítico no hiperbólico de (3.16) se ilustran en los siguientes ejemplos.

Ejemplo 3.3.1. Consideramos el sistema unidimensional

$$\dot{x} = \mu - x^2$$

Para $\mu > 0$ hay dos puntos críticos en $x = \pm\sqrt{\mu}$; $Df(x, \mu) = -2x$, $Df(\pm\sqrt{\mu}, \mu) = \pm\sqrt{\mu}$; y vemos que el punto crítico en $x = \sqrt{\mu}$ es estable mientras que el punto crítico en $x = -\sqrt{\mu}$ es inestable. (Seguimos usando D para la derivada con respecto a x y el símbolo $Df(x, \mu)$ representará la derivada parcial de la función $f(x, \mu)$ con respecto a x .) Para $\mu = 0$, hay es sólo un punto crítico en $x = 0$ y es un punto crítico no hiperbólico ya que $Df(0, 0) = 0$; el campo vectorial $f(x) = -x^2$ es estructuralmente inestable; y $\mu = 0$ es un valor de bifurcación. Para $\mu < 0$ no hay puntos críticos. Los retratos de fase para esta ecuación diferencial se muestran en la figura (3.6). Para $\mu > 0$, las variedades estables e inestables unidimensionales para la ecuación diferencial en este ejemplo están dadas por $W^s(\sqrt{\mu}) = (-\sqrt{\mu}, \infty)$ y $W^u(-\sqrt{\mu}) = (-\infty, \sqrt{\mu})$. Y para $\mu = 0$ la variedad central unidimensional viene dada por $W^c(0) = (-\infty, \infty)$.

Toda la información pertinente sobre la bifurcación que se produce en este sistema en $\mu = 0$ se captura en el diagrama de bifurcación que se muestra en

la figura (3.7). La curva $\mu - x^2 = 0$ determina la posición de los puntos críticos del sistema, una curva sólida se usa para indicar una familia de puntos críticos estables mientras Se utiliza una curva discontinua para indicar una familia de puntos críticos inestables.

Este tipo de bifurcación se denomina bifurcación de **Nodo de Silla**.

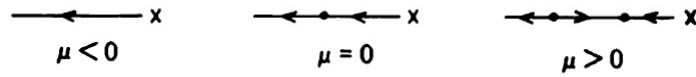


Figura 3.6: Retratos de fase de la ecuación diferencial $\dot{x} = \mu - x^2$

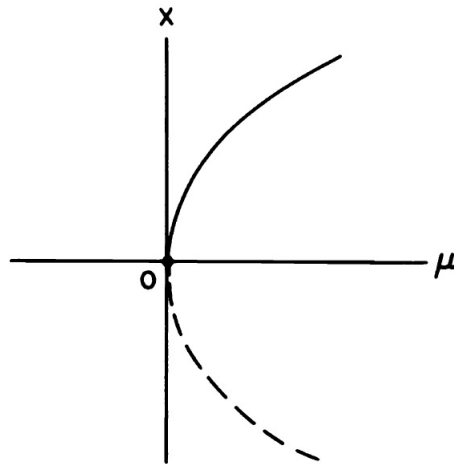


Figura 3.7: El diagrama de bifurcación para la bifurcación del nodo silla $\dot{x} = \mu - x^2$

Ejemplo 3.3.2. Consideramos el sistema unidimensional

$$\dot{x} = \mu x - x^2$$

Los puntos críticos están en $x = 0$ y $x = \mu$. Para $\mu = 0$ sólo hay un punto crítico en $x = 0$ y no es hiperbólico ya que $Df(0, 0) = 0$; el campo vectorial $f(x) = -x^2$ es estructuralmente inestable; y $\mu = 0$ es un valor de bifurcación. Los retratos de fase para esta ecuación diferencial se muestran en la figura (3.8). Para $\mu = 0$ tenemos $W^c(0) = (-\infty, \infty)$; El diagrama de bifurcación se muestra en la figura (3.9). Vemos que hay un intercambio de estabilidad que tiene lugar en los puntos críticos de este sistema en el valor de bifurcación $\mu = 0$.

Este tipo de bifurcación se llama bifurcación **Transcrítica**.

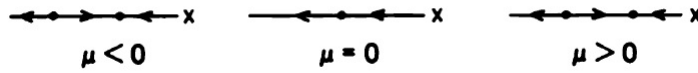


Figura 3.8: Retratos de fase de la ecuación diferencial $\dot{x} = \mu x - x^2$

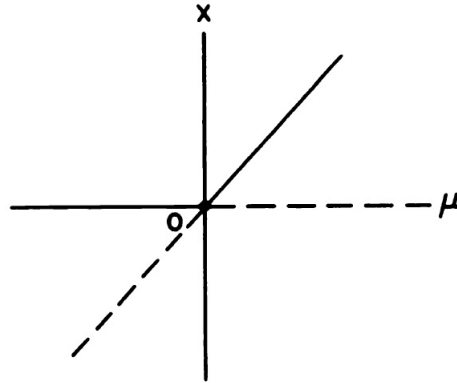


Figura 3.9: El diagrama de bifurcación para la bifurcación Transcrítica $\dot{x} = \mu x - x^2$

Ejemplo 3.3.3. Consideramos el sistema unidimensional

$$\dot{x} = \mu x - x^3$$

Para $\mu > 0$ hay puntos críticos en $x = 0$ y en $x = \pm\sqrt{\mu}$. Para $\mu \leq 0$, $x = 0$ es el único punto crítico. Para $\mu = 0$ hay un punto crítico no hiperbólico en $x = 0$ ya que $Df(0, 0) = 0$; el campo vectorial $f(x) = -x^3$ es estructuralmente inestable; y $\mu = 0$ es un valor de bifurcación. Los retratos de fase se muestran en la figura

(3.10). Para $\mu < 0$ tenemos $W^s(0) = (-\infty, \infty)$; sin embargo, para $\mu = 0$ tenemos $W^s(0) = \emptyset$ y $W^c(0) = (-\infty, \infty)$. El diagrama de bifurcación se muestra en la figura (3.11).

Este tipo de bifurcación se denomina acertadamente bifurcación en **Horquilla**.



Figura 3.10: Retratos de fase de la ecuación diferencial $\dot{x} = \mu x - x^3$

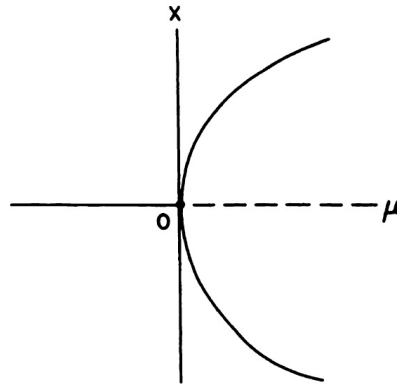


Figura 3.11: El diagrama de bifurcación para la bifurcación Horquilla $\dot{x} = \mu x - x^3$

Si bien las bifurcaciones de nodo de silla, transcriticals y de horquilla en los Ejemplos (3.3.1)-(3.3.3) ilustran los tipos más importantes de bifurcaciones que ocurren en sistemas unidimensionales, ciertamente hay muchos otros tipos de bifurcaciones que son posibles en sistemas unidimensionales; por ejemplo, los problemas (3.3.1) y (3.3.2). Si $Df(0, 0) = \dots = D^m f(0, 0) = 0$ y $D^{m+1} f(0, 0) \neq 0$, entonces el sistema unidimensional (3.16) se dice que tiene un punto crítico de multiplicidad m en $x = 0$. En este caso, como máximo se puede hacer que m puntos críticos se bifurquen desde el origen y hay una bifurcación que hace que exactamente m puntos críticos se bifurquen desde el origen. En el valor de bifurcación $\mu = 0$, el origen es un punto crítico de multiplicidad dos en los Ejemplos (3.3.1) y 3.3.2; es un punto crítico de multiplicidad tres en el Ejemplo (3.3.3); y es un punto crítico de multiplicidad cuatro.

Si $f(x_0, \mu_0) = Df(x_0, \mu_0) = 0$, entonces x_0 es un punto crítico no hiperbólico del sistema (3.16) con $\mu = \mu_0$ y μ_0 es un valor de bifurcación del sistema (3.16). En

este caso, el tipo de bifurcación que se produce en el punto crítico $x = x_0$ con el valor de bifurcación $\mu = \mu_0$ en el sistema unidimensional (3.16) está determinado por cuál de las derivadas

$$\frac{\partial^m f(x_0, \mu_0)}{\partial x^j \partial \mu^k}$$

de orden superior con $m \geq 2$ desaparece. Esto también es cierto en cierto sentido para sistemas de dimensiones superiores (3.15) y tenemos el siguiente teorema demostrado por Sotomayor (3.3.4) en 1976. Se supone que la función $f(x, \mu)$ es suficientemente diferenciable para que todas las derivadas que aparecen en ese teorema sean continuas en $\mathbb{R}^n \times \mathbb{R}$. Usamos Df para denotar la matriz de derivadas parciales de los componentes de f con respecto a las componentes de x y f_μ , para denotar el vector de derivadas parciales de las componentes de f con respecto al escalar μ .

Teorema 3.3.4 (Sotomayor). *Supongamos que $f(x_0, \mu_0) = 0$ y que entonces la matriz, de $n \times n$, $A \equiv Df(x_0, \mu_0)$ tiene un valor propio simple $\lambda = 0$ con vector propio v y que A^T tiene un vector propio w correspondiente al valor propio $\lambda = 0$. Además, supongamos que A tiene k valores propios con parte real negativa y $(n - k - 1)$ valores propios con parte real positiva y que se satisfacen las siguientes condiciones*

$$W^T f_\mu(x_0, \mu_0) \neq 0, \quad W^T [D^2 f(x_0, \mu_0)(v, v)] \neq 0 \quad (3.17)$$

Entonces existe una curva suave de puntos de equilibrio de (3.15) en $\mathbb{R}^n \times \mathbb{R}$ que pasa por (x_0, μ_0) y es tangente al hiperplano $\mathbb{R}^n \times \mu_0$. Dependiendo de los signos de las expresiones en (3.16), no hay puntos de equilibrio de (3.15) cerca de x_0 cuando $\mu < \mu_0$ (o cuando $\mu > \mu_0$) y hay dos puntos de equilibrio de 3.15 cerca de x_0 cuando $\mu > \mu_0$ (o cuando $\mu < \mu_0$). Los dos puntos de equilibrio de (3.15) cerca de x_0 son hiperbólicos y tienen variedades estables de dimensiones k y $k + 1$ respectivamente; es decir, el sistema (3.15) experimenta una bifurcación de nodo silla en el punto de equilibrio x_0 cuando el parámetro μ pasa por el valor de bifurcación $\mu = \mu_0$. El conjunto de campos C^∞ -vectoriales que satisfacen la condición anterior es un subconjunto abierto y denso en el espacio de Banach de todos los campos vectoriales C^∞ , de un parámetro, con un punto de equilibrio en x_0 que tiene un valor propio cero simple.

El diagrama de bifurcación para la bifurcación del nodo silla en el Teorema (3.3.4) viene dado por el que se muestra en la Figura (3.7) con el eje x en la dirección del vector propio v . (En realidad, es posible que el diagrama de la Figura (3.7) deba rotarse alrededor del eje x o ejes μ o ambos para obtener el diagrama de

bifurcación correcto para el Teorema (3.3.4)) Si las condiciones (3.17) se cambian a

$$\begin{aligned} W^T f_\mu(x_0, \mu_0) &= 0 \\ W^T [Df_\mu(x_0, \mu_0)v] &\neq 0 \end{aligned}$$

$$W^T [D^2 f(x_0, \mu_0)(v, v)] \neq 0 \quad (3.18)$$

entonces el sistema (3.17) experimenta una bifurcación transcítica en el punto de equilibrio x_0 a medida que el parámetro p varía a través del valor de bifurcación $\mu = \mu_0$ y el diagrama de bifurcación viene dado por la Figura (3.9) con el eje x en la dirección del vector propio v .

Y si las condiciones (3.17) se cambian a

$$\begin{aligned} W^T f_\mu(x_0, \mu_0) &= 0 \\ W^T [Df_\mu(x_0, \mu_0)v] &\neq 0 \\ W^T [D^2 f(x_0, \mu_0)(v, v)] &\neq 0 \end{aligned}$$

$$W^T [D^3 f(x_0, \mu_0)(v, v, v)] \neq 0 \quad (3.19)$$

entonces el sistema (3.17) experimenta una bifurcación en forma de horquilla en el punto de equilibrio x_0 a medida que el parámetro μ varía a través del valor de bifurcación $\mu = \mu_0$ y el diagrama de bifurcación se muestra en la Figura (3.11) con el eje x en la dirección del vector propio v . El teorema de Sotomayor también establece que en la clase de C^∞ , un parámetro, campos vectoriales con un punto de equilibrio que tiene un valor propio cero, las bifurcaciones del nodo silla son genéricas en el sentido de que cualquier campo vectorial puede ser perturbado a una bifurcación del nodo silla. Las bifurcaciones transcíticas y de horquilla no son genéricas en este sentido y se requieren condiciones adicionales en la familia de campos vectoriales de un parámetro $f(x, \mu)$ antes de que (3.15) pueda experimentar este tipo de bifurcaciones. A continuación presentamos algunos ejemplos de bifurcaciones de nodos de silla, transcíticas y de horquilla en puntos críticos no hiperbólicos de sistemas planos que, una vez más, ilustran que el comportamiento cualitativo cerca de un punto crítico no hiperbólico está determinado por el comportamiento del sistema en la variedad central.

Ejemplo 3.3.5. Considere el sistema plano

$$\dot{x} = \mu - x^2$$

$$\dot{y} = -y$$

En la notación del Teorema 3.3.4, tenemos

$$A = Df(0,0) = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix}$$

$$f_\mu(0,0) = \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$V = W = (1,0)^T$, $W^T f_\mu(0,0) = 1$ y $W^T [D^2 f(0,0)(v,v)] = -2$. Hay una bifurcación del nodo de silla en el punto crítico no hiperbólico $(0,0)$ en el valor de bifurcación $\mu = 0$. Para $\mu < 0$ no hay puntos críticos. Para $\mu = 0$ hay un punto crítico en el origen, es un nodo silla. Para $\mu > 0$ hay dos puntos críticos en $(\pm\sqrt{\mu}, 0)$; $(\sqrt{\mu}, 0)$ es un nodo estable y $(-\sqrt{\mu}, 0)$ es una silla de montar. Los retratos de fase para este sistema se muestran en la figura (3.12) y el diagrama de bifurcación es el mismo que el de la figura (3.7). Tenga en cuenta que el eje x está en la dirección v y que es una variedad central analítica del punto crítico no hiperbólico 0 para $\mu = 0$.

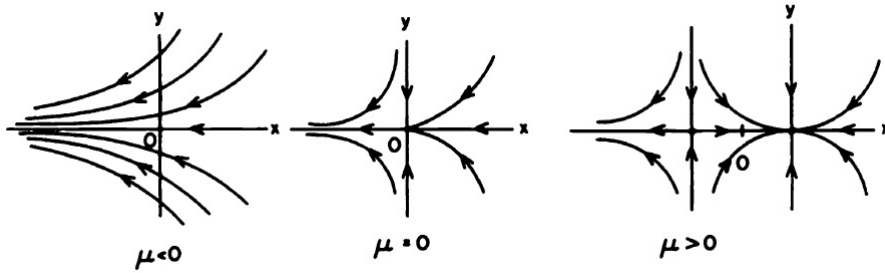


Figura 3.12: Los retratos de fase del sistema

Ejemplo 3.3.6. Considere el sistema plano

$$\dot{x} = \mu x - x^2$$

$$\dot{y} = -y$$

que satisface las condiciones (3.18). Hay una bifurcación transcritical en el origen en el valor de bifurcación $\mu = 0$. Hay puntos críticos en el origen y en $(\mu, 0)$. Los retratos de fase de este sistema se muestran en la figura (3.13). El diagrama de bifurcación para este ejemplo es el mismo que el de la figura (3.9).

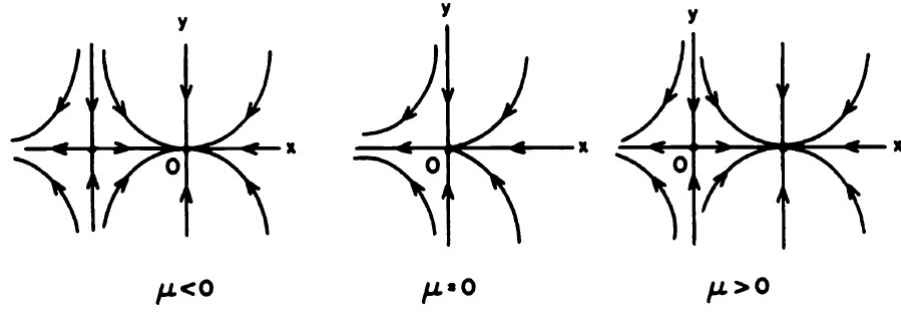


Figura 3.13: Los retratos de fase del sistema

Ejemplo 3.3.7. Considere el sistema plano

$$\dot{x} = \mu x - x^3$$

$$\dot{y} = -y$$

satisface las condiciones (3.18) y hay una bifurcación en forma de horquilla en $x_0 = 0$ y $\mu_0 = 0$. Para $\mu \geq 0$ el único punto crítico está en el origen y para $\mu > 0$ hay puntos críticos en el origen y en $(\pm\sqrt{\mu}, 0)$. Para $\mu = 0$, el punto crítico no hiperbólico en el origen es un nodo. Los retratos de fase para este sistema se muestran en la figura (3.14) y el diagrama de bifurcación para este ejemplo es el mismo que el se muestra en la figura (3.11).

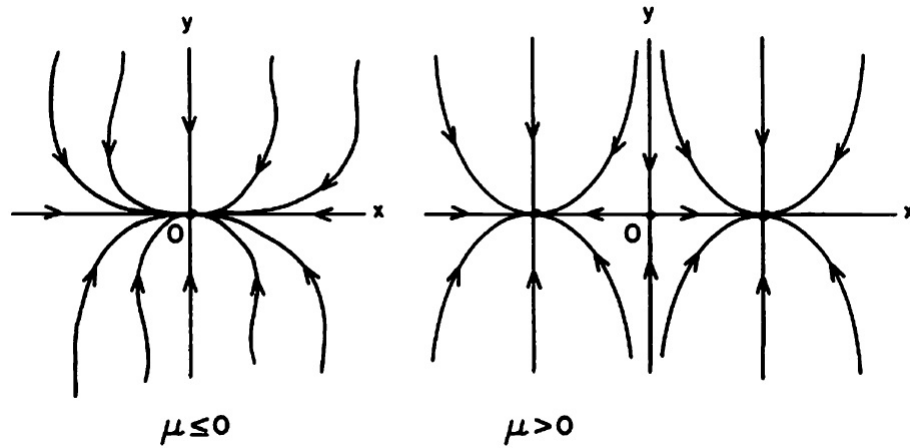


Figura 3.14: Los retratos de fase del sistema

Al igual que en el caso de los sistemas unidimensionales, podemos tener puntos de equilibrio de multiplicidad m para sistemas de dimensiones superiores. Un punto

de equilibrio es de multiplicidad m si cualquier perturbación produce como máximo m puntos de equilibrio cercanos y si hay una perturbación que produce exactamente m puntos de equilibrio cercanos. El origen en los Ejemplos (3.3.5) y (3.3.6) es un punto crítico de multiplicidad dos; es de multiplicidad tres en el Ejemplo (3.3.7).

Capítulo 4

Modelado matemático y análisis de la dinámica de infección por microparasitos

4.1. Introducción

Los microparásitos pueden considerarse como aquellos parásitos que tienen una reproducción directa —usualmente a tasas muy altas— dentro del huésped [2, 4]. Tienden a caracterizarse por su pequeño tamaño y un tiempo generacional corto. Los huéspedes que se recuperan de la infección usualmente adquieren inmunidad contra la reinfección por algún tiempo, y en muchos casos, de por vida. Aunque hay excepciones importantes, la duración de la infección es típicamente corta en comparación con la esperanza de vida del huésped. Esta característica, combinada con la inmunidad adquirida, significa que para los individuos, las infecciones microparasitarias son típicamente de naturaleza transitoria. La mayoría de los parásitos virales y bacterianos, y (de una manera más equívoca) muchos protozoos y parásitos fúngicos, caen ampliamente en la categoría de microparásitos. Para tales agentes infecciosos, tiene sentido dividir la población huésped en relativamente pocas clases de individuos: Susceptibles, Infectados y Recuperados [6, 8].

Una definición operativa de un microparásito es, de hecho, un organismo cuya biología poblacional puede describirse, en una primera aproximación, mediante dicho modelo Compartimental. Se puede lograr mayor detalle y realismo agregando más compartimientos o categorías al modelo (por ejemplo, una clase de individuos latentes, pero aún no infecciosos).

La característica esencial de estos modelos compartimentales, sin embargo, se presta poca o ninguna atención al grado de severidad de la infección (es decir, a la abundancia del parásito dentro del huésped); los individuos simplemente "tienen

sarampión” o no lo tienen.

Este capítulo comienza con proceso básico de configuración de un modelo epidémico utilizando ecuaciones diferenciales definidas en [8]. Mostramos modelos básicos basados en Compartimentos (SIR-SIS) comenzamos con el modelo básico de Kermack–McKendrick y lo expandimos progresivamente hasta un modelo con demografía, para analizar los enfoques matemáticos estándar y conceptos matemáticos importantes, como la estabilidad, la bifurcación y el número reproductivo básico, todos explicados en el contexto de modelos epidémicos.

4.2. Un Modelo SIR

4.2.1. Modelo de Kermack-McKendrick

Para poder construir el modelo de Kermack-McKendrick, para un sistema de ecuaciones $S'(t), I'(t), R'(t)$ se realizó las siguientes hipótesis sobre el proceso de transmisión de una enfermedad infecciosa y su población hospedadora:

- 1 La transmisión ocurre de forma horizontal a través del contacto directo entre los hospedadores.
- 2 La mezcla de los hospedadores individuales es homogénea, por lo que se cumple la Ley de Acción de Masas: el número de contactos entre hospedadores de diferentes compartimentos depende únicamente del número de hospedadores en cada compartimento. En particular, la tasa de incidencia (el número de nuevas infecciones por unidad de tiempo) puede expresarse como $\lambda I(t)S(t)$, donde λ se denomina el coeficiente de transmisión.
- 3 La tasa de transferencia desde un compartimento es proporcional al tamaño de la población en dicho compartimento. Por ejemplo, la tasa de transferencia de I a R , la tasa de recuperación, puede expresarse como $\gamma I(t)$, donde γ es una constante de tasa.
- 4 Los individuos infectados se vuelven infecciosos inmediatamente después de la infección, sin periodo de latencia.
- 5 No hay pérdida de inmunidad ni posibilidad de reinfección. Esto implica que la tasa de transferencia de R de regreso a S es cero.
- 6 No hay incorporación de nuevos susceptibles ni eliminación de individuos de ningún compartimento. El ingreso de nuevos susceptibles es cero, al igual que las tasas de eliminación en todos los compartimentos.

- 7 La población total de hospedadores permanece constante. Este es un resultado directo de la suposición anterior, pero lo expresamos aquí explícitamente para resaltar este hecho. La dinámica de los modelos epidémicos puede ser más compleja si la población total varía con el tiempo.

Aunque pueden parecer muy restrictivas, estas suposiciones son bastante plausibles para una enfermedad que se propaga dentro de la población estudiantil en un campus, donde la interacción ocurre principalmente en clases, cafeterías, bibliotecas y otros lugares públicos. Con base en estas suposiciones, el diagrama de transferencia de un modelo conceptual mostrado en la figura siguiente



Figura 4.1: Diagrama de transferencia

Obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda IS \quad (4.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \lambda IS - \gamma I \quad (4.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (4.3)$$

con condiciones inidiciales

$$S(0) = S_0 > 0, I(0) = I_0 > 0, R_0 = 0$$

En el modelo, las funciones $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ son variables. Dado que representan el número de personas, se espera que tomen valores no negativos. Las constantes λ y γ son parámetros del modelo, y se supone que son no negativas, ya que representan constantes de tasa.

Si se conocen los valores de los parámetros del modelo λ y γ , entonces, para cada conjunto de condiciones iniciales S_0 y I_0 , el modelo tiene una solución única $(S(t), I(t), R(t))$ que produce una predicción para el curso temporal de la epidemia para $t > 0$. Aquí, $t = 0$ marca el comienzo de la epidemia.

Incluso cuando no se conocen los valores de los parámetros, se pueden hacer algunas observaciones simples sobre las soluciones del sistema (4.1) - (4.3) que son válidas para todos o para un gran conjunto de posibles valores de parámetros.

- 1 Sea $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ la población total de hospedadores. Entonces, al sumar las ecuaciones (4.1) -(4.3), obtenemos

$$\frac{dN}{dt} = 0$$

por lo que la población total $N(t) = N_0 = S_0 + I_0$ permanece constante.

- 2 De la ecuación (4.1) obtenemos

$$\frac{dS}{dt} \leq 0$$

Por lo tanto, $S(t)$ siempre está disminuyendo. En particular $S(t) \leq S_0$

- 3 Reescribimos la ecuación (4.2) como:

$$\frac{dI}{dt} = (\lambda S - \gamma)I$$

Luego, tenemos los siguientes dos casos:

- 1 Si $S_0 < \frac{\gamma}{\lambda}$ entonces $\frac{dI}{dt}|_{t=0} < 0$. Ya que $S(t) \leq S_0 < \frac{\gamma}{\lambda}$, sabemos que $I'(t) < 0$ para todo $0 \leq t$ y por lo tanto, $I(t)$ disminuye estrictamente. Como resultado, no puede ocurrir una epidemia en este caso.
- 2 Si $S_0 > \frac{\gamma}{\lambda}$ entonces $S(t) > \frac{\gamma}{\lambda}$ para $t \in [0, \bar{t})$ para algún $\bar{t} > 0$. Esto implica que $I'(t) > 0$ y, por lo tanto, $I(t)$ aumenta estrictamente para $t \in [0, \bar{t})$. Como resultado, ocurre una epidemia.

Esto demuestra el bien conocido **Fenómeno de Umbral**: existe un valor umbral $\frac{\gamma}{\lambda}$, que S_0 debe superar para que ocurra una epidemia. Este valor umbral se denomina a menudo el tamaño crítico de la comunidad para una epidemia.

Vemos que es posible derivar propiedades de las soluciones sin conocer valores específicos de los parámetros del modelo. Nuestro análisis puede identificar regiones de parámetros asociadas con diferentes resultados del modelo. Este es el poder y, a menudo, el objetivo del análisis matemático.

4.3. SIS: Un modelo para enfermedades sin inmunidad

Consideremos una enfermedad infecciosa que no confiere inmunidad. Ignorando la demografía y la latencia, tenemos el diagrama de transferencia en la Figura (4.2)

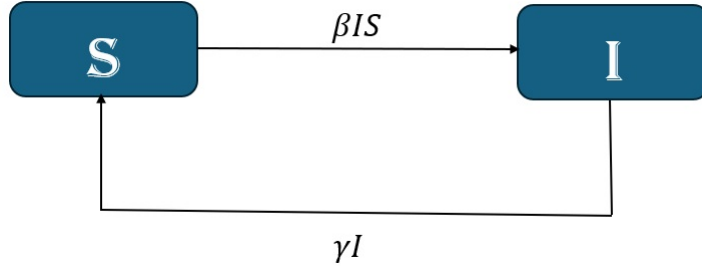


Figura 4.2: Diagrama de transferencia para un modelo SIS

Los individuos infectados regresan al compartimento susceptible tras la recuperación, y la historia natural de la infección se puede ilustrar como $S \rightarrow I \rightarrow S$. Este tipo de modelo se llama modelo SIS. Las ecuaciones del modelo son:

$$\begin{cases} S' = -\beta SI + \gamma I \\ I' = \beta SI - \gamma I \end{cases} \quad (4.4)$$

Las condiciones iniciales son $S(0) = S_0$ y $I(0) = I_0$. Como hemos visto en secciones anteriores, $N = S + I = N_0 = S_0 + I_0$. En este modelo, habrá dos posibles resultados para un brote inicial: o bien el brote termina o la enfermedad se vuelve endémica. Para ver esto, reemplazamos $S = N_0 - I$ en la segunda ecuación y obtenemos:

$$I' = \beta I(N_0 - I) - \gamma I = (\beta N_0 - \gamma - \beta I)I$$

o

$$I' = (\beta N_0 - \gamma)I \left(1 - \frac{I}{N_0 - \frac{\gamma}{\beta}}\right) \quad (4.5)$$

Llamamos

$$f(I) = (\beta N_0 - \gamma)I \left(1 - \frac{I}{N_0 - \frac{\gamma}{\beta}}\right) \quad (4.6)$$

Entonces podemos llamar a la ecuación diferencial inicial como

$$I' = f(I) \quad (4.7)$$

Las propiedades de las soluciones de la ecuación (4.7) pueden ser determinadas en gran medida a partir del gráfico de $f(I)$, que se muestra en la Figura (4.3), utilizando un procedimiento llamado análisis de línea de fase.

Aplicando dicho análisis a la ecuación (4.5) con $f(I)$ dado en (4.6), vemos que (4.5) tiene dos equilibrios: $I_1^* = 0$ y $I_2^* = N_0 - \frac{\gamma}{\beta} = N_0 - \rho$.

Si I_2^* es positivo depende del signo de $N_0 - \frac{\gamma}{\beta}$.

- Si $N_0 < \frac{\gamma}{\beta}$ entonces la ecuación solo tiene un equilibrio $I^* = 0$ en el eje I no negativo y este equilibrio es asintóticamente estable.
- Si $N_0 > \frac{\gamma}{\beta}$, ambos equilibrios I_1^* y I_2^* existen en el eje I no negativo. El equilibrio $I_1^* = 0$ es inestable y I_2^* es asintóticamente estable

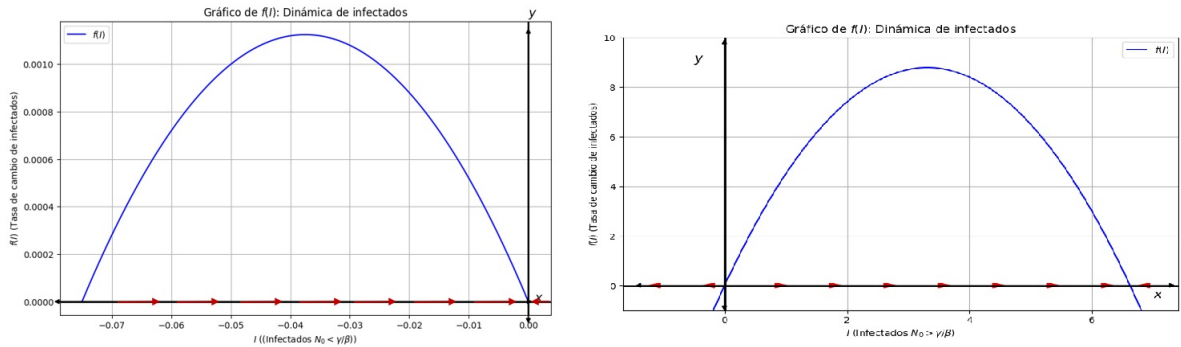


Figura 4.3: Demostración gráfica del análisis de línea de fase

Resumimos estos resultados en la siguiente proposición.

Proposición 4.3.1.

1. Si $\frac{\beta N_0}{\gamma} < 1$ entonces para cualquier $0 < I_0 < N_0$, $I(t) \rightarrow 0$ monotamente cuando $t \rightarrow \infty$
2. Si $\frac{\beta N_0}{\gamma} > 1$ entonces para cualquier $0 < I_0 < N_0$, $I(t) \rightarrow N_0 - \frac{\gamma}{\beta}$ monotamente cuando $t \rightarrow \infty$

4.3.1. Número Reproductivo Básico

El número de reproducción básico R_0 , también llamado número reproductivo básico o tasa reproductiva básica, es el parámetro más importante en la modelización de epidemias. Mide el número promedio de infecciones secundarias causadas por un solo individuo infeccioso en una población completamente susceptible durante el período infeccioso medio.

Para este sistema se define de la forma $R_0 = \frac{\beta N_0}{\gamma}$.

La Proposición anterior puede reinterpretarse de la siguiente manera para las soluciones $(S(t), I(t))$ del modelo (4.4):

- 1 Si $R_0 < 1$ entonces $(S(t), I(t)) \rightarrow (N_0, 0)$ cuando $t \rightarrow \infty$

2 Si $R_0 > 1$ entonces $(S(t), I(t)) \rightarrow (\frac{\gamma}{\beta}, N_0 - \frac{\gamma}{\beta})$ cuando $t \rightarrow \infty$

Los equilibrios $P_0 = (N_0, 0)$ y $P^* = (\frac{\gamma}{\beta}, N_0 - \frac{\gamma}{\beta})$ del modelo (4.4) se denominan equilibrio libre de enfermedad y equilibrio endémico, respectivamente.

Sea la región factible para el modelo

$$\Gamma = \{(S, I) \in \mathbb{R}_+^2 | S + I = N_0\}$$

Resumiendo las discusiones anteriores, llegamos al siguiente teorema de umbral.

Teorema 4.3.2.

- 1 Para cada $N_0 > 0$ existen dos posibles puntos de equilibrios en la region factible Γ : el equilibrio libre de enfermedad $P_0 = (N_0, 0)$ y el equilibrio endémico $P^* = (\frac{\gamma}{\beta}, N_0 - \frac{\gamma}{\beta})$
- 2 Si $R_0 < 1$ entonces todas las soluciones en Γ convergen a P_0
- 3 Si $R_0 > 1$ entonces todas las soluciones con $I_0 > 0$ converge a P^*

Interpretaciones Biologicas

- 1 El número básico de reproducción R_0 actúa como un parámetro umbral que determina el resultado de un brote inicial.
- 2 Para el mismo valor de R_0 , los resultados son cualitativamente iguales para todas las condiciones iniciales.
- 3 Cuando $R_0 < 1$, la enfermedad desaparece. A partir de la monotonía de $S(t)$ y $I(t)$, sabemos que no se desarrollará una epidemia.
- 4 Dado que $(\frac{\gamma}{\beta}, N_0 - \frac{\gamma}{\beta})$ es un equilibrio, $S(t)$ permanece solo en un lado de $\frac{\gamma}{\beta}$, y por lo tanto, $I'(t) = I(t)(\beta S(t) - \gamma)$ no cambia de signo. Como consecuencia, $I(t)$ es monótono. Véase la Figura (4.4). Esto indica que un modelo SIS no es capaz de captar el patrón de ascenso y descenso típico de un brote de enfermedad.

En las discusiones anteriores, notamos que cuando el valor de R_0 aumenta de $R_0 < 1$ a $R_0 > 1$, los comportamientos de las soluciones del sistema (4.4) en la región factible experimentan cambios cualitativos tanto en el número de equilibrios como en su estabilidad. Decimos que el sistema (4.4) experimenta una bifurcación, y $R_0 = 1$ es el valor de bifurcación.

Un mecanismo geométrico simple para esta bifurcación se puede observar al analizar los cambios en la parábola definida en 4.6 al variar N_0 desde $N_0 < \frac{\rho}{\beta}$ ($R_0 < 1$) hasta $N_0 > \frac{\rho}{\beta}$ ($R_0 > 1$), y cómo el equilibrio $I_2^* = N_0 - \frac{\rho}{\beta}$ aparece a la izquierda

del origen cuando $N_0 < \frac{\rho}{\beta}$ ($R_0 < 1$) se fusiona con $I_1^* = 0$ cuando $N_0 = \frac{\rho}{\beta}$ ($R_0 = 1$), y luego surge a la derecha del origen cuando $N_0 > \frac{\rho}{\beta}$ ($R_0 > 1$).

El gráfico de $f(I)$ también explica los cambios en la estabilidad que acompañan las variaciones en el número de equilibrios.

En la siguiente sección, continuamos con la discusión de la bifurcación y mostramos cómo representarla gráficamente en un diagrama de bifurcación.

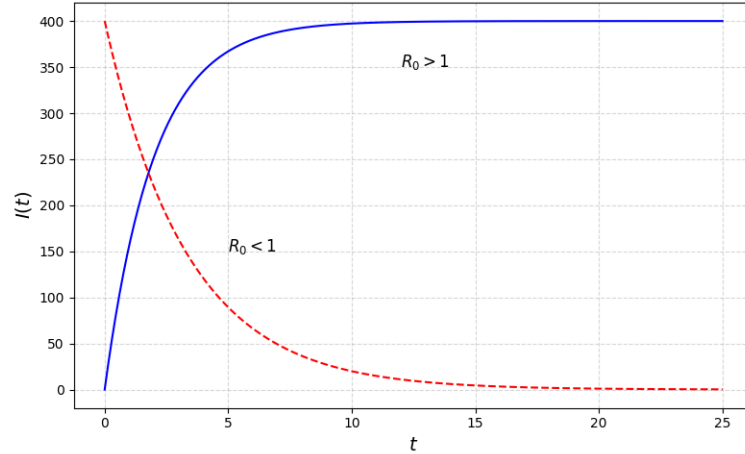


Figura 4.4: Grafica Infectados en función del tiempo

4.4. Modelo con Demografica de Kermack-McKendrick

Considere el siguiente modelo modificado de Kermack-McKendrick con demografía: Aquí, se asume que los procesos de natalidad y mortalidad tienen la misma constante de tasa b , y la enfermedad no es fatal. La población total se mantiene constante y ya está escalada a 1. Las ecuaciones diferenciales del modelo son:

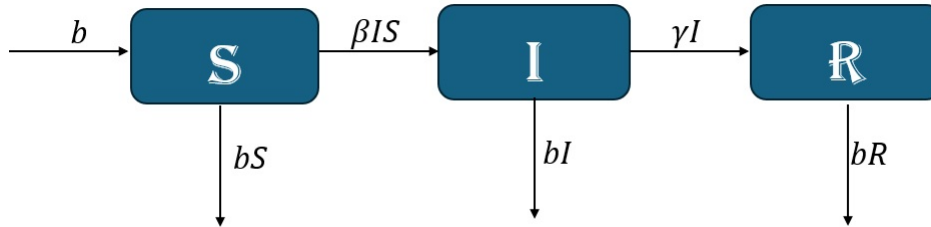


Figura 4.5: Diagrama de transferencia para un modelo con demografía

$$\begin{cases} S' = b - \beta IS - bS \\ I' = \beta IS - \gamma I - bI \\ R' = \gamma I - bR \end{cases} \quad (4.8)$$

La región factible para el modelo anterior es :

$$G = \{(S, I, R) \in \mathbb{R}_+^3 / S + I + R = 1\}$$

Nos gustaría saber si el teorema del umbral en la sección anterior sigue siendo válido para este modelo con el número básico de reproducción $R_0 = \frac{\beta}{\gamma+b}$ (del modelo (4.4)). Debido a la ley de conservación $S + I + R = 1$, podremos reducir el número de ecuaciones en 1. El sistema (4.8) es, de hecho, un sistema bidimensional. Para simplificar nuestro análisis, podemos ignorar la ecuación de R , ya que las dos primeras ecuaciones en (4.8) no contienen a R . Una vez que se conocen los comportamientos de $(S(t), I(t))$, los de $R(t)$ se pueden obtener fácilmente a partir de $R = 1 - S - I$. Por esta razón, podemos considerar el siguiente sistema equivalente:

$$\begin{cases} S' = b - \beta IS - bS \\ I' = \beta IS - \gamma I - bI \end{cases} \quad (4.9)$$

en una región factible bidimensional

$$\Gamma = \{(S, I) \in \mathbb{R}_+^2 / 0 \leq S + I \leq 1\}$$

4.4.1. Equilibrios libre de enfermedad y endémicos.

Basándonos en nuestra experiencia en el comienzo de esta Sección , los resultados a largo plazo de la enfermedad se manifiestan en forma de equilibrios o soluciones que no cambian con el tiempo. Para encontrar los equilibrios de (4.9), establecemos $S' = I' = 0$ y obtenemos un sistema de ecuaciones algebraicas.

$$\begin{cases} b - \beta IS - bS = 0 \\ \beta IS - \gamma I - bI = 0 \end{cases} \quad (4.10)$$

Resolviendo estas ecuaciones, obtenemos dos posibles equilibrios: $P_0 = (1, 0)$ el equilibrio libre de enfermedad, y $P^* = (S^*, I^*)$, el equilibrio endémico, donde:

$$S^* = \frac{b + \gamma}{\beta}$$

$$I^* = \frac{b[\beta - (b + \gamma)]}{\beta(b + \gamma)}$$

Notar que P^* cae fuera de la region Γ si $R_0 = \frac{\beta}{b+\gamma} < 1$ y coincide con P_0 cuando $R_0 = 1$.

4.4.2. Análisis de estabilidad local de los equilibrios

La estabilidad local de P_0 y P^* determina los resultados de la enfermedad cuando las condiciones iniciales están cerca de las del equilibrio. Un método estándar para investigar la estabilidad local es mediante el método de linealización.

1 Estabilidad de P_0 . La matriz Jacobiana de en P_0 es

$$B = \begin{bmatrix} -b & -\beta \\ 0 & \beta - (b + \gamma) \end{bmatrix}$$

Debido a la triangularidad superior de la matriz, sus valores propios son los mismos que los elementos diagonales, $\lambda_1 = -b$, $\lambda_2 = \beta - (b + \gamma)$. Por lo tanto, P_0 es localmente estable de manera asintótica si $\lambda_2 < 0$, o si $R_0 < 1$, y P_0 es un asiento de inestabilidad (inestable) si $R_0 > 1$. Cuando $R_0 = 1$, $\lambda_2 = 0$. En este caso, P_0 ya no es un equilibrio hiperbólico, y el método de linealización no es aplicable. La estabilidad de P_0 cuando $R_0 = 1$ se tratará usando el método de funciones de Lyapunov.

2 La estabilidad para P^* , el jacobiano de P^* seria

$$J(P^*) = \begin{bmatrix} -\beta I^* - b & -\beta S^* \\ \beta I^* & 0 \end{bmatrix}$$

Verificar que una matriz $n \times n$ tiene n valores propios con partes reales negativas puede ser una tarea desafiante cuando n es grande, especialmente si los elementos de A contienen parámetros no numéricos. Se puede utilizar un algoritmo de Routh-Hurwitz para derivar un conjunto de condiciones necesarias y suficientes, comúnmente llamadas condiciones de Routh-Hurwitz.

Teorema 4.4.1. (*Criterio de estabilidad de Routh-Hurwitz para matrices 2×2 y 3×3*)

1. Para una matriz 2×2 A , todos sus valores propios tienen partes reales negativas si y solo si

$$\text{tr}(A) < 0 \quad y \quad \det(A) > 0.$$

2. Para una matriz 3×3 A , todos sus valores propios tienen partes reales negativas si y solo si

$$\text{tr}(A) < 0, \quad \det(A) < 0, \quad y \quad \text{tr}(A)a_2 - \det(A) < 0,$$

donde a_2 denota la suma de los menores principales 2×2 de A .

Estas condiciones son un caso particular del criterio de estabilidad de Routh-Hurwitz, que se puede aplicar a matrices $n \times n$. Para matrices de orden 2 y 3, las condiciones anteriores aseguran que todos los valores propios tienen partes reales negativas, lo que implica la estabilidad asintótica del sistema correspondiente.

Encontrar los valores propios de esta matriz es más complicado que el de $J(P_0)$. Utilizaremos las condiciones de Routh-Hurwitz para determinar la estabilidad. Un cálculo directo conduce a

$$\text{tr}(J(P^*)) = -\beta I^* - b = -\frac{b}{S^*} < 0 \quad (4.11)$$

$$\text{tr}(J(P^*)) = \beta I^* S^* > 0, \text{ si } R_0 > 1 \quad (4.12)$$

A partir de lo desarrollado, podemos enunciar el siguiente teorema sobre la estabilidad local de los equilibrios:

Teorema 4.4.2.

1. Si $R_0 < 1$, entonces el equilibrio libre de enfermedad $P_0 = (1, 0)$ es localmente asintóticamente estable en Γ .
2. Si $R_0 > 1$, entonces el equilibrio libre de enfermedad P_0 se vuelve inestable y el equilibrio endémico P^* es asintóticamente estable.

4.4.3. Diagrama de Bifurcación

Vemos en las Secciones anteriores que el número de equilibrios en Γ , junto con su estabilidad local, está determinado por los valores de R_0 . El modelo (4.9) experimenta una Bifurcación en $R_0 = 1$. Se puede representar gráficamente en un diagrama de bifurcación, como se muestra en la Figura (4.6). Podemos ver que el eje horizontal corresponde a los valores del parámetro de bifurcación R_0 , con el valor de bifurcación $R_0 = 1$ marcado, y el eje vertical corresponde a los valores de I^* en un equilibrio. Un equilibrio estable se representa con una línea continua y uno inestable con una línea discontinua.

Hacemos las siguientes observaciones sobre el diagrama de bifurcación:

- 1 Para $0 < R_0 < 1$, solo hay un equilibrio, P_0 , y es asintóticamente estable. Marcamos P_0 con una línea continua
- 2 $R_0 = 1$ es un valor de bifurcación; a medida que R_0 aumenta por encima de 1, P_0 continúa existiendo y un nuevo equilibrio P^* entra en existencia en la región factible Γ . Además, P_0 pierde su estabilidad cuando $R_0 > 1$ y P^* gana estabilidad al entrar en existencia. Marcamos P_0 con una línea discontinua y P^* con una curva continua

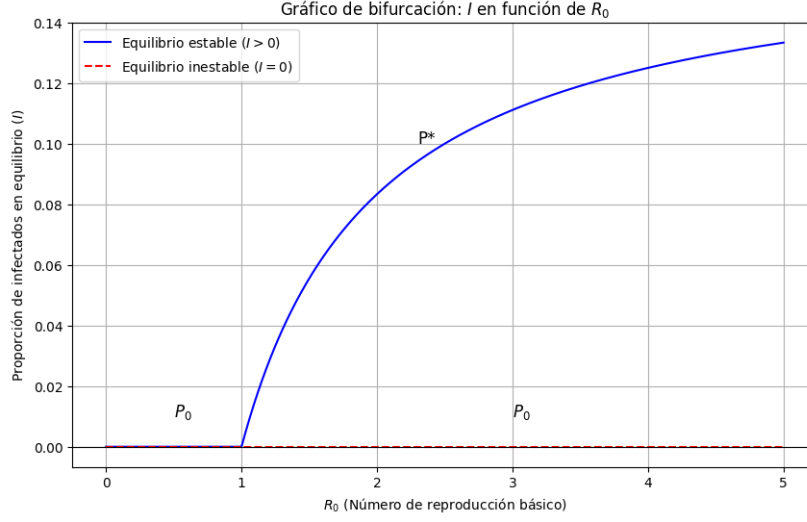


Figura 4.6: Diagrama de bifurcación para un modelo con demografía

El tipo de bifurcación mostrado en la Figura (4.6) se llama bifurcación transcítica, una bifurcación muy común que ocurre en muchos modelos epidémicos

Vemos además que el Teorema de Sotomayor es aplicable modificandolo para este caso.

La idea es capturar cómo los puntos de equilibrio del sistema dependen del parámetro μ (en este caso relacionado con R_0) y cómo el sistema experimenta una bifurcación cuando el parámetro cambia.

Teorema 4.4.3. (*Sotomayor-Modificado*)

Consideremos un sistema de ecuaciones diferenciales de la forma:

$$x' = f(x, \mu),$$

donde $f(x, \mu)$ es una función suave, $x \in \mathbb{R}^n$, y μ es un parámetro. Supongamos que existe un punto de equilibrio x_0 tal que:

$$f(x_0, \mu_0) = 0,$$

y que el Jacobiano $D_x f(x_0, \mu_0)$ en el punto (x_0, μ_0) tiene un valor propio simple $\lambda = 0$, con el correspondiente vector propio v .

1. *Condición de no degeneración (transversidad): La derivada parcial de $f(x, \mu)$ con respecto al parámetro μ en el punto x_0 no debe ser cero, es decir:*

$$W^T f_\mu(x_0, \mu_0) \neq 0,$$

donde W es el vector propio correspondiente a $D_x f(x_0, \mu_0)$ asociado al valor propio cero.

2. Condición de la segunda derivada (transversidad en segundo orden): La segunda derivada de f respecto a μ evaluada en el punto de equilibrio x_0 , cuando se aplica al vector v , no debe ser cero. Es decir:

$$W^T[D^2 f(x_0, \mu_0)(v, v)] \neq 0,$$

donde $D^2 f(x_0, \mu_0)(v, v)$ denota la segunda derivada de f evaluada en el punto de equilibrio x_0 .

Si se cumplen estas condiciones, entonces el sistema experimenta una **Bifurcación Transcrítica**. Esto significa que el número y la estabilidad de los puntos de equilibrio cambiarán a medida que el parámetro μ varíe.

- 1 Para $\mu < \mu_0$, el sistema tendrá un único punto de equilibrio estable.
- 2 Para $\mu > \mu_0$, el sistema tendrá dos puntos de equilibrio: uno estable y otro inestable.

El sistema se describe en términos de cómo el parámetro μ (en este caso R_0) afecta a la estabilidad y la cantidad de puntos de equilibrio en el sistema.

La Bifurcación Transcrítica implica que el sistema de ecuaciones experimenta un "intercambio de estabilidad" entre los puntos de equilibrio a medida que $\mu(R_0)$ atraviesa el valor crítico μ_0 .

Este teorema en Modificado captura el comportamiento general del sistema cuando un parámetro $\mu(R_0)$ cambia de valor, mostrando cómo el número de puntos de equilibrio y su estabilidad pueden cambiar, lo que corresponde a una bifurcación transcrítica.

Capítulo 5

Modelado matemático y análisis de la dinámica de infección por macroparásitos

5.1. Introducción

Los macroparásitos se caracterizan por no reproducirse directamente dentro del huésped definitivo [2, 3]. Esta categoría abarca, principalmente, a la mayoría de los helmintos y artrópodos parásitos. A diferencia de los microparásitos, los macroparásitos suelen presentar un tamaño mayor y tiempos de generación significativamente más largos, siendo este último una fracción considerable de la vida útil del huésped.

Cuando se induce una respuesta inmune frente a estos parásitos, esta suele depender tanto de la carga parasitaria actual como de infecciones previas [1, 5]. Sin embargo, dicha respuesta tiende a ser de corta duración una vez que los parásitos son eliminados del huésped, por ejemplo, mediante tratamiento con quimioterapia. Como consecuencia, las infecciones causadas por macroparásitos suelen ser persistentes, con huéspedes que se reinfectan de manera continua.

En el estudio de la dinámica de los macroparásitos, es fundamental considerar diversos factores que influyen en la interacción parásito-hospedador, tales como la producción de huevos por parásito hembra, los efectos patogénicos en el huésped, la inducción de una respuesta inmune, y las tasas de mortalidad de los parásitos. Dichos factores pueden depender de la carga parasitaria en cada huésped. Matemáticamente, esto implica que los modelos compartimentales convencionales, como el modelo SIR, resultan insuficientes para describir la dinámica de los macroparásitos. En su lugar, es necesario emplear modelos más complejos que consideren explícitamente la distribución de parásitos entre los huéspedes.

Operativamente, nuestra definición de un macroparásito es aquel cuya biología poblacional requiere una descripción completa de la distribución de parásitos entre los huéspedes. Los macroparásitos rara vez, si es que alguna vez, se distribuyen de manera aleatoria e independiente entre sus huéspedes; en cambio, muestran una distribución agregada o "agrupada", en la que, a menudo, una minoría de la población de huéspedes alberga la mayoría de la población de parásitos. Desde el punto de vista de la salud pública, es significativo que para muchos macroparásitos se pueda distinguir entre infección (alojar uno o más parásitos) y enfermedad (alojar una carga parasitaria lo suficientemente grande como para producir síntomas patogénicos, o incluso la muerte del huésped). Para una infección microparasitaria clásica, como la viruela, es razonable asumir que un huésped tiene o no "viruela"; en cambio, para una infección macroparasitaria, como anquilostomiasis, ascariasis o esquistosomiasis (Helmintos), existe una distinción real entre estar infectado con uno o dos gusanos y albergar una carga lo suficientemente grande como para causar enfermedad.

Anderson y May introdujeron descripciones mucho más generales de la dinámica poblacional de Helmintos, basadas en la edad del huésped, la distribución del número de parásitos por huésped, la dependencia de densidad en la producción de huevos y las funciones de apareamiento sexual que dependen de la distribución de los parásitos y de sus hábitos reproductivos [3]. Para este capítulo queremos describir la dinámica de transmisión de las infecciones por macroparásitos. Mostraremos que tomando algunas consideraciones probabilísticas podemos deducir algunos modelos deterministas clásicos.

Comenzaremos construyendo la estructura del modelo a partir de la descripción de la dinámica de transmisión. Todo esto para un modelo determinista de una comunidad homogénea de hospedadores. Tomando siempre en cuenta las características reproductivas del parásito, producción de huevos y probabilidad de apareamiento. La distribución del parásito por huésped se supondrá Binomial Negativa [9]. Concluiremos con los estudios de equilibrios endémicos, pasando luego a la deducción del número reproductivo básico. Luego mostraremos que nuestro modelo experimenta una bifurcación de nodo silla. Por último realizaremos un análisis de sensibilidad para los parámetros que constituyen el número reproductivo básico.

5.2. Formulación del modelo

La dinámica de transmisión se da con una población de parásitos maduros dentro del huésped humano y una población de etapas infecciosas (huevos y /o larvas) que se encuentran en el medio ambiente (reservorio). Los huéspedes pueden infectarse por contacto con esas etapas infecciosas y estos pueden contaminar el medio ambiente liberando los huevos de los parásitos. Lo que se muestra en la siguiente figura

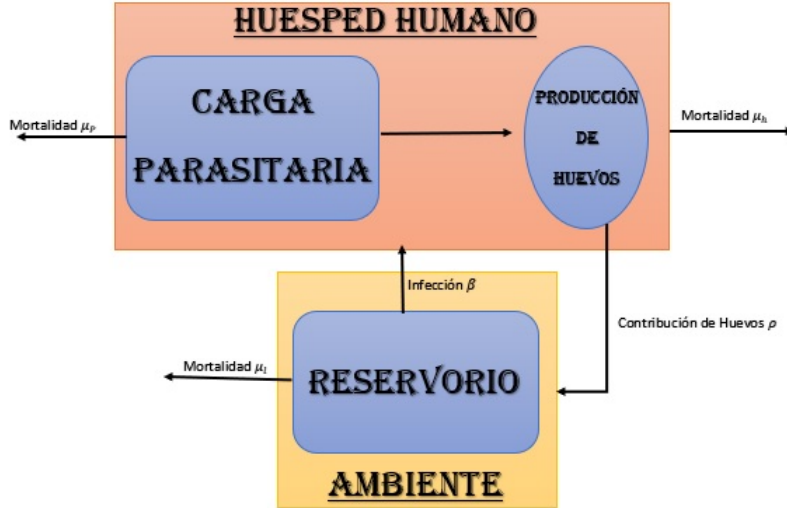


Figura 5.1: Diagrama de la dinámica de transmisión

Como dijimos, comenzamos con una carga media, m , de parásitos en el hospedador y la población de etapas infecciosas, l , en el entorno (reservorio) formada por huevos y larvas. Estas serán nuestras variables dinámicas.

El reservorio de parásitos, compuesto por huevos y larvas, aumenta debido a la contribución de los parásitos adultos dentro de los anfitriones. Estos suelen contener pocos parásitos, pero solo los que contengan al menos una hembra y un macho contribuirán con huevos fecundados al reservorio. Ahora, el número de parásitos en un huésped humano se representará con una variable aleatoria W con distribución binomial negativa [9]. Diremos que la probabilidad de observar n parásitos en un anfitrión será:

$$P(W = n) = \frac{\Gamma(k + n)}{\Gamma(n + 1)\Gamma(k)} p^n (1 - p)^k \quad (5.1)$$

donde

- Γ es la función gamma
- p la probabilidad del hiesped de adquirir un parásito y $1-p$ la de no adquirir, con $p = \frac{m}{m+k}$, con m carga media de parásitos y k un parámetro

La varianza se puede expresar en terminos de esos parámetros como

$$\sigma^2 = m + \frac{m^2}{k}$$

La producción media de huevos va depender del número de parásitos en el anfitrión y es un proceso que depende de la densidad. Entonces un modelo propuesto para la fecundidad media de una hembra parásita en competencia con $n - 1$ parásitos es:

$$\lambda(n) = \lambda_0 z^{n-1} \quad (5.2)$$

con

- λ_0 es la tasa de producción de huevos por hembra independientemente de la densidad del parásito en el hiesped.
- $z = e^{-\gamma}$, con γ un parámetro que cuatifica la intensidad de la competencia.

Si llamamos con α la fracción de parásitos hembra en un anfitrión y usando la contribución media efectiva por parásito hembra, ψ , de [?] (Lopez y Aparcio 2024) al reservorio del parásito de la forma

$$\psi(m, k, z) = \left[1 + (1 - z) \frac{m}{k} \right]^{-(k+1)} \quad (5.3)$$

La producción media de huevo por hiesped será

$$\lambda_0 \alpha m \psi(m, k, z)$$

Como ya dijimos solo los anfitriones con al menos un parásito hembra y un macho van a contribuir con huevos fecundados al reservorio. Por lo que si definimos a $\phi(m, k, z)$ como la probabilidad de Apareamiento, entonces la producción media de huevos fecundados por hiesped será

$$\lambda_0 \alpha m \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) \quad (5.4)$$

y

$$\phi(m, k, z) = 1 - \left[\frac{1 + (1 - \alpha z) \frac{m}{k}}{1 + (1 - z) \frac{m}{k}} \right]^{-(k+1)} \quad (5.5)$$

Si definimos a ρ como la Tasa de contribución total de huevos al reservorio por unidad de tiempo y N el tamaño de una población de hoesped humano, nos quedará

$$\rho\lambda_0\alpha m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z)N$$

que sera la Contribución media de huevos fertilizados por unidad de tiempo de una población.

Habíamos definido como l a la población de huevos y/o larvas en el medio ambiente , esta medida se verá disminuida por la mortalidad de su población, a una tasa μ_l . Por lo tanto podemos definir a la Dinámica del Reservorio como:

$$\frac{dl}{dt} = \rho\lambda_0\alpha m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z)N - \mu_l l \quad (5.6)$$

Podríamos agregar la baja de la población por la infección al hoesped β_l pero como es un valor relativamente bajo respecto a la población l lo consideramos despreciable.

Entoces nos quedaria encontrar la dinámica de la carga parasitaria m . Si definimos como βNl a la tasa que se toma de los parásitos en el ambiente , entonces la carga parasitaria Media aumenta a una tasa : $\beta Nl/N = \beta l$. Luego los parásitos que estan en el anfitrión van a disminuir por la mortalidad con tasa μ_p pero también por la misma mortalidad del hoesped humano a una tasa μ_h . Por lo tanto la dinámica de la carga parasitaria se definirá:

$$\frac{dm}{dt} = \beta l - (\mu_h + \mu_p)m \quad (5.7)$$

Antes de concluir, podemos renombramos la variable como el reservorio relativo a un huésped, pasando de l/N a solamente l , puesto que el contacto con el ambiente es a una pequeña parte de la población del reservorio. Por lo tanto reescribimos (5.6) como

$$\frac{dl}{dt} = \rho\lambda_0\alpha m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - \mu_l l \quad (5.8)$$

Finalmente un modelo básico de la dinámica de transmisión de una infección por macroparásitos en una población de hoesped humanos homogénea viene dada por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales

$$\begin{cases} \frac{dl}{dt} = & \rho\lambda_0\alpha m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - \mu_l l \\ \frac{dm}{dt} = & \beta l - (\mu_h + \mu_p)m \end{cases} \quad (5.9)$$

5.3. Equilibrios y el número reproductivo básico

Continuamos con nuestro trabajo con los cálculos de los puntos de equilibrio y luego el número reproductivo básico. Primero para los puntos de equilibrio, del sistema (5.9) planteamos

$$\begin{aligned}\frac{dl}{dt} = 0 &\implies \rho\lambda_0\alpha m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - \mu_l l = 0 \\ \frac{dm}{dt} = 0 &\implies \beta l - (\mu_h + \mu_p)m = 0\end{aligned}$$

De la primera ecuación despejando l nos quedará

$$l^* = \frac{\lambda_0\alpha}{\mu_l}\rho m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) \quad (5.10)$$

entonces sustituimos esta expresión en la segunda ecuación

$$\frac{dm}{dt} = \beta \frac{\lambda_0\alpha}{\mu_l}\rho m\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - (\mu_h + \mu_p)m$$

sacando m y $\mu_h + \mu_p$ factor común nos quedará

$$\frac{dm}{dt} = (\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - 1 \right] m \quad (5.11)$$

como esta expresión esta igualada a cero podemos obtener la siguiente condición para el equilibrio

$$m^* = 0 \vee \frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}\psi(m^*, k, z)\phi(m^*, k, z) - 1 = 0$$

Para poder acomodar y tener una mejor expresión para los equilibrios vamos a deducir el número reproductivo básico.

Lo definiremos como R_0 el número promedio de crías femeninas producidas por cada gusano adulto hembra, que sobreviven hasta alcanzar la madurez reproductiva en ausencia de restricciones de densidad que limiten el crecimiento de la población del parásito, recordando que ϕ y ψ eran probabilidad de apareamiento y producción de huevos fecundados respectivamente, vamos a suponer que valdrán 1. Ya que para $\psi = 1$ es una simplificación que puede ser razonable en escenarios donde la carga parasitaria es baja o donde no se considera regulación densodependiente en la fecundidad y por otro lado $\phi = 1$ es el suceso seguro de apareamiento.

Luego teniendo en cuenta:

- 1 Un parásito hembra promedio va liberaria $\lambda_0\rho$ por unidad de tiempo al medio ambiente
- 2 Si la mortalidad de los parásitos eran μ_h y μ_p entonces la vida media de un parásito es $\frac{1}{\mu_h+\mu_p}$
- 3 Entonces la contribución de huevos en promedio será $\frac{\lambda_0\rho}{\mu_h+\mu_p}$
- 4 Además los parásito hembra, en los anfitriones, aumenta a una tasa $\alpha\beta$ durante un tiempo promedio $\frac{1}{\mu_l}$, donde μ_l era la tasa de mortalidad de huevos y/o larvas en el reservorio.

Por lo tanto por estas concideraciones podemos definir el número reproductivo básico como:

$$R_0 = \frac{\lambda_0\rho\alpha\beta}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \quad (5.12)$$

Podemos observar que en la ecuación (5.11) y en la condición siguiente a ella, esta presente la expresión del R_0 . Entonces reemplazando para tener una ecuación mas comoda tendremos

$$\begin{aligned} \frac{dm}{dt} &= (\mu_h + \mu_p) [R_0\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - 1] \quad m = 0 \\ m^* &= 0 \vee R_0\psi(m^*, k, z)\phi(m^*, k, z) - 1 = 0 \end{aligned}$$

Luego desarrollando la segunda ecuación se obtienen:

$$\psi(m^*, k, z)\phi(m^*, k, z) = \frac{1}{R_0} \quad (5.13)$$

Esta ecuación presenta dos soluciones de equilibrio para la carga parásitaria.

El siguiente grafico nos mostrara que a partir de un cierto valor R_0 , que lo llamaremos mas adelante R_0^b , tendremos los dos puntos de equilibrio.

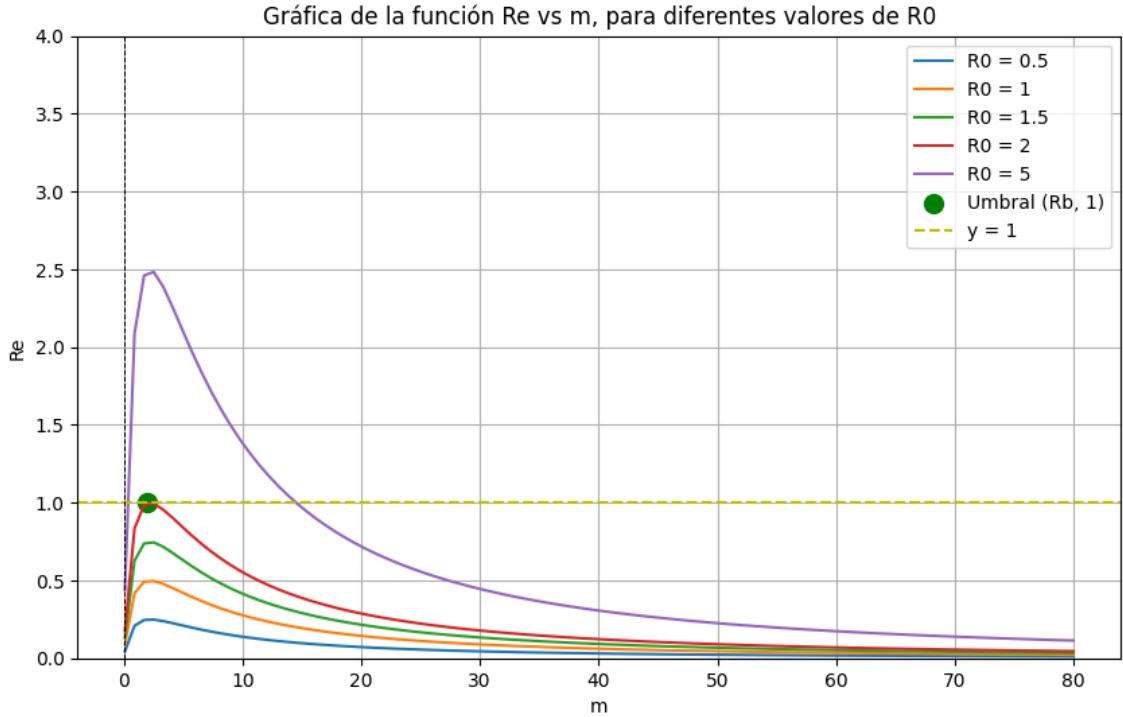


Figura 5.2: Gráfico de Umbral, para $\alpha = 0.57, k = 0.7$ y $z = 0.93$

Por lo tanto como vemos tenemos una condición, para $R_0 > R_0^b$, y tres puntos de equilibrio para el sistema dinámico, analizados de la siguiente manera:

- **Equilibrio Libre de Enfermedad**, que será para la solución trivial $m^* = 0$. Es un equilibrio atractor para los valores de R_0
- **Equilibrio Endémico**, corresponde a una solución de (5.13). Este equilibrio será un atractor para un rango de valores de $R_0 > R_0^b$.
- **Equilibrio Inestable**, es la segunda solución de (5.13) y es un equilibrio del tipo repulsor. Será una barrera donde los valores de m , por encima, serán atraídos al equilibrio endémico y los que estén por debajo serán atraídos al equilibrio libre de enfermedades.

Para poder visualizar el análisis de equilibrio del sistema dinámico podemos realizar el gráfico tomando el caso para $R_0 = 3$

Entonces bajo los esenarios detallados anteriormente podemos dar el siguiente Teorema.

Teorema 5.3.1.

- (I) Si $R_0 < R_0^b$, el sistema modelo (5.11) tiene un **equilibrio libre de enfermedad** $m^* = 0$.
- (II) Si $R_0 > R_0^b$, el sistema modelo (5.11) tiene tres posibles equilibrios: $m^* = 0$, el **equilibrio endémico** m_1^* , y el equilibrio adicional m_2^* (**punto de quiebre de transmisión**).
- (III) Si $R_0 = R_0^b$, el sistema modelo (5.11) tiene dos posibles equilibrios: m^* y el equilibrio de bifurcación m^b .

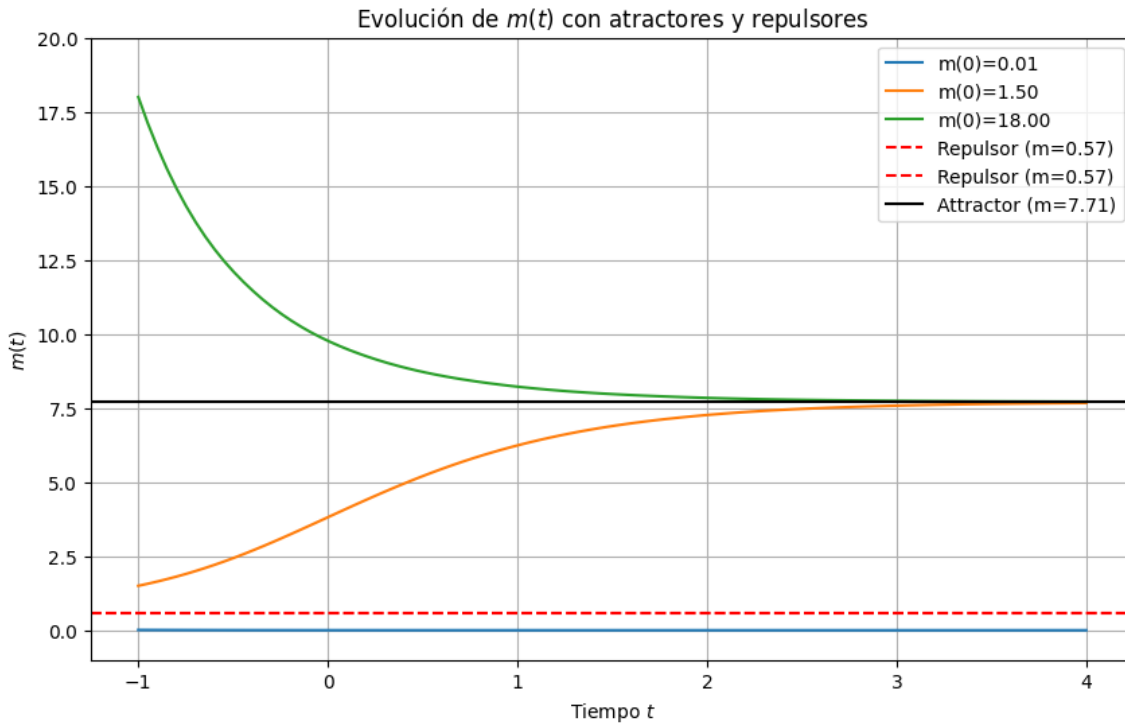


Figura 5.3: Gráfico de Equilibrios, para $R_0 = 3$

Al final de esta sección se agregara algunas simulaciones para cada equilibrio.

5.4. Análisis de Estabilidad Local

Pasamos a realizar el análisis de estabilidad local, tenemos la ecuación

$$\frac{dm}{dt} = (\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) - 1 \right] m$$

Para este análisis necesitamos encontrar los puntos de equilibrio, es decir, los valores de m^* tales que:

$$(\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(m^*, k, z) \phi(m^*, k, z) - 1 \right] m^* = 0.$$

Esto nos da dos equilibrios candidatos:

1. Equilibrio libre de enfermedad: $m^* = 0$.
2. Y los otros equilibrios para : $m^* > 0$ se obtienen resolviendo la ecuación:

$$\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(m^*, k, z) \phi(m^*, k, z) = 1$$

Donde nos saldrán dos soluciones, es decir Dos Equilibrios mas: m_1^* y m_2^* .

Para estudiar la estabilidad, linealizamos alrededor de estos equilibrios. Consideremos la ecuación en la forma estándar:

$$\frac{dm}{dt} = f(m).$$

Para analizar la estabilidad local de un punto de equilibrio m^* , tomamos la derivada de $f(m)$:

$$f(m) = (\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) - 1 \right] m.$$

Derivando respecto a m :

$$f'(m) = (\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \frac{d}{dm} \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) \cdot m + \frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) - 1 \right].$$

Evaluación en los puntos de equilibrio Para cada equilibrio m^* :

1. En $m^* = 0$:

$$f'(0) = (\mu_h + \mu_p) \left[\frac{\beta\lambda_0\alpha\rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \psi(0, k, z) \phi(0, k, z) - 1 \right].$$

- Si $f'(0) < 0$, $m^* = 0$ es estable.
- Si $f'(0) > 0$, $m^* = 0$ es inestable.

2. En $m_{1,2}^* > 0$:

Evaluamos $f'(m_{1,2}^*)$ con la derivada explícita. En este caso:

$$f'(m_{1,2}^*) = (\mu_h + \mu_p) \left[\left(\frac{\beta \lambda_0 \alpha \rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} \right) \frac{d}{dm} \psi(m_{1,2}^*, k, z) \phi(m_{1,2}^*, k, z) \cdot m_{1,2}^* \right].$$

- Si $f'(m_{1,2}^*) < 0$, el equilibrio endémico $m_{1,2}^*$ es estable.
- Si $f'(m_{1,2}^*) > 0$, el equilibrio endémico es inestable para $m_{1,2}^*$.

Si el análisis lo hacemos en términos de R_0

Sabemos que el número reproductivo básico:

$$R_0 = \frac{\beta \lambda_0 \alpha \rho}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}.$$

Y solamente lo reemplazamos y hacemos el mismo análisis, por el cual podemos formalizar el siguiente teorema:

Teorema 5.4.1. (*Teorema de estabilidad*)

1. Si $R_0 < R_0^b$, el equilibrio libre de enfermedad $m_0 = 0$ es localmente asintóticamente estable.
2. Si $R_0 > R_0^b$, tendremos para m_1^* y m_2^* equilibrios estables e inestables.

5.5. Dinámica y Análisis de Bifurcación

El reservorio cambia tan rápidamente en comparación con la dinámica entre el parásito y el huésped que podemos considerar que l siempre está en equilibrio. Esto simplifica el análisis, ya que no es necesario modelar explícitamente las dinámicas rápidas del reservorio. En lugar de trabajar con un sistema bidimensional, donde se incluyen tanto las variables del reservorio como las del parásito-huésped, podemos reducir el problema a un sistema unidimensional que describe solo las dinámicas del parásito-huésped, suponiendo que el reservorio se ajusta instantáneamente a cualquier cambio. Por lo que el sistema (5.9) se reduce a

$$\frac{dm}{dt} = (\mu_h + \mu_p) [R_0 \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) - 1] m \quad (5.14)$$

que vamos a escribir como:

$$\frac{dm}{dt} = f(m, R_0)$$

Este sistema sufre una bifurcación de nodo silla. Para obtener una bifurcación obtenida en la Sección 3.3: Si $f(x_0, \mu_0) = Df(x_0, \mu_0) = 0$ entonces x_0 es un punto crítico no hiperbólico y μ_0 es un valor de Bifurcación del sistema Unidimensional. Luego plantenado las condiciones en nuestro caso

$$\begin{cases} f(m^b, R_0^b) = 0 \\ \frac{\partial f}{\partial m}(m^b, R_0^b) = 0 \end{cases} \quad (5.15)$$

Donde la primera ecuación es la condición de equilibrio ya calculada pero ahora en base a (m^b, R_0^b) , seria: $\psi(m, k, z) \phi(m, k, z) = \frac{1}{R_0}$ y si aplicamos la segunda ecuación tendremos en m^b

$$\frac{\partial}{\partial m} \psi(m^b, k, z) \phi(m^b, k, z) = 0 \quad (5.16)$$

A traves de métodos numericos , resolviendo esta ecuación obtenemos el valor

$$m^b = \frac{k * \left(\frac{1-\alpha*z}{1-z}\right)^{1/(k+2)} - k}{(z-1) * \left(\frac{1-\alpha*z}{1-z}\right)^{1/(k+2)} + (1-\alpha*z)} \quad (5.17)$$

Donde su número reproductivo básico será

$$R_0^b = (\psi(m^b, k, z) \phi(m^b, k, z))^{-1} \quad (5.18)$$

Algunos resultados obtenidos se reflejan en los siguientes gráficos

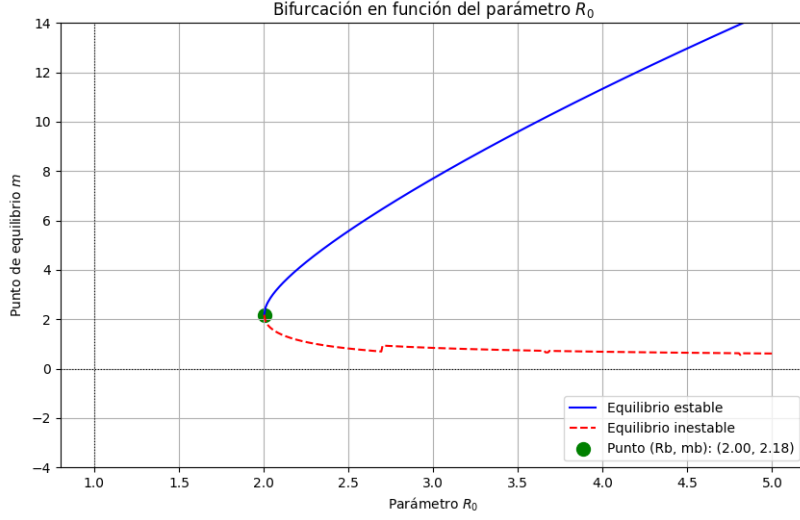


Figura 5.4: Gráfico de Bifurcación Nudo Silla, para $\alpha = 0.57, k = 0.7$ y $z = 0.93$

En la teoría de bifurcaciones las ecuaciones se las suele encontrar en su forma normal entonces en nuestro caso

$$\frac{dm}{dt} = f(m, R_0) = (\mu_h + \mu_p) [R_0 \psi(m, k, z) \phi(m, k, z) - 1] m \quad (5.19)$$

la trataremos de llevar a una expresión mas comoda.

La condición suficiente de bifurcación de Nudo silla (Sotomayor) nos dice que, si el punto (m^b, R_0^b) lo entonces se cumple

$$\begin{cases} \frac{\partial f}{\partial R_0}(m^b, R_0^b) \neq 0 \\ \frac{\partial^2 f}{\partial m^2}(m^b, R_0^b) \neq 0 \end{cases} \quad (5.20)$$

Luego por desarrollo en serie de Taylor para función f en una vecindad de (m^b, R_0^b) la ecuación (5.19) esta dada por:

$$\begin{aligned} \frac{dm}{dt} = f(m^b, R_0^b) + (m - m^b) \frac{\partial f}{\partial m} \Big|_{(m^b, R_0^b)} + (R_0 - R_0^b) \frac{\partial f}{\partial R_0} \Big|_{(m^b, R_0^b)} + \\ + \frac{1}{2} (m - m^b)^2 \frac{\partial^2 f}{\partial m^2} \Big|_{(m^b, R_0^b)} + \frac{1}{2} (R_0 - R_0^b)^2 \frac{\partial^2 f}{\partial R_0^2} \Big|_{(m^b, R_0^b)} \dots \end{aligned}$$

Luego por las condiciones de bifurcación algunos terminos se eliminarán y lla-

mando

$$A = (\mu_h + \mu_p) \frac{m^b}{R_0^b}$$

$$B = (\mu_h + \mu_p) R_0^b m^b \frac{\partial^2 F}{\partial m^2}(m^b)$$

con $F(m) = \psi(m, k, z)\phi(m, k, z)$.

Lo que nos dejaría con la ecuación en la Forma Normal como:

$$\frac{dm}{dt} = A(R_0 - R_0^b) + B(m - m^b)^2 \quad (5.21)$$

Teorema 5.5.1. (*Sotomayor Modificado*)

Sea $f(m, R_0)$ una función de clase C^∞ , y considere el sistema unidimensional:

$$\frac{dm}{dt} = f(m, R_0),$$

donde $m \in \mathbb{R}$ y R_0 es un parámetro. Supongamos que existe un punto crítico (m_b, R_0^b) , es decir, que:

$$f(m_b, R_0^b) = 0.$$

Si se cumplen las siguientes condiciones:

- 1 $\frac{\partial f}{\partial m}(m_b, R_0^b) = 0$
- 2 $\frac{\partial^2 f}{\partial m^2}(m_b, R_0^b) \neq 0$
- 3 $\frac{\partial f}{\partial R_0}(m_b, R_0^b) \neq 0$.

Entonces, existe una curva suave de puntos de equilibrio del sistema en $\mathbb{R} \times \mathbb{R}$, que pasa por (m_b, R_0^b) . Además:

- Si $R_0 < R_0^b$, el sistema no tiene puntos de equilibrio cerca de m_b
- Si $R_0 > R_0^b$, el sistema tiene dos puntos de equilibrio hiperbólicos cerca de m_b , uno estable y otro inestable.

El sistema experimenta una **Bifurcación de Nodo-silla** en el punto (m_b, R_0^b) cuando el parámetro R_0 cruza el valor crítico R_0^b .

5.6. Análisis de sensibilidad

La transmisión de enfermedades macroparásitarias esta relacionada con el valor R_0 . Para indentificar los parámetros mas influyentes de nuestro modelo, se llevara a cabo un Análisis de Sensibilidad Local, tal sensibilidad se evalúa a traves de gradientes o derivadas parciales.

Una forma particular de analizar la sensibilidad local de una función modelo dada, en este caso $R_0(x)$, para cada uno de los parámetros que la conforman, x_i es a través de los índices de sensibilidad normalizado o Indice de Elasticidad:

$$\Gamma_{x_i}^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial x_i} * \frac{x_i}{R_0} \quad (5.22)$$

El signo de $\Gamma_{x_i}^{R_0}$ nos indicará si R_0 se correlaciona positiva o negativamente con el parámetro x_i y su magnitud nos dará la inimportancia relativa del párametro Entonces aplicando (5.22) para cada parámetro tendremos para nuestro

$$R_0 = \frac{\lambda_0 \rho \alpha \beta}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}$$

estos resultados:

$$\begin{aligned} \Gamma_{\lambda_0}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \lambda_0} * \frac{\lambda_0}{R_0} = \frac{\rho \alpha \beta}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} * \frac{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\rho \alpha \beta} = 1 \\ \Gamma_{\alpha}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \alpha} * \frac{\alpha}{R_0} = \frac{\rho \lambda_0 \beta}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} * \frac{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\rho \lambda_0 \beta} = 1 \\ \Gamma_{\rho}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \rho} * \frac{\rho}{R_0} = \frac{\lambda_0 \alpha \beta}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} * \frac{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\lambda_0 \alpha \beta} = 1 \\ \Gamma_{\beta}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \beta} * \frac{\beta}{R_0} = \frac{\rho \lambda_0 \alpha}{\mu_l(\mu_h + \mu_p)} * \frac{\mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\rho \lambda_0 \alpha} = 1 \\ \Gamma_{\mu_l}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \mu_l} * \frac{\mu_l}{R_0} = -\frac{\beta \rho \lambda_0 \alpha (\mu_h + \mu_p)}{\mu_l^2(\mu_h + \mu_p)^2} * \frac{\mu_l^2(\mu_h + \mu_p)}{\beta \rho \lambda_0 \alpha} = -1 \\ \Gamma_{\mu_h}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \mu_h} * \frac{\mu_h}{R_0} = -\frac{\beta \rho \lambda_0 \alpha \mu_l}{\mu_l^2(\mu_h + \mu_p)^2} * \frac{\mu_h \mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\beta \rho \lambda_0 \alpha} = \frac{-\mu_h}{\mu_h + \mu_p} \\ \Gamma_{\mu_p}^{R_0} &= \frac{\partial R_0}{\partial \mu_p} * \frac{\mu_p}{R_0} = -\frac{\beta \rho \lambda_0 \alpha \mu_l}{\mu_l^2(\mu_h + \mu_p)^2} * \frac{\mu_p \mu_l(\mu_h + \mu_p)}{\beta \rho \lambda_0 \alpha} = \frac{-\mu_p}{\mu_h + \mu_p} \end{aligned}$$

Si consideramos que la vida media de los anfitriones es mayor que la de los parásitos, es decir: $\frac{1}{\mu_h} \gg \frac{1}{\mu_p}$ entonces $\Gamma_{\mu_p}^{R_0} \approx -1$ y $\Gamma_{\mu_h}^{R_0} \approx 0$.

Por lo tanto para una mejor visualización mostramos el siguientes gráfico tomando como valores para los parámetros: $\mu_h = 1/70$ y $\mu_p = 1$

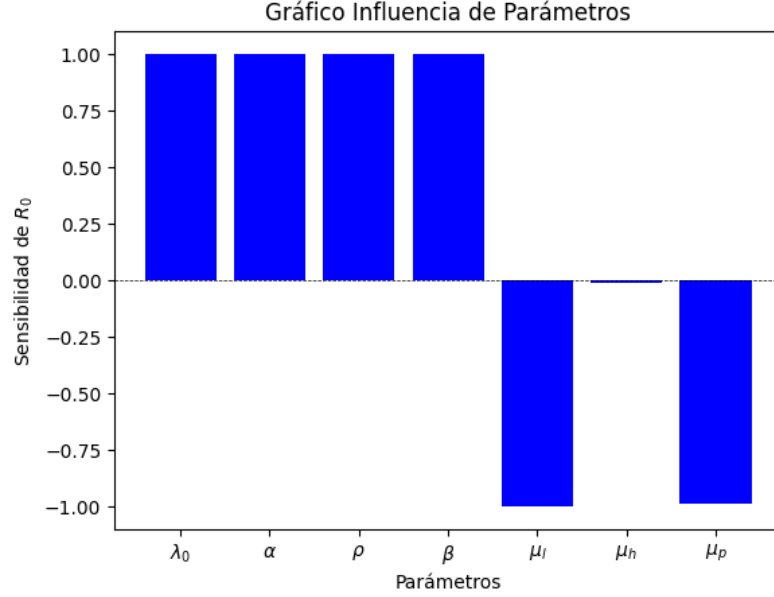


Figura 5.5: Gráfico de sensibilidad donde $\Gamma_{\mu_p}^{R_0} \approx -0.985$ y $\Gamma_{\mu_h}^{R_0} \approx -0.014$

Lo que podemos observar es que los parametros mas sencibles e influyentes para nuestro R_0 son $\beta, \rho, \lambda_0, \alpha, \mu_l$ y μ_p . Lo que siempre se trata es de alguna manera modificar algunos de estos parámetros pero algunos de ellos van a estar relacionados con el ciclo de la vida del parásito y sera difícil poder influir, como lo son λ_0, α, μ_l . Por lo tanto se busca reducir β, ρ y aumentar el μ_p para tener un control de de las enfermedades macroparásitarias.

5.7. Simulaciones

Como dijimos en anteriores secciones, íbamos a presentar unas simulaciones numéricas de la ecuación diferencial:

$$\frac{dm}{dt} = (\mu_h + \mu_p)[R_0\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - 1]m$$

Para estas simulaciones, se tomaron los valores $\alpha = 0.57$, $k = 0.7$, $z = 0.93$ y como en el análisis de sensibilidad $\mu_h = 1/70$ y $\mu_p = 1$, que determinan la dinámica del sistema.

Además para estos datos, el $R_0^b \approx 2$, entonces tomaremos para estas simulaciones un valor que cumpla con ser $R_0 > R_0^b$, $R_0 = 3$.

Para realizar el análisis y la representación visual de los datos usamos Python y se implementaron dos enfoques principales :

1. Cálculo de puntos de equilibrio: Se resolvió $\frac{dm}{dt} = 0$ utilizando el método de Newton a través de la función *fsolve* de *scipy.optimize* y se emplearon diferentes condiciones iniciales para encontrar posibles soluciones numéricas.
2. Simulación de la dinámica del sistema: Se utilizó *solve_ivp* de *scipy.integrate* para resolver numéricamente la ecuación diferencial y se probaron distintas condiciones iniciales m_0 para analizar el comportamiento de $m(t)$ en el tiempo.
3. Clasificación de la estabilidad de los equilibrios: Se estimó la estabilidad de los puntos de equilibrio evaluando numéricamente la derivada $\frac{d(dm/dt)}{dm}$. Los equilibrios donde esta derivada es negativa se clasificaron como atractores, mientras que aquellos con derivada positiva se identificaron como repulsores.

Este análisis permitió visualizar la evolución de la variable m y determinar la estabilidad de los equilibrios en función de los parámetros del modelo.

Las soluciones numéricas muestran dos tipos de comportamiento característicos:

1. Atractor en $m^* \approx 7.71$

En la primera simulación, se observa que para valores iniciales de $m(0)$ suficientemente alejados de valores críticos, la trayectoria del sistema converge al punto de equilibrio estable $m^* \approx 7.71$.

Desde el punto de vista matemático, este comportamiento se debe a la estructura de la ecuación diferencial:

- Para valores de m por encima de m^* , el término $[R_0\psi(m, k, z)\phi(m, k, z) - 1]$ se vuelve negativo, lo que induce una disminución de $m(t)$.

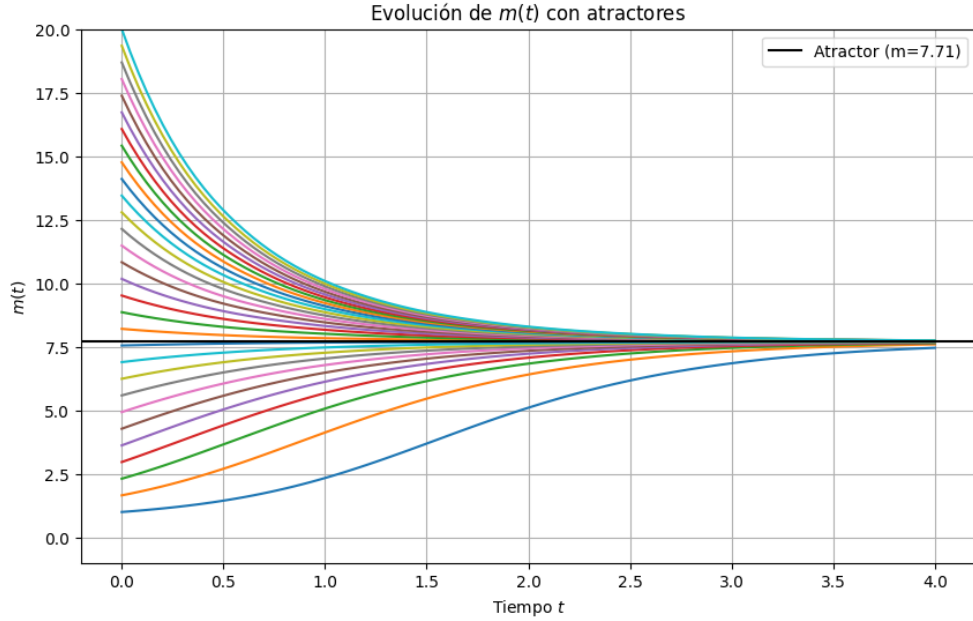


Figura 5.6: Soluciones para $R_0 > R_0^b$

- Para valores de m por debajo de m^* , el mismo término se vuelve positivo, impulsando $m(t)$ hacia valores mayores.

Este mecanismo de retroalimentación estabilizadora confirma que m^* actúa como un atractor global del sistema, ya que todas las trayectorias lo alcanzan a medida que $t \rightarrow \infty$. En términos biológicos o epidemiológicos, este estado estacionario representa una situación en la que la dinámica del sistema alcanza un equilibrio estable sin extinción ni crecimiento descontrolado.

2. Repulsor en $m^* \approx 0.57$

En esta simulación, se analiza la evolución de $m(t)$ en torno al punto de equilibrio inestable $m^* \approx 0.57$. A diferencia del caso anterior, este punto de equilibrio no atrae trayectorias, sino que las repele.

- Si $m(0)$ es ligeramente menor que 0.57, el término multiplicativo en la ecuación se vuelve negativo, lo que provoca que $m(t)$ decrezca rápidamente hacia valores cercanos a cero.
- Si $m(0)$ es ligeramente mayor que 0.57, el término es positivo, impulsando $m(t)$ hacia valores más altos hasta alcanzar el atractor en $m = 7.71$.

Desde una perspectiva de sistemas dinámicos, este repulsor representa un umbral crítico: si la condición inicial $m(0)$ cae por debajo de este valor, el

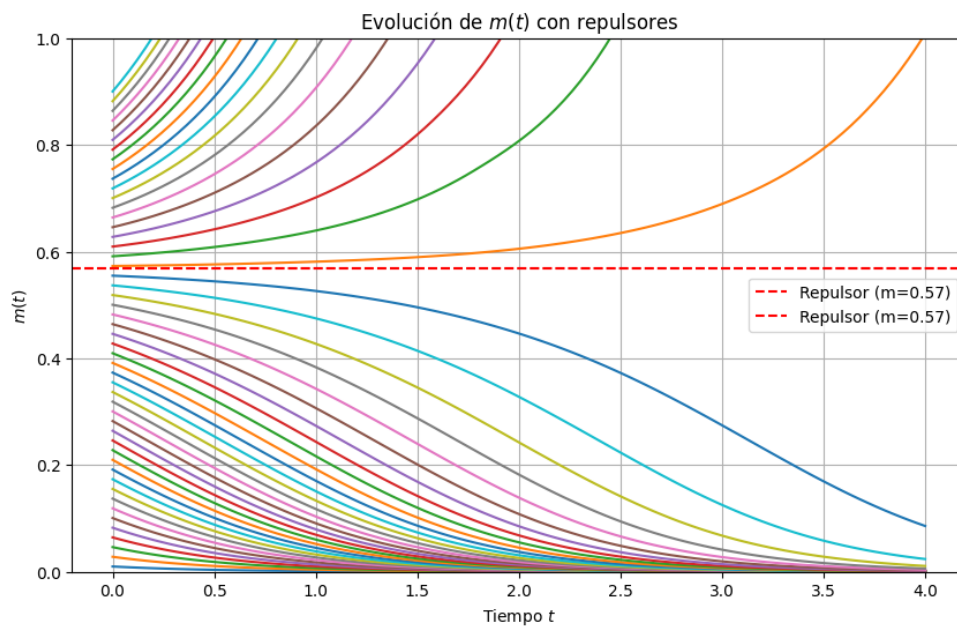


Figura 5.7: Soluciones para $R_0^b < R_0$

sistema se dirige hacia la extinción; si lo supera, evoluciona hacia el equilibrio estable.

3. Simulación conjunta: interacción entre atractores y repulsores

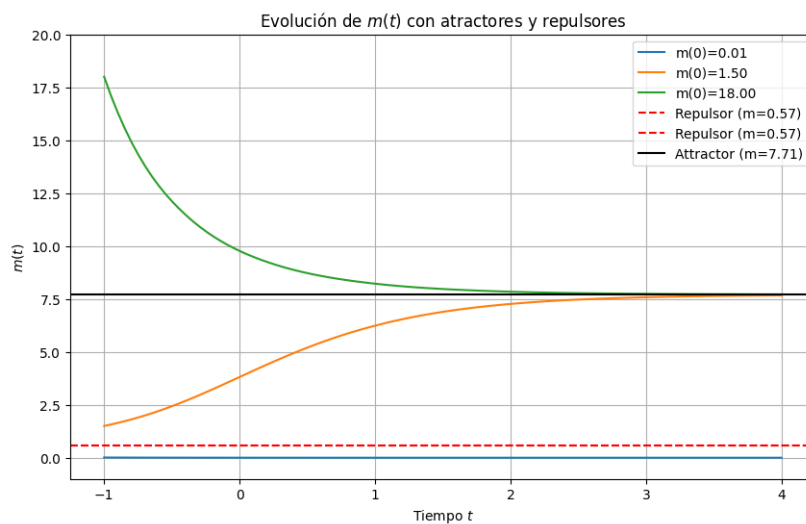


Figura 5.8: Gráfico de Equilibrios, para $R_0 = 3$

Se volvió a mostrar la Figura (5.8), que representa la evolución conjunta de ambos efectos, ilustrando la influencia de los puntos de equilibrio sobre distintas condiciones iniciales. Se observa cómo las trayectorias dependen críticamente de la posición inicial respecto al repulsor.

Estos resultados resaltan la importancia de los umbrales dinámicos en la evolución del sistema. Para valores iniciales por debajo de $m^* \approx 0.57$, el sistema colapsa, mientras que para valores superiores, el sistema persiste en el estado estable $m^* \approx 7.71$.

En términos aplicados, esta dinámica de umbral podría interpretarse en contextos ecológicos o epidemiológicos, donde ciertos valores iniciales de una población o carga parasitaria determinan si el sistema persiste o se extingue con el tiempo.

Discusión y conclusión general

Este trabajo ha abordado de manera detallada la dinámica de las infecciones causadas por microparásitos y macroparásitos, utilizando herramientas matemáticas y modelos compartimentales. A través de un enfoque expositivo y de análisis dinámico, hemos examinado cómo las interacciones entre los parásitos y sus huéspedes pueden modelarse de manera efectiva, destacando las principales diferencias en sus ciclos biológicos, patrones de infección y factores que influyen en su propagación.

Para los microparásitos, como virus y bacterias, se ha utilizado el modelo SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado), que describe cómo la infección se propaga rápidamente dentro de la población huésped, con un crecimiento exponencial de los parásitos en los individuos infectados. La dinámica de estos microparásitos dentro del huésped es crucial para determinar la carga de la infección y, en consecuencia, el nivel de infecciosidad del individuo. En este contexto, la transmisión de la enfermedad depende de la rapidez con la que los microparásitos se replican y se dispersan en el ambiente. Este comportamiento, característico de las infecciones por microparásitos, se estudió inicialmente con un modelo SIR básico, adecuado para describir estas dinámicas en escenarios simplificados.

En contraste, los macroparásitos presentan una dinámica mucho más compleja. A diferencia de los microparásitos, los macroparásitos, como helmintos y otros parásitos multicelulares, no se reproducen dentro del huésped. De hecho, los individuos infectados generalmente tienen pocos parásitos en su interior, lo que hace que la carga parasitaria no sea fácilmente medible mediante el número de individuos infectados. En lugar de depender de la carga directa dentro del huésped, es más relevante considerar la carga media de parásitos en la población y en el reservorio. Los macroparásitos suelen tener ciclos de vida más largos y complejos, lo que implica que su distribución y propagación dependen no solo de las características del huésped, sino también de los ambientes externos en los que los parásitos completan su ciclo de vida.

Para modelar las infecciones por macroparásitos, nos hemos basado en modelos estocásticos previos, que capturan la variabilidad inherente a la propagación de parásitos en un ambiente natural de los hospedadores. Este tipo de modelos es

crucial para comprender la incertidumbre asociada con la dispersión de los huevos y larvas de los parásitos, así como para estimar los parámetros que controlan la producción de huevos fecundados y su posterior distribución en los huéspedes.

En nuestro análisis, se tienen en cuenta factores como la tasa de producción de huevos (λ_0), la fracción de hembras (α) y la contribución de huevos al reservorio (ρ), los cuales determinan la cantidad de parásitos liberados al ambiente común de los hospedadores y su capacidad para infectar a nuevos huéspedes.

Además, el análisis de sensibilidad realizado en el modelo reveló que el número reproductivo básico, (R_0), está fuertemente influenciado por la tasa de exposición entre el huésped y el reservorio (β), así como por las mortalidades de huevos o larvas en el reservorio y de parásitos en el huésped (μ_l y μ_p). Estos factores tienen un impacto significativo en la propagación de la infección, lo que sugiere que intervenciones centradas en mejorar las condiciones higiénicas y en reducir la exposición del huésped al reservorio podrían ser efectivas para controlar las infecciones por macroparásitos.

El análisis de bifurcaciones llevado a cabo en nuestro modelo también proporcionó información clave sobre la estabilidad del sistema. Se identificó un punto crítico de tipo nodo silla en el par de parámetros (m^b, R_0^b), que indica que la dinámica de la infección puede experimentar transiciones abruptas dependiendo de los valores de las tasas de transmisión y las condiciones de mortalidad. Este hallazgo subraya la importancia de los factores ambientales y de los comportamientos del huésped en la estabilidad del sistema parasitario. La función de contribución media efectiva (ψ) y la probabilidad de apareamiento (ϕ) fueron identificadas como funciones críticas que dependen directamente de la distribución de los parásitos, lo que refuerza la idea de que los parásitos de tipo macroscópico tienen una mayor dependencia de las condiciones externas y de la distribución espacial.

En resumen, mientras que las infecciones por microparásitos pueden ser modeladas eficazmente utilizando modelos compartimentales simples debido a la rápida replicación de los parásitos en el huésped, las infecciones por macroparásitos requieren modelos más complejos que consideren factores ambientales, la interacción huésped-parásito y la dinámica de la población de parásitos en el reservorio. Este estudio ha demostrado cómo las herramientas matemáticas pueden ser utilizadas para entender mejor las dinámicas de ambas categorías de parásitos y, a su vez, proporcionar bases sólidas para el desarrollo de estrategias de control y prevención más efectivas, tales como el acceso a servicios sanitarios, la mejora en la higiene y el control de vectores.

En conclusión, este trabajo ha proporcionado una comprensión más profunda de las diferencias clave en las dinámicas de infecciones causadas por micro y macroparásitos, destacando cómo las características biológicas y ecológicas de cada tipo de parásito requieren enfoques distintos en su modelado y control. El uso de

modelos matemáticos ha sido fundamental para abordar estas diferencias y para proponer intervenciones efectivas que puedan contribuir a reducir la carga de enfermedades parasitarias en las poblaciones humanas.

Bibliografía

- [1] Alvey, C. and Alvey, D. (2024). *Mathematical Biology: Discrete and Differential Equations*. CRC Press. 69
- [2] Anderson, R. (1991). *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford University Press. 55, 69
- [3] Anderson, R. M. and May, R. M. (1985). Helminth infections of humans: mathematical models, population dynamics, and control. *Advances in parasitology*, 24:1–101. 69, 70
- [4] Brauer, F. (2008). Mathematical epidemiology. 55
- [5] Diekmann, O., Heesterbeek, H., and Britton, T. (2013). *Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics*, volume 7. Princeton University Press. 69
- [6] Diekmann, O. and Heesterbeek, J. A. P. (2000). *Mathematical epidemiology of infectious diseases: model building, analysis and interpretation*, volume 5. John Wiley & Sons. 55
- [7] John Guckenheimer, P. H. (1983). *Nonlinear Oscillations, Dynamical Systems and Bifurcations of vector Fields*. Springer Science, New York. 31
- [8] Li, M. Y. (2018). *An introduction to mathematical modeling of infectious diseases*, volume 2. Springer. 55, 56
- [9] Lopez, G. M. and Aparicio, J. P. (2024). Mathematical modeling of mating probability and fertile egg production in helminth parasites. *Bulletin of Mathematical Biology*, 86(11):131. 70, 71
- [10] Perko, L. (2013). *Differential equations and dynamical systems*, volume 7. Springer Science & Business Media. 7, 21, 45