

Cadenas de Markov aplicadas a dos especies de arbusto en un bosque de pinos

MODELOS MATEMÁTICOS I

Autores:

José Antonio de la Rosa Cubero Noura Lachhab Bouhmadi Quintín Mesa Romero

$\mathbf{\acute{I}ndice}$

1.	Intr	oducci	dón	2					
2.	Def	inición	del modelo	2					
	2.1.	Repres	sentación matricial del modelo	4					
3.	Est	udio de	e la transitividad	5					
4.	Con	verger	ncia	6					
	4.1.	Estudi	to teórico de la convergencia	6					
	4.2.	. Simulaciones							
		4.2.1.	Zonas uniformemente distribuidas	8					
		4.2.2.	Zonas donde las especies están separadas inicialmente $$	10					
		4.2.3.	Zonas donde las especies están mezcladas inicialmente $$	12					
		4.2.4.	Hay much as más zonas donde aparece la especie V que en las que aparece W	14					
		4.2.5.	Hay much as más zonas donde aparece la especie W que en las que aparece V	16					
		4.2.6.	Código usado en las simulaciones	18					
5.	Con	clusio	nes	21					

1. Introducción

A la hora de llevar a cabo un estudio del comportamiento de un sistema complejo ante diversas situaciones que son difíciles de observar en la realidad, necestiamos algún modelo científico que emplee algún tipo de formulismo matemático para expresar dichos comportamientos. Necesitamos, en definitiva, un modelo matemático.

En este trabajo vamos a llevar a cabo un estudio acerca de la aplicación de las cadenas de Markov a dos especies de arbusto $V.\ myrtillus\ y\ V.\ vitis-idaea$ en un bosque de pinos Polytrichum-Myrtillus, modelando la evolución de dichas especies mediante la división del terreno a estudiar con plantas autóctonas en 2000 cuadrados de dimensión $0.2\times0.2,$ teniéndose solo en cuenta en el estudio los datos de 1747, descartando los que tenían troncos y ramas caídas y recabando información del pinar desde 1985, de lustro en lustro, hasta 2010.

La aplicación en el estudio de las Cadenas de Markov fue la identificación de un modelo de 4 estados, todos posibles en cada uno de los cuadrados en los que se divide el terreno. Por otra parte, el calibrado del modelo (establecer la matriz de transición) se llevó a cabo gracias a los datos de las dos primeras etapas, entre las cuales trascurrieron cinco años.

Este estudio está basado en el artículo Analyzing the Fine-Scale Dynamics of Two Dominant Species in a Polytrichum-Myrtillus Pine Forest. I. A Homogeneous Márkov Chain and Cyclicity Indices, que en español singifica, Análisis a pequeña escala de la dinámica de dos especies dominantes de un bosque de pinos «Polytrichum-Myrtillus». Cadena de Márkov Homogénea y Ciclicidad de Índices, realizado por A.A. Maslov y D.O. Logofet de los institutos de Ciencia Forestal de Moscú y del Instituto Obukhov de Física Atmosférica y publicado en 2018 por la editorial Springer.

2. Definición del modelo

El objetivo que perseguimos es hacer hincapié y analizar el modelo de la evolución de dos especies de arbustos de un bosque de pinos: $V.\ myrtillus$ (arádano silvestre) y $V.\ vitis-idaea$ (arándano encarnado), a las que denotaremos respectivamente por las letras V y W. La población sobre la que se realiza el estudio se podrá encontrar en un instante determinado, pudiendo variar con el paso del tiempo, en uno de los cuatro estados que a continuación se presentan, en cada cuadrado en los que se divide el terreno:

Estados

 E_1 : Ausencia de ambas especies. Se representará por la letra O.

 E_2 : Presencia de V. myrtillus y ausencia de V. vitis-idaea. Se representará por la letra V.

 E_3 : Presencia de V.vitis-idaea y ausencia de V.myrtillus. Se indicará con la letra W.

 E_4 : Presencia de ambas especies en el cuadrado. Se identificará por la letra B.

La evolución de las especies se modela mediante una cadena de Markov homogénea (proceso estocástico discreto en el que la probabilidad de que ocurra un evento depende solamente del evento inmediatamente anterior). Se profundizará en ello más adelante.

Sea $X_n = (X_{n_{E_1}}, X_{n_{E_2}}, X_{n_{E_3}}, X_{n_{E_4}}) \in \mathbb{R}^4$, el estado de la población de arbustos en un periodo de tiempo $n \in \mathbb{N}$, con $X_{n_{E_i}}$ el número de arbustos de la población que se encuentran en el estado $E_i \ \forall i \in 1, 2, 3, 4$, en un periodo de tiempo $n \in \mathbb{N}$.

Esto nos abre las puertas a la definición de la cadena de Markov que modela la evolución de la población, según el sistema dinámico:

$$X_{n+1} = P \cdot X_n, \quad \forall n \in \mathbb{N}$$

donde la secuencia de estados X_0, X_1, \ldots constituye la cadena en la que la probabilidad de que se manifieste un estado X_{n+1} en el periodo de tiempo n+1 depende única y exclusivamente del periodo de tiempo inmediatamente anterior, n (lo que se conoce como propiedad de Markov). Más adelante, en base a los datos del artículo se evidenciará el cumplimiento de las propiedades características y esenciales, de una cadena de Markov, demostrando así que se ajusta al modelo poblacional del que trata este estudio.

Nótese también que, dado que este estudio está basado en una cadena de Markov homogénea, la probabilidad de transicionar de un estado E_j a otro E_i (esto se representa asi: $\leadsto p_{ij}$) en un único paso no depende de n. Por su parte, una cadena de Markov es no homogénea si existe un par de estados (E_i, E_j) tal que en periodos distintos del proceso estocástico hay distinta probabilidad en la transición de un estado a otro.

La recogida de datos se llevó a cabo en periodos de lustros consecutivos, entre 1985 y 2010, es decir, se hicieron desde el inicio del estudio hasta el final un total de 6 recolectas de datos. Además, la hipótesis de homogeneidad lleva a considerar que la distribución de V y W en el primer lustro de estudio, sea el que

se utilice para la construcción de la matriz de estados anteriormente expuesta, con lo que esta permanecerá invariante.

En cambio, la realidad es que de un periodo de tiempo a otro las probabilidades y, por tanto las matrices, no serían las mismas para pasar de un estado al siguiente, pero dada la hipótesis simplificadora de los que llevaron a cabo el estudio, no se tiene en consideración el caso de que la cadena sea no homogénea.

2.1. Representación matricial del modelo

A partir de los datos recogidos en la tabla 1 del artículo, en la que podemos observar el estado inicial de la población: $X_0 = (350, 451, 278, 668)$, así como también el número de cuadros del terreno que pasan de un estado a otro en el primer lustro, se obtiene el estado del primer periodo de tiempo, $X_1 = (499, 507, 235, 506)$. Estos datos son suficientes para construir la matriz de estados P.

1990 1985	Ø	V	W	В	N(1990)
Ø	252	89	100	58	499
V	52	281	31	143	507
W	34	14	94	93	235
B	12	67	53	374	506
N(1985)	350	451	278	668	1747

De aquí obtenemos por un lado, el número de cuadrados del periodo siguiente al incial con estado E_0 :

$$X_{1_{E_1}} = \frac{252}{350} \cdot X_{0_{E_1}} + \frac{89}{451} \cdot X_{0_{E_2}} + \frac{100}{278} \cdot X_{0_{E_3}} + \frac{58}{668} \cdot X_{0_{E_4}}$$

Y por otro lado, de la misma forma que se ha obtenido este vector, se obtienen las tres identidades que faltan para cimentar el sistema dinámico:

$$X_{1_{E_2}} = \frac{52}{350} \cdot X_{0_{E_1}} + \frac{281}{451} \cdot X_{0_{E_2}} + \frac{31}{278} \cdot X_{0_{E_3}} + \frac{143}{668} \cdot X_{0_{E_4}}$$

$$X_{1_{E_3}} = \frac{34}{350} \cdot X_{0_{E_1}} + \frac{14}{451} \cdot X_{0_{E_2}} + \frac{94}{278} \cdot X_{0_{E_3}} + \frac{93}{668} \cdot X_{0_{E_4}}$$

$$X_{1_{E_4}} = \frac{12}{350} \cdot X_{0_{E_1}} + \frac{67}{451} \cdot X_{0_{E_2}} + \frac{53}{278} \cdot X_{0_{E_3}} + \frac{374}{668} \cdot X_{0_{E_4}}$$

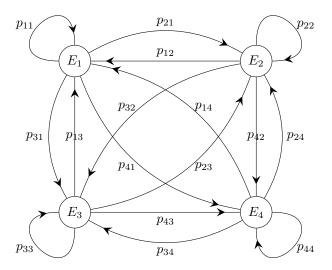
Con lo que podemos definir del siguiente modo la matriz de estados:

$$P = \begin{pmatrix} p_{11} & p_{12} & p_{13} & p_{14} \\ p_{21} & p_{22} & p_{23} & p_{24} \\ p_{31} & p_{32} & p_{33} & p_{34} \\ p_{41} & p_{42} & p_{43} & p_{44} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0.720 & 0.197 & 0.360 & 0.087 \\ 0.149 & 0.623 & 0.112 & 0.214 \\ 0.097 & 0.031 & 0.338 & 0.139 \\ 0.034 & 0.149 & 0.191 & 0.560 \end{pmatrix}$$

con p_{ij} la probabilidad de que un cuadrado con las especies transicione del estado E_j al $E_i, \forall i,j \in 1,2,3,4$.

3. Estudio de la transitividad

Con la ayuda del grafo podemos sacar algunas características del modelo que estamos estudiando.



Como podemos observar, el grafo resultante es **dirigido** y **fuertemente conexo** o **transitivo**, es decir, que podemos ir de cualquier estado E_i a cualquier otro E_j $(i, j \in \{1, 2, 3, 4\})$ ya que la probabilidad de ir de un estado a otro cualquiera es no nula. Esto también implica que, como la matriz P es estrictamente positiva. Por definicion, P se dice que es una matriz ergódica con

índice de ergodicidad 1, esto es, P es ergódica con $P^1 = P >> 0$. Este tipo de matrices se llaman también $Matriz\ de\ Perron-Frobenius$. Veamos a continuación la definición del Teorema de Perron-Frobenius.

Teorema 3.1: Teorema de Perron-Frobenius:

Una matriz cuadrada real con entradas positivas tiene un valor propio real positivo único mayor en módulo que el resto. En otras palabras, el radio espectral de la matriz es un valor propio dominante.

Además el vector propio correspondiente puede elegirse para tener estrictamente componentes positivas.

De todas las propiedades que hemos deducido anteriormente, vemos que la la matriz P es una matriz **estocástica** y **ergódica**. Por lo tanto, podemos afirmar que el radio espectral $\lambda_p = \rho(P)$ es el valor propio **dominante** de P y se puede tomar el vector asociado a λ_p estrictamente positivo. Y por el por el teorema que mostraremos a continuación, visto en teoría, deducimos que el vector propio normalizado será el vector estacionario, es decir, el que nos indica la distribución a largo plazo de la cadena de estados.

Teorema 3.2: Teorema del valor propio dominante:

Si la matriz P tiene un valor propio dominante λ y \vec{v} es un vector propio asociado a λ . Para cualquier valor inicial $\vec{x_0}$, existe una constante $c=cx_0$ tal que $\frac{x_n}{\lambda^n} \stackrel{n \to \infty}{\longrightarrow} c\vec{v}$

4. Convergencia

4.1. Estudio teórico de la convergencia

Recordamos que la matriz de estados P es la siguiente:

$$P = \begin{pmatrix} 0.720 & 0.197 & 0.360 & 0.087 \\ 0.149 & 0.623 & 0.112 & 0.214 \\ 0.097 & 0.031 & 0.338 & 0.139 \\ 0.034 & 0.149 & 0.191 & 0.560 \end{pmatrix}$$

Las columnas de P suman 1 (salvo la tercera por un pequeño error de

redondeo):

$$\begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0.720 & 0.197 & 0.360 & 0.087 \\ 0.149 & 0.623 & 0.112 & 0.214 \\ 0.097 & 0.031 & 0.338 & 0.139 \\ 0.034 & 0.149 & 0.191 & 0.560 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1.001 & 1 \end{pmatrix}$$

con lo que se tiene que P es en efecto una matriz de estados. Además es positiva (P >> 0). Por tanto, el radio espectral es 1 $(\rho(P) = 1)$ y, como ya se ha visto anteriormente, es un valor propio dominante de la matriz y el sistema $x_{n+1} = Px_n$ converge a v_p donde v_p es el vector propio asociado a 1. En concreto,

$$v_p = \begin{pmatrix} 0.410 \\ 0.297 \\ 0.112 \\ 0.181 \end{pmatrix}$$

El cálculo de los valores propios ha sido obtenido mediante el siguiente código de Python:

```
import numpy as np
# Hemos copiado tal cual la matriz del paper
# por tanto, tenemos que tranponerla con .getT()
P = (np.matrix(''')
0.720
        0.149
                0.097
                        0.034;
                0.031
0.197
        0.623
                        0.149;
0.360
        0.112
                0.338
                        0.191;
0.087
        0.214
                0.139
                        0.560'',)).getT()
eival, eivec = np.linalg.eig(P)
n = eival.argmax() # Queremos el mayor valor propio,
                   # que sabemos que es el radio espectral
                   # y que es igual a 1
print(eival[n]) # Sale 1.000111911133882, por errores de redondeo
vp = eivec[:,n]
# Normalizamos por la norma 1
print((1/float(np.matrix([1,1,1,1])*vp))*vp)
```

4.2. Simulaciones

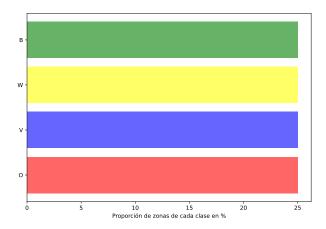
Una vez comprobada la convergencia de manera teórica, van a realizarse una serie de simulaciones que permitan ver la evolución del sistema según algunas condiciones iniciales.

4.2.1. Zonas uniformemente distribuidas

Se considera la distribución más sencilla posible, una distribución en la que las zonas están uniformemente distribuidas, es decir, el porcentaje de zonas en las que aparece únicamente la especie V coincide tanto con el que aparece en solitario la especie W como con la proporción en la que ambas conviven, así como con las zonas en las que ninguna de las especies sobrevive. En otras palabras, nuestra distribución inicial es la siguiente:

$$\begin{pmatrix} 0.25 \\ 0.25 \\ 0.25 \\ 0.25 \\ 0.25 \end{pmatrix}$$

Gráficamente se visualiza del siguiente modo:



Veamos experimentalmente que la población tiende al equilibrio. Si simulamos la evolución del sistema durante 10 iteraciones (que corresponden a 50 años) obtenemos la siguiente evolución:

Año	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0.250	0.341	0.374	0.390	0.398	0.403	0.406	0.407	0.408	0.409	0.409
V	0.250	0.274	0.289	0.295	0.298	0.298	0.298	0.298	0.298	0.298	0.298
W	0.250	0.151	0.125	0.117	0.114	0.113	0.112	0.112	0.112	0.112	0.112
В	0.250	0.234	0.212	0.198	0.191	0.186	0.184	0.183	0.182	0.182	0.182

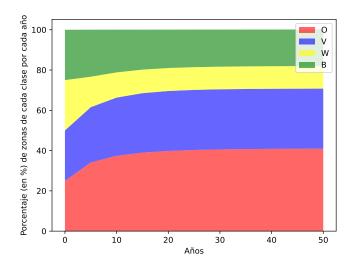
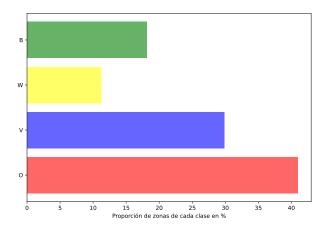


Figura 1: La altura de cada franja de color en cada año corresponde a la proporción de zonas de cada tipo de ese año



Numéricamente, se ha tomado el máximo de los valores absolutos de la diferencia entre la distribución final y la distribución en el equilibrio (lo que equivale a tomar la distancia infinito entre ambos vectores), con lo que se obtiene

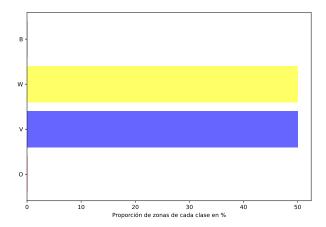
un valor numérico de 0.0012073676062390737. Es decir, en 10 iteraciones hemos conseguido un error del orden de las milésimas, con lo cuál no solo obtenemos convergencia, sino que además es una convergencia relativamente rápida.

4.2.2. Zonas donde las especies están separadas inicialmente

Se considera la siguiente distribución: las especies V y W se reparten las zonas del hábitat equitativamente, no habiendo inicialmente zonas en las que convivan o en la que no se encuentre alguna de las especies. En otras palabras, nuestra distribución inicial es la siguiente:

$$\begin{pmatrix} 0\\0.5\\0.5\\0 \end{pmatrix}$$

Gráficamente se visualiza del siguiente modo:



Veamos experimentalmente que la población tiende al equilibrio. Si simulamos la evolución del sistema durante 10 iteraciones (que corresponden a 50 años) obtenemos la siguiente evolución:

Año	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0.000	0.278	0.354	0.381	0.394	0.401	0.404	0.407	0.408	0.409	0.409
V	0.500	0.367	0.327	0.312	0.306	0.302	0.300	0.299	0.299	0.299	0.298
W	0.500	0.184	0.124	0.114	0.112	0.112	0.112	0.112	0.112	0.112	0.112
В	0.000	0.170	0.195	0.194	0.190	0.186	0.184	0.183	0.182	0.182	0.182
	1										

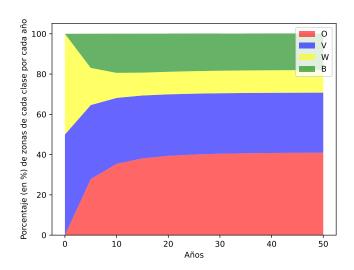
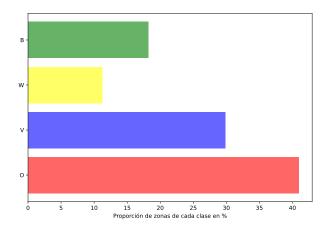


Figura 2: La altura de cada franja de color en cada año corresponde a la proporción de zonas de cada tipo de ese año



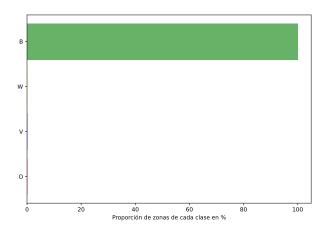
Numéricamente se obtiene un valor numérico de un error de 0.0013537416522167445. De nuevo en 10 iteraciones hemos conseguido un error del orden de las milésimas, la convergencia vuelve a ser tan buena como en el caso anterior.

4.2.3. Zonas donde las especies están mezcladas inicialmente

Se considera la siguiente distribución: las especies V y W se encuentran en su totalidad mezcladas en todas las zonas . En otras palabras, nuestra distribución inicial es la siguiente:

 $\begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix}$

Gráficamente se visualiza del siguiente modo:



Veamos experimentalmente que la población tiende al equilibrio. Si simulamos la evolución del sistema durante 10 iteraciones (que corresponden a 50 años) obtenemos la siguiente evolución:

Año	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0.000	0.087	0.204	0.285	0.336	0.366	0.384	0.394	0.401	0.404	0.407
V	0.000	0.214	0.282	0.302	0.306	0.305	0.303	0.302	0.300	0.300	0.299
W	0.000	0.139	0.140	0.128	0.120	0.116	0.114	0.113	0.112	0.112	0.112
В	1.000	0.560	0.375	0.286	0.239	0.214	0.200	0.192	0.187	0.185	0.183

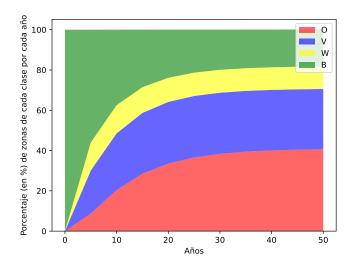
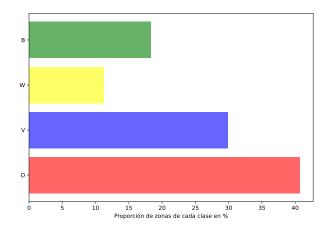


Figura 3: La altura de cada franja de color en cada año corresponde a la proporción de zonas de cada tipo de ese año



Numéricamente se obtiene un valor numérico de un error máximo de 0.0013537416522167445. De nuevo en 10 iteraciones hemos conseguido un error del orden de las milésimas, la convergencia vuelve a ser tan buena como en los

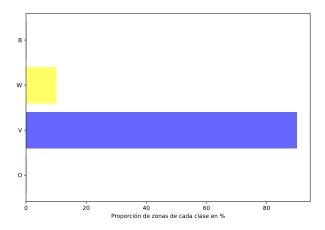
dos casos anteriores.

4.2.4. Hay muchas más zonas donde aparece la especie V que en las que aparece W

Se considera la siguiente distribución: las especies V y W se reparten las zonas del hábitat, donde el reparto no es ahora equitativo, habita en un $90\,\%$ de las zonas solo la especie V y solo la W en el resto. En otras palabras, nuestra distribución inicial es la siguiente:

$$\begin{pmatrix} 0\\0.9\\0.1\\0 \end{pmatrix}$$

Gráficamente se visualiza del siguiente modo:



Veamos experimentalmente que la población tiende al equilibrio. Si simulamos la evolución del sistema durante 10 iteraciones (que corresponden a 50 años) obtenemos la siguiente evolución:

Año	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0.000	0.213	0.302	0.347	0.373	0.388	0.397	0.402	0.405	0.407	0.408
V	0.900	0.572	0.428	0.361	0.329	0.314	0.306	0.302	0.300	0.299	0.299
W	0.100	0.062	0.081	0.096	0.105	0.109	0.110	0.111	0.112	0.112	0.112
В	0.000	0.153	0.190	0.196	0.194	0.190	0.187	0.185	0.184	0.183	0.182

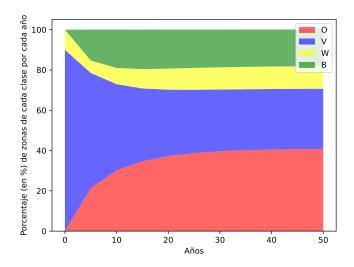
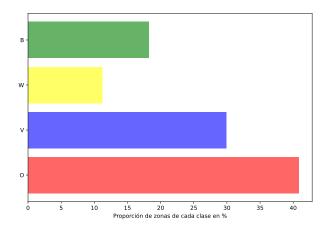


Figura 4: La altura de cada franja de color en cada año corresponde a la proporción de zonas de cada tipo de ese año



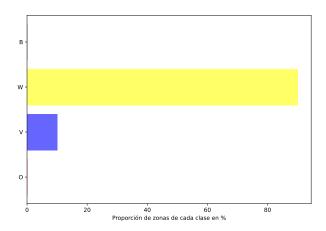
Numéricamente se obtiene un valor numérico de un error de 0.0014319849180239874. Ya no es ninguna sorpresa la rápida convergencia.

4.2.5. Hay muchas más zonas donde aparece la especie W que en las que aparece V

Se considera la siguiente distribución: las especies V y W se reparten las zonas del hábitat, donde el reparto no es ahora equitativo, habita en un $90\,\%$ de las zonas solo la especie V y solo la W en el resto. En otras palabras, nuestra distribución inicial es la siguiente:

$$\begin{pmatrix} 0 \\ 0.1 \\ 0.9 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Gráficamente se visualiza del siguiente modo:



Veamos experimentalmente que la población tiende al equilibrio. Si simulamos la evolución del sistema durante 10 iteraciones (que corresponden a 50 años) obtenemos la siguiente evolución:

Año		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0.000	0.344	0.406	0.415	0.415	0.413	0.412	0.411	0.411	0.411	0.411
V	0.100	0.163	0.227	0.264	0.282	0.290	0.295	0.296	0.297	0.298	0.298
W	0.900	0.307	0.168	0.131	0.119	0.115	0.113	0.113	0.112	0.112	0.112
В	0.000	0.187	0.199	0.191	0.186	0.183	0.182	0.181	0.181	0.181	0.181

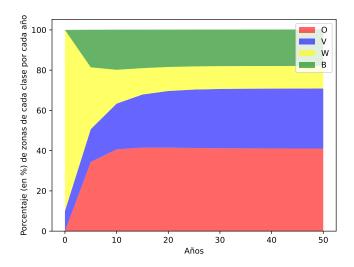
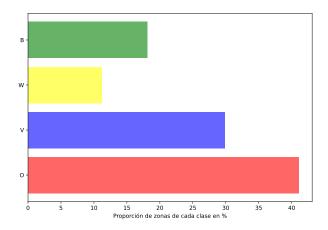


Figura 5: La altura de cada franja de color en cada año corresponde a la proporción de zonas de cada tipo de ese año



Numéricamente se obtiene un valor numérico de un error de 0.0012754983864096126, que vuelve a ser muy pequeño en apenas 10 iteraciones.

4.2.6. Código usado en las simulaciones

Para las simulaciones hemos usado el siguiente código de Python

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import os
# VAMOS A CREAR LAS CARPETAS DONDE ALMACENAR DATOS Y
GRÁFICAS
piramides = "piramides"
evolucion = "evolucion"
tablas = "tablas"
errores = "errores"
print("Creando_carpetas")
for carp in [piramides, evolucion, tablas, errores]:
    \mathbf{try}:
        os.mkdir(carp)
    except FileExistsError:
        print(f"La_carpeta_{carp}_existe")
\# DEFINIMOS LA MATRIZ DEL MODELO
P = (np.matrix(',',0.720)
0.149
0.097
0.034;
0.197
0.623
0.031
0.149;
0.360
0.112
0.338
0.191;
0.087
0.214
0.139
0.560''')).getT() # OJO EN LA TEORÍA:
                  # ESTÁN USANDO EL CRITERIO POR FILAS
```

```
# DEFINIMOS DIFERENTES DISTRIBUCIONES INICIALES DE POBLA-
CION
x uniforme = np.matrix('0.25; 0.25; 0.25; 0.25;
x_{separadas} = np.matrix('0.; 0.5; 0.5; 0.5; 0.')
x domina la 1 = \text{np.matrix}('0.; 0.9; 0.1; 0.')
x = domina = 1a = 2 = np. matrix(', 0.; 0.1; 0.9; 0.')
x equilibrio = np. matrix ('0.410; 0.297; 0.112; 0.181')
x = mezcladas = np.matrix('0.; 0.; 0.; 0.; 1.')
# DEFINIMOS VARIABLES DEL PROGRAMA
posibles x = [x \text{ uniforme}, x \text{ separadas}, x \text{ domina la } 1,
x domina la 2, x mezcladas]
nombres\_x = \hbox{\tt ["uniforme", "separadas", "domina1", "domina2",}\\
"mezcladas"]
colores_x = ['red','blue', 'yellow', 'green']
numero anios = 11
fila tabla latex = [ "" for in x uniforme ]
# COMENZAMOS LOS CÁLCULOS PARA CADA DISTRIBUCION INI-
CIAL
for i, x in enumerate(posibles x):
    anios = []
    x_valores_anios0 = []
    x \text{ valores anios} 1 = []
    x \text{ valores anios} 2 = []
    x \text{ valores anios} 3 = []
    for j in range (numero anios):
         # CÓDIGO PARA CREAR LA TABLA DE LOS DATOS EN LA-
TEX
         for k, _ in enumerate(x):
             fila tabla latex[k] += f"{['O', 'V',
[k] [k] [k] [k] [k] [k]
            fila_tabla_latex[k] += "
= \{ : .3 f \} \setminus t \text{".format}(x.tolist()[k][0])
             fila_tabla_latex[k] += "
الكانات " \mathbf{if} \mathbf{j}= (\mathrm{numero\_anios}-1) \mathbf{else} "يالكانات "
```

```
# CÓDIGO PARA DIBUJAR LAS PIRÁMIDES
    # POBLACIONALES INICIAL Y FINAL
    if j % (numero anios -1) == 0:
         fig, ax = plt.subplots(sharey=True,
                      figsize = (9, 6)
         xtoplot = [xi[0]*100 \text{ for } xi \text{ in } x.tolist()]
         etiquetas = ['O', 'V', 'W', 'B']
        ax.barh(etiquetas, xtoplot,
             color=colores x, alpha=0.6
         plt.xlabel("oProporcin_de"+
                 "zonas_de_cada_clase_en_%")
         plt.savefig(
piramides + f''/anno_{j}' + nombres_x[i] + ".pdf")
         plt.close()
    # SIMULACIÓN
    x valores anios0.append(100*float(x[0]))
    x valores anios1.append(100*float(x[1]))
    x valores anios2.append (100*float(x[2]))
    x_valores_anios3.append(100*float(x[3]))
    anios.append(j*5)
    x = P * x
x_valores_anios = {'O':x_valores_anios0,
                     'V':x_valores_anios1,
                     'W':x valores anios2,
                     'B':x valores anios3}
# CÓDIGO PARA ESCRIBIR LA TABLA DE
# DATOS EN LATEX EN UN ARCHIVO
with open(tablas + "/" +
nombres x[i] + ".tex", 'w') as archivo:
    archivo.write("ñAo&")
    for k in range (numero anios -1):
         archivo.write(f"\{k\}\t\t_\&")
    archivo.write(f"{numero anios}-1}\)\)
    archivo.write(" \setminus hline \setminus \overline{n}")
    for k, in enumerate(x):
         archivo.write(fila tabla latex[k])
        archivo.write(" \setminus \setminus \setminus n")
         fila_tabla_latex[k] = ""
```

CÓDIGO PARA GUARDAR EL MÁXIMO ERROR COMETIDO

```
with open(errores + "/" + nombres_x[i] + ".tex", 'w') as archivo: archivo.write(f"{(np.abs(x-x_equilibrio)).max()}")
```

CÓDIGO PARA DIBUJAR LA EVOLUCIÓN DE LAS POBLACIONES

5. Conclusiones

Se ha obtenido un sistema recurrente que converge muy rápido al equilibrio, en el sentido de que lo hace en pocas iteraciones. Como cada iteración corresponde a cinco años, realmente la capacidad de verificar el modelo en el largo plazo es limitada (tendríamos que esperar a que pasaran varios años para poder hacerlo).

No obstante, computacionalmente es muy interesante porque:

- 1. Al ser un modelo discreto es fácil programarlo.
- Al converger rápido al equilibrio podemos extraer fácilmente conclusiones teóricas.

Faltaría ver si realmente la evolución del sistema real acaba siguiendo la predicha por el modelo, aunque esto es más el trabajo de los científicos expertos en la materia que el análisis de los datos que se hace posteriormente con el modelo matemático.

Referencias

[1] A. A. MASLOV, D. O. LOGOFET, Analyzing the Fine-Scale Dynamics of Two Dominant Species in a Polytrichum-Myrtillus Pine Forest. I. A Homogeneous Markov Chain and Cyclicity Indices ISSN 2079-0864, Biology Bulletin Reviews, 2018, Vol. 8, No. 1, pp. 48–57. © Pleiades Publishing, Ltd., 2018.