



Universidad de Valladolid

**Facultad de Ciencias
Grado en Matemáticas**

**Ecuaciones diferenciales y sus
aplicaciones en procesos biológicos**

Alumno: Carlos Jiménez Vaquero

Tutor: Ángel Durán Martín

Fecha: 7 de julio de 2025

*A mi padre, por todos los ratos que
hemos pasado echando cuentas.*

Índice general

Resumen	III
Abstract	V
1 Introducción.	1
1.1 Modelización basada en ecuaciones diferenciales	1
1.1.1 Presentación general	1
1.1.2 Problemas de la modelización.	2
1.2 Objetivos y estructura del TFG.	4
2 Sistemas de EDOs.	5
2.1 Significado de carácter de bien puesto de un problema. Existencia y unicidad.	5
2.2 Puntos de equilibrio y estabilidad.	13
2.2.1 Definiciones.	13
2.2.2 Estabilidad para sistemas lineales.	15
2.2.3 Estabilidad para sistemas no lineales.	17
2.2.4 Teorema de la variedad estable	18
2.2.5 Teorema de Hartman-Grobman	24
2.2.6 Estabilidad de los puntos de equilibrio	31
2.3 Métodos numéricos.	40
2.3.1 Aproximación numérica de EDOs.	41
3 Modelos matemáticos.	51
3.1 Cinética química.	51
3.1.1 Principios	51
3.1.2 Enzimas	55
3.1.3 Modelo del cáncer.	59
3.2 Modelos epidemiológicos.	63
3.2.1 Modelo SIR.	63
3.2.2 VIH.	75
3.2.3 Cólera.	78
3.3 Dinámica de poblaciones.	80
3.3.1 Modelos de poblaciones aisladas.	80
3.3.2 Modelos depredador-presa.	81

Apéndice A. Código MATLAB empleado	95
A1 Códigos para verificar el orden de métodos RK	95
A2 Códigos para aproximar numéricamente las soluciones de modelos del capítulo 3	97

Resumen

En el campo de la biología se presentan procesos fruto de estudio matemático. Para ello, se trata de obtener una representación simplificada de un fenómeno real, con el objetivo de poder estudiar su evolución.

En primera instancia, se estudiará parte de la teoría de ecuaciones diferenciales ordinarias desde el punto de vista de la modelización, abarcando aspectos de las EDOs como la identificación de equilibrios, dinámica de los sistemas o aproximación numérica de los resultados.

Usando este conocimiento, se pasará al análisis de procesos biológicos con una perspectiva matemática, tratando reacciones químicas ocurridas en organismos, fenómenos epidemiológicos o competición entre especies. Todo ello, haciendo uso de ecuaciones diferenciales para representar el comportamiento dinámico de estos procesos.

Abstract

In the field of biology, processes are studied mathematically. The aim is to obtain a simplified representation of a real phenomenon in order to be able to study its evolution.

In the first instance, part of the theory of ordinary differential equations will be studied from the modelling point of view, covering aspects of ODEs such as the identification of equilibria, system dynamics or numerical approximation of the results.

Using this knowledge, we will move on to the analysis of biological processes with a mathematical perspective, dealing with chemical reactions occurring in organisms, epidemiological phenomena or competition between species. All this, making use of differential equations to represent the dynamic behaviour of these processes.

Capítulo 1

Introducción.

En este trabajo estudiaremos algunos elementos de la teoría de ecuaciones diferenciales ordinarias desde el punto de vista de la modelización, así como su explicación en diversos procesos biológicos.

1.1 Modelización basada en ecuaciones diferenciales

En el campo de la biología se presentan procesos fruto de estudio matemático. Un modelo trata de representar estos fenómenos. No obstante, los procesos biológicos envuelven un gran número de elementos interactuando entre sí. Luego, la modelización trata de obtener una representación simplificada de un fenómeno real, determinando cuál de los componentes contribuye al resultado final.

El estudio de procesos biológicos como reacciones químicas ocurridas en organismos, fenómenos epidemiológicos o competición entre especies hace uso de ecuaciones diferenciales para representar el comportamiento dinámico de estos procesos. Es decir, serán empleadas para conocer la evolución de ciertas cantidades, como el número de individuos de una población o porción de reactivos en una reacción respecto a una variable independiente que será el tiempo.

1.1.1 Presentación general

Una ecuación diferencial es una ecuación que relaciona una función desconocida con sus derivadas con respecto a variables independientes. Dicha función será la solución de la ecuación. En caso de que solo se tenga una variable independiente, diremos que la ecuación diferencial es ordinaria (EDO). Además, diremos que es de orden n si la derivada más alta presente en la ecuación tiene orden n . Una ecuación diferencial tendrá la forma general:

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x), \quad (1.1)$$

donde x es la función solución que depende de t , t es la variable independiente, y f es la relación entre ellas. Para los modelos biológicos que se discutirán en este trabajo, t

adquiere un sentido temporal, mientras que x representa la cantidad a medir que evoluciona con el tiempo, y $\frac{dx}{dt}$ la velocidad con que lo hace. La ecuación (1.1) establece la ley que rige dicha evolución.

Esta interpretación se mantiene en el caso a estudio de modelos representados por más de una variable dependiente, pasando de (1.1) a un sistema de EDOs

$$\frac{dx_1}{dt} = f_1(t, x_1, \dots, x_n), \quad \dots, \quad \frac{dx_n}{dt} = f_n(t, x_1, \dots, x_n), \quad (1.2)$$

o, en forma vectorial,

$$\frac{d\vec{x}}{dt} = \vec{f}(t, \vec{x}), \quad \text{con } \vec{x} = (x_1, \dots, x_n)^T, \quad \vec{f} = (f_1, \dots, f_n)^T. \quad (1.3)$$

Para simplificar la notación, cada vez que se hace referencia a la ecuación (1.1), nos referimos a la forma vectorial. A las relaciones (1.2) y (1.3), que determinan el modelo matemático del fenómeno a estudio, pueden llegarse a partir de distintas vías:

- Datos experimentales. En ocasiones, las ecuaciones diferenciales surgen como consecuencia de la observación de fenómenos reales. La relación entre las variables del sistema puede inferirse a partir de hipótesis fruto de la observación. Los datos experimentales permiten ajustar la ecuación diferencial para que describa el comportamiento del sistema.
- Simplificaciones de sistemas más complejos. Otra forma de tratar sistemas complejos es reducir el número de elementos que interactúan. Eliminando aquellos con menos impacto en el comportamiento del sistema, podemos obtener modelos más sencillos y manejables, ofreciendo una buena aproximación del fenómeno sin introducir toda la complejidad del sistema real.

1.1.2 Problemas de la modelización.

La interpretación de (1.1) o (1.3) como representación de un fenómeno físico plantea varios aspectos de adaptación a las observaciones del mismo.

PVI. Sistemas entrada-salida.

Uno de los aspectos de adaptación se refiere a la respuesta que proporciona el proceso al conocimiento del sistema físico en un instante determinado. Esto se plantea, desde el punto de vista matemático, a partir de los problemas de valor inicial (pvi) o problemas de Cauchy:

$$\begin{cases} \frac{d\bar{x}}{dt} = \bar{f}(t, \bar{x}), \\ \bar{x}(t_0) = \bar{x}_0, \end{cases} \quad (1.4)$$

y un primer requerimiento consiste en la existencia de una sola trayectoria $\bar{x}(t)$ solución de (1.4), como única representación de la respuesta dada por el fenómeno a estudio.

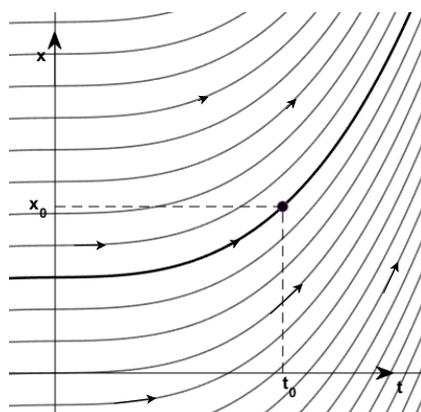


Figura 1.1: Representación problema valor inicial.

Esta misma idea se puede explicar con el concepto de entrada-proceso-salida representado en la figura 1.2. Se puede entender el pvi (1.4) como una máquina o proceso (una caja negra) que produce un resultado a partir del dato inicial x_0 . Este resultado será la solución de dicha ecuación.

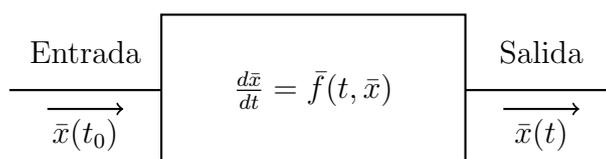


Figura 1.2: Interpretación problema valor inicial como sistema entrada-salida.

Puntos de equilibrio.

El fenómeno físico a estudio puede admitir una serie de estados de interés, como valores de equilibrio de las poblaciones en un ecosistema o comportamientos estacionarios en la propagación de una enfermedad. Su existencia debe trasladarse al modelo (1.3) en forma de soluciones constantes o puntos de equilibrio.

Dinámica y estabilidad.

Un tercer problema de adaptación de (1.3) al sistema físico que modela tiene que ver con la dinámica. Si las soluciones de (1.3) representan las respuestas de dicho sistema a observaciones iniciales del tipo dado en (1.4), es de esperar que su evolución temporal emule el comportamiento del fenómeno, en especial en torno a aquellos estados constantes de interés. Ello nos lleva al concepto de estabilidad de las soluciones.

Necesidad de la aproximación numérica.

Por último, es importante señalar que en esta visión de (1.3) como modelo matemático, en muchas situaciones no es tan importante determinar exactamente los estados del sistema (en forma de soluciones) como su dinámica. Entonces, la modelización debe incluir un tratamiento numérico de (1.3) que permita encontrar aproximaciones a las soluciones de (1.3) que no puedan obtenerse de forma analítica, que, aunque se puedan calcular, no sean manejables, o que, simplemente, su expresión no tenga tanto interés como su comportamiento.

El tratamiento numérico se extiende a otros aspectos como el cálculo aproximado de estados de equilibrio o de aspectos concretos de estabilidad.

1.2 Objetivos y estructura del TFG.

El objetivo principal de este trabajo es ilustrar el estudio de las EDOs como modelos matemáticos a través de un conjunto representativo de problemas de carácter biológico. Estos aspectos de las EDOs abarcan la identificación de equilibrios, dinámica y aproximación numérica.

Para lograr los objetivos del trabajo, se ha dividido el mismo en dos unidades. La primera parte es el capítulo 2, donde se revisan aspectos matemáticos de las EDOs como puntos de equilibrio, dinámica o aproximaciones numéricas. Por su parte, en el capítulo 3 se ilustran los conceptos tratados mediante el estudio de procesos biológicos, incluyendo reacciones químicas, epidemiología o modelos poblacionales. Además, el código desarrollado para llevar a cabo las aproximaciones numéricas de estos modelos se recoge a lo largo de un apéndice al final del trabajo.

Capítulo 2

Sistemas de EDOs.

Conocer las propiedades que presentan las EDOs permitirá analizar la dinámica de un sistema biológico. Luego, en este capítulo se abordará la teoría y técnicas de manejo de EDOs necesarias para el estudio de modelos biológicos concretos. Dados los modelos que se tratan en este trabajo, bastará con revisar la teoría de sistemas de EDOs de primer orden; es decir, los de la forma (1.3), donde, por sencillez, eliminaremos la notación con flechas.

2.1 Significado de carácter de bien puesto de un problema. Existencia y unicidad.

Cuando planteamos un pvi (1.4), un primer estudio se centra en conocer bajo qué condiciones está bien definido. Según Hadamard [12], un problema de ecuaciones diferenciales se dice que tiene carácter de bien puesto si cumple tres condiciones fundamentales:

- Existencia. Debe existir al menos una solución local al problema planteado. Sin esta condición, el problema carece de sentido práctico o matemático. Es claro que si no tenemos una solución, el modelo biológico que describe la ecuación no permitirá estudiar como evolucionará el sistema.
- Unicidad. Como se planteó en el capítulo 1 para el problema de Cauchy, el objetivo es analizar la evolución de un sistema partiendo de un estado inicial. Para ello, la solución debe ser única. Si no se cumple esta condición, el problema no tendrá utilidad práctica al poder tener distintas evoluciones posibles con un mismo dato inicial.
- Dependencia continua respecto de los datos iniciales y parámetros. Esto se refiere a que la solución dependa continuamente de los datos iniciales. En un modelo biológico, las condiciones de los experimentos pueden variar o existir errores en las mediciones. En consecuencia, se pretende que si los datos varían ligeramente, lo haga de igual forma la solución y de manera continua.

Estos requisitos son necesarios para que las ecuaciones propuestas por los modelos puedan ajustarse a sistemas biológicos reales. Para estudiar bajo qué condiciones se pueden garantizar estas características se introduce el concepto de función lipschitziana.

Definición 2.1 (Lipschitzianidad). *Dado $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$, se dice que $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ es lipschitziana en Ω respecto de x si existe una constante (de Lipschitz) $L > 0$ tal que para todo $(t, x), (t, y) \in \Omega$,*

$$\|f(t, y) - f(t, x)\| \leq L\|y - x\|,$$

donde $\|\cdot\|$ es una norma definida en \mathbb{R}^n .

El conjunto de funciones continuas $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ que son lipschitzianas respecto de x se denota $Lip_x(\Omega, \mathbb{R}^n)$.

Por otra parte, f es localmente lipschitziana en Ω respecto de la variable x si para cada punto $(t_0, x_0) \in \Omega$, existe un entorno $U \subset \Omega$ tal que $(t_0, x_0) \in U$ y $f|_U \in Lip_x(\Omega, \mathbb{R}^n)$.

Habitualmente se denota por $C^{0,1-}(\Omega, \mathbb{R}^n)$ al conjunto de funciones continuas $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ que son localmente lipschitzianas respecto de x .

Ante cualquier pvi (1.4), el primer paso es determinar la existencia de las soluciones. Para ello, es suficiente pedir que f sea continua, como recoge el teorema siguiente.

Teorema 2.1 (Teorema de Peano). *Sean $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ abierto, $f \in C(\Omega, \mathbb{R}^n)$ y $(t_0, x_0) \in \Omega$. Entonces, existe $h > 0$ tal que el pvi (1.4) tiene al menos una solución definida en el intervalo $[t_0 - h, t_0 + h]$.*

Tras estudiar la existencia de las soluciones del pvi (1.4), lo siguiente es garantizar la unicidad, al menos, localmente. Para probarlo, se explica previamente la siguiente desigualdad, véase e.g. [2].

Lema 2.1 (Desigualdad de Gronwall). *Sean $t_0 < t_1$ y sean $u, v : [t_0, t_1] \subset \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ funciones continuas con $v(t)$ no negativa tales que*

$$u(t) \leq c + \int_{t_0}^t v(s)u(s) ds, \quad t \in [t_0, t_1], \quad (2.1)$$

para cierta constante c . Entonces,

$$u(t) \leq c \exp\left(\int_{t_0}^t v(s) ds\right), \quad t \in [t_0, t_1].$$

Demostración. Se define $U(t) = c + \int_{t_0}^t v(s)u(s)ds \in C^1([t_0, t_1])$ y, por hipótesis, $U(t)$ es diferenciable con $U'(t) = v(t)u(t)$. Entonces, multiplicando (2.1) por $v(t) \geq 0$, se tiene que $v(t)u(t) - v(t)U(t) \leq 0$, es decir, $U'(t) - v(t)U(t) \leq 0 \quad \forall t$. Luego,

$$\begin{aligned} e^{-\int_{t_0}^t v(s) ds} (U'(t) - v(t)U(t)) \leq 0 &\Rightarrow e^{-\int_{t_0}^t v(s) ds} U'(t) - v(t)e^{-\int_{t_0}^t v(s) ds} U(t) \leq 0 \\ &\Rightarrow \frac{d}{dt} \left(e^{-\int_{t_0}^t v(s) ds} U(t) \right) \leq 0. \end{aligned}$$

Integrando,

$$\int_{t_0}^t \frac{d}{ds} \left(e^{-\int_{t_0}^s v(r) dr} U(s) \right) ds = e^{-\int_{t_0}^t v(s) ds} U(t) - U(t_0) \leq 0.$$

Y se llega a que,

$$u(t) \leq U(t) \leq U(t_0) e^{\int_{t_0}^t v(s) ds} = c e^{\int_{t_0}^t v(s) ds}.$$

□

Conociendo el lema 2.1 se está en condiciones de probar el siguiente teorema sobre existencia y unicidad de las soluciones localmente que se estudia en [18].

Teorema 2.2 (Existencia y unicidad locales). *Sea $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ un subconjunto abierto y sea $f \in C^{0,1-}(\Omega, \mathbb{R}^n)$. Sea $(t_0, x_0) \in \Omega$. Entonces, existe un número $h > 0$ tal que el pvi (1.4) tiene una única solución definida en el intervalo $[t_0 - h, t_0 + h]$.*

Demostración. En primer lugar, se prueba la existencia de una solución para, a posteriori, comprobar que esa solución es única. Para la primera parte, se hace uso de la técnica de los iterantes de Picard.

Dados (t_0, \bar{x}_0) del pvi (1.4), se busca una solución local; luego se reduce el problema a un entorno de ese punto. Para ello, sean $a > 0$ y $b > 0$ tales que

$$C = \bar{B}(t_0, a) \times \bar{B}(\bar{x}_0, b) \subset \Omega,$$

donde

$$\begin{aligned} \bar{B}(t_0, a) &= \{t \in \mathbb{R} : |t - t_0| \leq a\} = [t_0 - a, t_0 + a] \\ \bar{B}(\bar{x}_0, b) &= \{\bar{x} \in \mathbb{R}^n : \|\bar{x} - \bar{x}_0\| \leq b\}. \end{aligned}$$

Como C es cerrado y acotado en un espacio de dimensión finita, C es compacto. Además, dado que f es continua en el compacto $C \subset \Omega$, está acotada; es decir, existe $M > 0$ tal que

$$M = \max_{(t, \bar{x}) \in \mathbb{R}} \|f(t, \bar{x})\| < \infty.$$

Se considera entonces

$$h = \min\left\{a, \frac{b}{M}\right\},$$

y se toma el entorno

$$C_0 = [t_0 - h, t_0 + h] \times \bar{B}(\bar{x}_0, b) \subset C \subset \Omega.$$

Se define el conjunto de funciones

$$\begin{aligned} S &= \{u \in C(\bar{B}(t_0, h), \mathbb{R}^n) : u(t_0) = \bar{x}_0, (t, u(t)) \in C_0\} \\ &= \{u \in C(\bar{B}(t_0, h), \mathbb{R}^n) : u(t_0) = \bar{x}_0, \|u(t) - \bar{x}_0\| \leq b\}. \end{aligned}$$

Suponiendo que $u \in S$, entonces la función definida por

$$v(t) = \bar{x}_0 + \int_{t_0}^t f(s, u(s)) ds, \quad t \in [t_0 - h, t_0 + h],$$

de nuevo es un elemento de S , dado el carácter de la integral, que v es continua en $\bar{B}(t_0, h)$ y que $v(t_0) = \bar{x}_0$. Además,

$$\|v(t) - x_0\| = \left\| \int_{t_0}^t f(s, u(s)) ds \right\| \leq \int_{t_0}^t \|f(s, u(s))\| ds \leq M|t - t_0| \leq Mh \leq b.$$

De esta forma, para $t \in [t_0 - h, t_0 + h]$ se tiene que $v(t) \in \bar{B}(\bar{x}_0, h)$, y, en consecuencia, $(t, v(t)) \in C_0$. Se considera ahora la función constante

$$u_0(t) = \bar{x}_0, \quad t \in [t_0 - h, t_0 + h],$$

de la que se sabe que $\bar{x}_0 \in S$. Por tanto, los iterantes de Picard

$$u_{j+1}(t) = \bar{x}_0 + \int_{t_0}^t f(s, u_j(s)) ds, \quad (2.2)$$

están bien definidos para $j \geq 0$ y todos ellos pertenecen a S . Vamos a ver que convergen uniformemente. Para ello, se demuestra por inducción que para cada $j \geq 1$,

$$\|u_{j+1}(t) - u_j(t)\| \leq \frac{L^j b}{j!} |t - t_0|^j.$$

A partir de que

$$\begin{aligned} \|u_2(t) - u_1(t)\| &\leq \int_{t_0}^t \|f(s, u_1(s)) - f(s, u_0(s))\| ds \\ &\leq L \int_{t_0}^t \|u_1(s) - u_0(s)\| ds \leq bL|t - t_0|, \end{aligned}$$

si $t \in [t_0 - h, t_0 + h]$, donde L es la constante de Lipschitz de f en el compacto C_0 y, además, se hace uso de que

$$\max_{|t-t_0| \leq h} \|u_1(t) - u_0(t)\| = \max_{|t-t_0| \leq h} \|u_1(t) - \bar{x}_0\| \leq b.$$

A partir de la prueba realizada por inducción se deduce que

$$\max_{|t-t_0| \leq h} \|u_{j+1}(t) - u_j(t)\| \leq \frac{(Lh)^j b}{j!}.$$

Sean $j, k \in \mathbb{N}$ con $j < k$, entonces si $|t - t_0| < h$,

$$\|u_k(t) - u_j(t)\| \leq \sum_{m=j}^{k-1} \|u_{m+1}(t) - u_m(t)\| \leq \sum_{m=j}^{k-1} \frac{(Lh)^m b}{m!} \leq \sum_{m=j}^{\infty} \frac{(Lh)^m b}{m!}.$$

La acotación anterior es válida para cualquier $t \in [t_0 - h, t_0 + h]$. Además, el último término de las desigualdades es el resto de la serie numérica convergente a be^{Lh} . Luego, para cada $\varepsilon > 0$, existe un $j_0 \in \mathbb{N}$ tal que

$$\sum_{m=j_0}^{\infty} \frac{(Lh)^m b}{m!} \leq \varepsilon,$$

y se deduce que $\{u_j\}_{j=0}^{\infty} \subset S$ es una sucesión de Cauchy para la norma del máximo y, por tanto, converge uniformemente hacia una función $u : [t_0 - h, t_0 + h] \rightarrow \mathbb{R}^n$ por el criterio de Cauchy uniforme [8]. Además, como u_j es continua para cada $j \geq 0$ y la convergencia es uniforme, en virtud del teorema del límite uniforme [8], u también será continua. En consecuencia, la convergencia también será puntual y, por tanto, $u(t_0) = \bar{x}_0$. Además, si $s \in [t_0 - h, t_0 + h]$, entonces

$$u(s) = \lim_{j \rightarrow \infty} u_j(s).$$

Dado que $u_j(s) \in \bar{B}(\bar{x}_0, b)$ para cualquier $j \geq 0$, deducimos que $u(s) \in \bar{B}(\bar{x}_0, b)$ por ser $\bar{B}(\bar{x}_0, b)$ un conjunto cerrado. Es decir, $u \in S$.

Puesto que $\{u_j\}_{j=0}^{\infty} \subset S$ y $u \in S$, deducimos que $\{(s, u_j(s))\}_{j=0}^{\infty} \subset C_0$ y $(s, u(s)) \in C_0$. Usando ahora que $f \in \text{Lip}_x(C_0; \mathbb{R}^n)$ con constante de Lipschitz L , tenemos que

$$\|f(s, u_j(s)) - f(s, u(s))\| \leq L\|u_j(s) - u(s)\|,$$

cuando $s \in [t_0 - h, t_0 + h]$. Es decir,

$$\max_{|t-t_0| < h} \{\|f(s, u_j(s)) - f(s, u(s))\|\} \leq L \max_{|t-t_0| < h} \{\|u_j(s) - u(s)\|\}. \quad (2.3)$$

De la convergencia uniforme de $\{u_j\}_{j=0}^{\infty}$ a u , deducimos que el término derecho de (2.3) puede hacerse arbitrariamente pequeño tomando el subíndice j suficientemente grande. Por tanto, deducimos que $\{f(s, u_j(s))\}_{j=0}^{\infty}$ converge uniformemente a $f(s, u(s))$ cuando $s \in [t_0 - h, t_0 + h]$.

Por tanto, podemos intercambiar límites por integrales en (2.2) y deducir que

$$u(t) = \bar{x}_0 + \int_{t_0}^t f(s, u(s)) ds,$$

es decir, que u es solución del pvi (1.4).

Así, queda probada la existencia de una solución local y falta por demostrar la unicidad de la solución. Esta unicidad se entiende en el sentido de que existe una única solución del pvi (1.4) que esté definida en el intervalo $[t_0 - h, t_0 + h]$. Veamos en primer lugar, que si y es solución del pvi (1.4) en $[t_0 - h, t_0 + h]$, debe estar en S . Para ello, basta comprobar que toma valores en $\bar{B}(\bar{x}_0; b)$, pues y debe ser continua y verificar la condición inicial $y(t_0) = \bar{x}_0$.

Razonando por reducción al absurdo, supongamos que existe $t' \in [t_0 - h, t_0 + h]$ tal que $\|y(t') - \bar{x}_0\| > b$. Supongamos que $t' \in (t_0, t_0 + h]$ sin pérdida de generalidad, pues el caso $t' \in [t_0 - h, t_0)$ es similar. De la continuidad de $y(t)$, deducimos la de $\|y(t) - \bar{x}_0\|$ y, por el teorema de Darboux, existe $t_1 \in (t_0, t_0 + h)$ tal que

$$\|y(t_1) - \bar{x}_0\| = b. \quad (2.4)$$

Podemos además suponer que

$$t_1 = \inf\{t \in (t_0, t_0 + h) : \|y(t) - \bar{x}_0\| = b\},$$

de manera que t_1 es el primero con esa propiedad. Por tanto, tendremos que

$$\|y(t) - \bar{x}_0\| < b, \quad t \in (t_0, t_1),$$

y, por ser $y(t)$ solución,

$$\|y(t_1) - \bar{x}_0\| = \left\| \int_{t_0}^{t_1} f(s, y(s)) ds \right\| \leq M(t_1 - t_0) < Mh \leq b,$$

lo cual está en contradicción con (2.4).

Supongamos entonces que x e $y \in S$ son dos soluciones de (1.4). Entonces los valores $(t, x(t)), (t, y(t)) \in C_0$ para $|t - t_0| \leq h$ y, por ser f lipschitziana respecto de x de constante L en este conjunto,

$$\begin{aligned} \|y(t) - x(t)\| &= \left\| \int_{t_0}^t (f(s, y(s)) - f(s, x(s))) ds \right\| \\ &\leq \left| \int_{t_0}^t \|f(s, y(s)) - f(s, x(s))\| ds \right| \\ &\leq \int_{t_0}^t L \|y(s) - x(s)\| ds. \end{aligned}$$

y se concluye el resultado aplicando la desigualdad de Gronwall. □

Corolario 2.1. *En las condiciones del teorema 2.2, si f es de clase C^1 en Ω , el pvi (1.4) tiene una única solución definida en el intervalo $[t_0 - h, t_0 + h]$.*

2.1. Significado de carácter de bien puesto de un problema. Existencia y unicidad.

Para comprobar esta consecuencia del teorema 2.2, basta ver que $f \in C^1(\Omega, \mathbb{R}^n)$ implica que la función es localmente lipschitziana como se recoge en [2].

A continuación se plantea un problema interesante por las implicaciones que tiene para la resolución de EDOs lineales.

Ejemplo 2.1. Sea $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$. Veamos que las aproximaciones sucesivas utilizadas en la demostración del teorema 2.2 para el problema de valor inicial

$$\begin{aligned}x' &= Ax, \\x(0) &= x_0,\end{aligned}\tag{2.5}$$

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

Sea $f(x) = Ax$. Igual que se hizo en el teorema 2.2, se define

$$u_0(t) = x_0,$$

y se consideran los iterantes de Picard

$$u_{j+1}(t) = x_0 + \int_0^t f(s, u_j(s)) ds = x_0 + \int_0^t Au_j(s) ds.$$

De esta forma, se tiene que

$$\begin{aligned}u_1(t) &= x_0 + \int_0^t Au_0(s) ds = x_0 + A \int_0^t x_0 ds = x_0(1 + At), \\u_2(t) &= x_0 + \int_0^t Au_1(s) ds = x_0 + A \int_0^t x_0(1 + As) ds = x_0 \left(1 + At + \frac{(At)^2}{2}\right),\end{aligned}$$

y, por inducción sobre u_n se prueba que

$$u_n(t) = x_0 \sum_{j=0}^n \frac{(At)^j}{j!}.\tag{2.6}$$

Ya se ha visto que es cierto para $n = 1$ y $n = 2$. Lo suponemos cierto para n y vamos a comprobarlo para $n + 1$:

$$\begin{aligned}u_{n+1}(t) &= x_0 + \int_0^t u_n(s) ds = x_0 + A \int_0^t x_0 \sum_{j=0}^n \frac{(As)^j}{j!} ds = x_0 \left(1 + \sum_{j=0}^n A^{j+1} \int_0^t \frac{s^j}{j!} ds\right) = \\&= x_0 \left(1 + \sum_{j=0}^n \frac{(At)^{j+1}}{(j+1)!}\right) = x_0 \left(1 + \sum_{j=1}^{n+1} \frac{(At)^j}{j!}\right) = x_0 \sum_{j=0}^{n+1} \frac{(At)^j}{j!}.\end{aligned}$$

Queda ver que los iterantes de Picard $u_j(t)$ convergen a $x(t) = e^{At}x_0$. Para ello, se toman límites en (2.6):

$$\lim_{n \rightarrow \infty} u_n(t) = \lim_{j \rightarrow \infty} x_0 \sum_{j=0}^n \frac{(At)^j}{j!} = x_0 \sum_{j=0}^{\infty} \frac{(At)^j}{j!} = x_0 e^{At}.$$

En este ejemplo se ha visto la solución a un problema de valor inicial con EDO lineal donde el dato inicial se da para $t_0 = 0$. No obstante, también es válido para otro t_0 . En ese caso, en (2.6) el factor t^j pasa a ser $(t - t_0)^j$ y al tomar límites, la serie converge a $x(t) = e^{A(t-t_0)}x_0$.

Además, para la ecuación $x(t) = e^{At}x_0$ se puede considerar que e^{At} describe el movimiento de los puntos x_0 a lo largo de las trayectorias de (2.5). Esto da lugar al concepto de flujo:

Definición 2.2 (Flujo de un sistema lineal). Sea $\phi : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ la aplicación dada por $\phi(t, x) = e^{tA}x$. Para cada $t \in \mathbb{R}$, se define el flujo ϕ_t de la ecuación diferencial (2.5) a la aplicación $\phi_t(x) = \phi(t, x)$. Además, si los autovalores de la matriz A tienen todos parte real no nula, se dice que el flujo y el sistema lineal son hiperbólicos.

Así, a partir del teorema 2.2 se tienen unas condiciones para poder asegurar la existencia y unicidad de un pvi, al menos, localmente. Un inconveniente de los resultados locales es que las soluciones no estarán definidas en intervalos maximales. Esto nos lleva a conocer qué es una prolongación y una solución maximal matemáticamente.

Definición 2.3 (Prolongación). Sean J_x y J_y dos intervalos tales que $J_x \subsetneq J_y$. Sean $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$, $f \in C(\Omega, \mathbb{R}^n)$, y dos soluciones de la ecuación diferencial (1.1), $x : J_x \rightarrow \mathbb{R}^n$ e $y : J_y \rightarrow \mathbb{R}^n$. Se dice que y es una prolongación de x si $x(t) = y(t)$ para todo $t \in J_x$.

Definición 2.4 (Solución maximal). Una solución $x : J_x \rightarrow \mathbb{R}^n$ de la ecuación diferencial (1.1) es maximal si no existe ninguna otra solución que sea prolongación suya.

A partir de las definiciones 2.3 y 2.4 el objetivo es conocer cuánto se puede extender una solución local, que se sabe única, conservando el carácter de unicidad; es decir, encontrar una solución maximal única.

Teorema 2.3 (Existencia de solución maximal). Sean $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ abierto, $(t_0, x_0) \in \Omega$ y f localmente lipschitziana, entonces existe una única solución maximal $x : J \rightarrow \mathbb{R}^n$ del pvi (1.4) siendo abierto el intervalo de definición J .

En [2] se da una demostración de este resultado.

El tercer requisito establecido por Hadamard [12] para que el pvi (1.4) esté bien definido, es garantizar la dependencia continua tanto respecto de los valores iniciales como de los parámetros. Las condiciones vienen descritas en los siguientes resultados. Además, en la referencia [18] se demuestra el teorema 2.4, y el teorema 2.5 se prueba cambiando en la demostración x de \mathbb{R}^n por $(x, \mu) \in \mathbb{R}^{n+m}$, o directamente mediante la desigualdad de Gronwall (lema 2.1) y el método de los iterantes de Picard como en el teorema 2.2.

Teorema 2.4 (Dependencia respecto a condiciones iniciales). Sean $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ abierto, $(t_0, x_0) \in \Omega$ y f localmente lipschitziana en Ω respecto de x , entonces existen $h, \delta > 0$ tales que, para todo $y_0 \in B(x_0, \delta)$, el pvi

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(t, x), \\ x(t_0) = y_0, \end{cases}$$

tiene una única solución $\tilde{x} \in C^1([t_0 - h, t_0 + h], \mathbb{R}^n)$.

Teorema 2.5 (Dependencia respecto a parámetros). Sean $\Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^{n+m}$ abierto, $(t_0, x_0, \mu_0) \in \Omega$, donde $x_0 \in \mathbb{R}^n$ y $\mu_0 \in \mathbb{R}^m$, y f localmente lipschitziana en Ω respecto de x , entonces existen $h, \delta > 0$ tales que, para todo $y_0 \in B(\mu_0, \delta)$ y $\mu \in B(x_0, \delta)$, el pvi

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(t, x, \mu), \\ x(t_0) = y_0, \end{cases}$$

tiene una única solución $\tilde{x} \in C^1([t_0 - h, t_0 + h], \mathbb{R}^n)$.

2.2 Puntos de equilibrio y estabilidad.

El objetivo final del trabajo es poder interpretar modelos biológicos basados en ecuaciones diferenciales ordinarias. Desde el punto de vista del modelo, los equilibrios juegan un papel muy importante, pues identifican estados estacionarios del sistema que pueden tener interés en su dinámica; por esta razón, para examinar el comportamiento de un sistema se estudia la estabilidad en torno a los puntos de equilibrio.

2.2.1 Definiciones.

A partir de ahora, y salvo que se diga lo contrario, la EDO (1.1) se considera autónoma; es decir, la variable independiente t no aparece de manera explícita en la ecuación. Matemáticamente, si el sistema es representado por la EDO (1.1), los equilibrios vienen identificados por los ceros de f . Como f representa la tasa de cambio de x en el sistema biológico de estudio, si toma valores nulos, indicará que x no se ve alterado y se mantiene constante con el paso del tiempo. Lo que da lugar a la siguiente definición:

Definición 2.5. En (1.1), los puntos x donde f se anula, se denominan puntos de equilibrio o singulares.

Continuando con la definición 2.5, nótese que los puntos donde f se anula corresponden a soluciones constantes. Como ya se ha mencionado, en el estudio de los modelos cobran especial importancia las trayectorias que describen configuraciones estacionarias (en particular, puntos de equilibrio), estados en los que el sistema no cambia con el tiempo, pues representan un balance entre especies para las poblaciones, o estados permanentes en una reacción química, como ilustra el siguiente modelo.

Modelo 2.1 (Ecuación logística). *Parte de los estudios biológicos se centra en la evolución poblacional de las especies, para lo que se construyen modelos matemáticos.*

En algunas observaciones experimentales, el crecimiento de las poblaciones en sus etapas iniciales es proporcional (con cierta proporción r) al número de individuos $x(t)$. Si la población continúa creciendo, se puede superar la capacidad de carga $K > 0$ del entorno; es decir, la población que el ecosistema puede sostener debido a recursos limitados. Estas propiedades se aglutinan en la ecuación del modelo logístico.

$$\frac{dx}{dt} = rx \left(1 - \frac{x}{K}\right), \quad r > 0. \quad (2.7)$$

En la ecuación (2.7), $f(x) = rx \left(1 - \frac{x}{K}\right)$ se anula en $x = 0$ y $x = K$. El 0 será un punto de equilibrio habitual en estos modelos, pues si la población es nula, la especie permanecerá extinta el resto del tiempo. Por otra parte, la cantidad de población x tiende a adaptarse para consumir los recursos disponibles en el ecosistema. En la figura 2.1 se representan las soluciones de (2.7), en particular, las dos soluciones constantes en $x = 0$ y $x = K$.

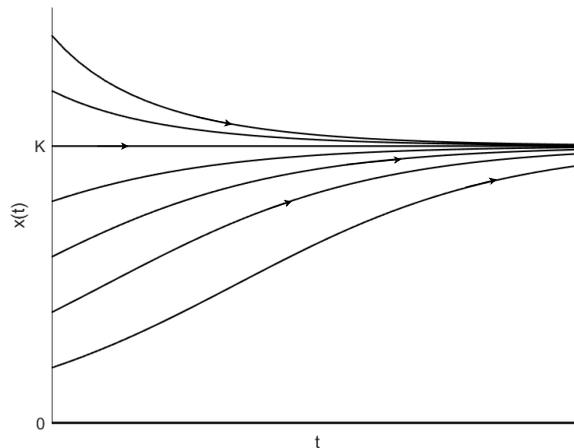


Figura 2.1: Representación trayectorias del modelo logístico.

En el estudio de la dinámica del modelo, surge el concepto de estabilidad para analizar el comportamiento de las trayectorias cercanas a una dada.

Definición 2.6. *Sea $y(t)$ solución de (1.1). Se dice que $y(t)$ es estable si para cada $\epsilon > 0$, existe $\delta > 0$ tal que si $x(t)$ es solución de (1.1) con $\|x(0) - y(0)\| < \delta$, se tiene que $\|x(t) - y(t)\| < \epsilon \quad \forall t \geq 0$. En otro caso, se dice que $y(t)$ es inestable.*

Por otra parte, se dice que la solución $y(t)$ es atractora si existe $\mu > 0$ tal que para cada solución $x(t)$ con $\|x(0) - y(0)\| < \mu$ se tiene que $\|x(t) - y(t)\| \xrightarrow{t \rightarrow \infty} 0$. Si este límite se da para $t \rightarrow -\infty$, se dice que $y(t)$ es repulsora. Además, la solución $y(t)$ es asintóticamente estable si es estable y atractora.

Aunque un sistema puede tener una dinámica compleja en todo el espacio de estados, los puntos de equilibrio actúan como puntos críticos que organizan el comportamiento local del sistema. Clasificarlos proporciona una descripción del sistema sin necesidad de resolver la EDO que lo caracteriza. Por este motivo, la estabilidad en sistemas dinámicos se centra en los puntos de equilibrio.

Definición 2.7. Sea \bar{x} un punto de equilibrio de (1.1), se dice que es \bar{x} es estable si para cada $\varepsilon > 0$, existe $\delta > 0$ tal que para cada solución $x(t)$ de (1.1) que cumple $\|x(0) - \bar{x}\| < \delta$, se tiene que $\|x(t) - \bar{x}\| < \varepsilon \quad \forall t \geq 0$. En otro caso, se dice que \bar{x} es inestable.

Además, el punto de equilibrio \bar{x} es asintóticamente estable si es estable y atractor. Para que sea atractor, tiene que existir $\mu > 0$ tal que si $\|x(0) - \bar{x}\| < \mu$, entonces $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = \bar{x}$. Si este límite se da cuando $t \rightarrow -\infty$, diremos que \bar{x} es repulsor.

Siguiendo con el modelo 2.1, en la figura 2.1 se ilustra la idea de estabilidad. Frente al equilibrio $x = K$, que es estable, dado que las trayectorias cercanas tienden a aproximarse al mismo, se presenta el equilibrio inestable $x = 0$, para el que todas las trayectorias inicialmente cercanas se alejan de este punto. De hecho, el equilibrio $x = K$ es atractor, y en consecuencia, asintóticamente estable; mientras que la trayectoria $x = 0$ es repulsora o asintóticamente inestable.

2.2.2 Estabilidad para sistemas lineales.

En esta sección se analiza cómo estudiar la dinámica de sistemas lineales. Estos son de especial relevancia, ya que, como se verá en posteriores secciones, la dinámica para un sistema general se puede estudiar, bajo ciertas condiciones, reduciendo el sistema a uno lineal. En particular, el sistema reducido que se analizará en estos casos es un sistema lineal, autónomo, homogéneo y de coeficientes constantes.

Se dice que un sistema de EDOs es lineal cuando en (1.1) f es una aplicación lineal en x . Asimismo, (1.1) para un sistema de EDOs lineal, autónomo, homogéneo y de coeficientes constantes tiene la forma general

$$x' = Ax, \quad A \in \mathbb{R}^{n \times n}, \quad (2.8)$$

donde supondremos desde aquí que la matriz A es regular.

A partir de la definición 2.7 de estabilidad se puede estudiar la dinámica de un sistema lineal como el (2.8). En primer lugar, si \bar{x} es un punto de equilibrio, cumple que $A\bar{x} = 0$. Luego, como A es una matriz regular, el único punto de equilibrio de este tipo de sistemas se presenta en $\bar{x} = 0$. La estabilidad del mismo se puede caracterizar a partir del siguiente teorema.

Teorema 2.6. El sistema (2.8) presenta en $\bar{x} = 0$ un equilibrio estable si, y solo si, todas las soluciones del mismo están acotadas.

Demostración. Veamos que si $\bar{x} = 0$ es estable, entonces todas las soluciones están acotadas. Supongamos que $\bar{x} = 0$ es estable, entonces se tiene que para todo $\varepsilon > 0$ existe

$\delta > 0$ tal que, para cualquier condición inicial $x(0)$ con $\|x(0)\| < \delta$, se cumple que

$$\|x(t)\| = \|e^{At}x(0)\| < \varepsilon, \quad \forall t \geq 0.$$

Para cada solución $x(t)$ de (2.8), sea $x(0) \neq 0$ su condición inicial. Se define $y(0) = \frac{\delta}{2\|x(0)\|} x(0)$. Luego, $\|y\| = \delta/2 < \delta$, y por hipótesis se tiene que $\|y(t)\| < \varepsilon$. Por otra parte,

$$\|y(t)\| = \|e^{At}y(0)\| = \left\| e^{At} \frac{\delta}{2\|x(0)\|} x(0) \right\| = \|e^{At}x(0)\| \frac{\delta}{2\|x(0)\|} = \|x(t)\| \frac{\delta}{2\|x(0)\|},$$

y se concluye que $\|x(t)\| < \varepsilon \frac{2\|x(0)\|}{\delta}$. Por tanto, toda solución $x(t)$ de (2.8) está acotada. Queda ver el recíproco; es decir, si todas las soluciones están acotadas, entonces $\bar{x} = 0$ es estable. Puesto que todas las soluciones son acotadas, existe una constante $K > 0$ tal que para todo $x(0)$ y para todo $t \geq 0$ se tiene que $\|e^{At}x(0)\| \leq K\|x(0)\|$. Dado $\varepsilon > 0$, definamos $\delta = \frac{\varepsilon}{K}$. Si $\|x(0)\| < \delta$, entonces

$$\|x(t) - \bar{x}\| = \|x(t)\| = \|e^{At}x_0\| \leq K\|x_0\| < \varepsilon, \quad \forall t \geq 0.$$

En consecuencia, el equilibrio $\bar{x} = 0$ es estable. □

En un sistema lineal como (2.8) se definen los siguientes subespacios relacionados con los autovalores de la matriz A :

Definición 2.8 (Autoespacio generalizado). *Sea $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$. Si el polinomio característico de A tiene la forma*

$$p_A(\lambda) = \det(\lambda I - A) = (\lambda - \lambda_1)^{n_1} \dots (\lambda - \lambda_k)^{n_k},$$

donde $n = n_1 + \dots + n_k$, se denomina autoespacio generalizado correspondiente a λ_j al espacio $E_j = \ker((A - \lambda_j I)^{n_j})$, siendo $E_j \subset \mathbb{R}^n$ si $\lambda_j \in \mathbb{R}$ o $E_j \subset \mathbb{C}^n$ si $\lambda_j \in \mathbb{C}$.

Por otra parte, a partir del resultado del teorema 2.6 podemos deducir la estabilidad de un punto de equilibrio usando los autovalores de la matriz. Esto se debe a que, según el espectro de la matriz, la solución estará o no acotada, lo que permitirá conocer el carácter del sistema en el punto de equilibrio. Con este propósito, se introduce el concepto de modo propio.

Definición 2.9. *Se denomina modo propio o modo normal asociado al sistema (2.8) a toda solución de (2.8) con dato inicial dado por un autovector generalizado de A .*

Dado que todo dato inicial puede escribirse como combinación lineal de una base de autovectores generalizados de A , entonces toda solución de (2.8) será combinación de modos propios. Además, a partir de esta definición, el teorema 2.6 se reduce a comprobar la acotación de los modos propios. Esto se traduce en el siguiente enunciado, donde $\sigma(A)$ denota el espectro de A :

Corolario 2.2. *Sea $\bar{x} = 0$ el equilibrio de (2.8). Entonces, \bar{x} será estable si $Re\lambda \leq 0 \ \forall \lambda \in \sigma(A)$, donde si $Re\lambda = 0$, entonces λ tiene igual multiplicidad algebraica y geométrica. En otro caso, \bar{x} es inestable. Además, si $Re\lambda < 0$ para todo autovalor λ de A , entonces \bar{x} es atractor, y si $Re\lambda > 0$ para todo autovalor λ de A , entonces \bar{x} es repulsor.*

A partir de la definición 2.8 de autoespacio generalizado y del corolario 2.2, surge la de los siguientes subespacios:

Definición 2.10 (Subespacios estable, inestable y centro). *Sean $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ y para $1 \leq j \leq k$, λ_j los distintos autovalores de A . Denotando por E_j al autoespacio generalizado asociado a λ_j , se definen*

$$\begin{aligned} E^e &= \cup_{j: Re\lambda_j < 0} E_j, \\ E^c &= \cup_{j: Re\lambda_j = 0} E_j, \\ E^i &= \cup_{j: Re\lambda_j > 0} E_j, \end{aligned}$$

los espacios estable, centro e inestable, respectivamente.

De la definición 2.2, y teniendo en cuenta la definición 2.10, se tiene que un flujo será hiperbólico si el espacio centro es $E^c = \{0\}$. Adicionalmente, se puede expresar el corolario 2.2 en términos de los espacios aquí definidos:

- Si $E^i = \{0\}$ y los autovalores del espacio centro tienen misma multiplicidad algebraica y geométrica, entonces el equilibrio \bar{x} es estable. En caso contrario, el equilibrio es inestable.
- Si $E^i = E^c = \{0\}$, entonces el equilibrio es atractor.
- Si $E^e = E^c = \{0\}$, entonces el equilibrio es repulsor.

2.2.3 Estabilidad para sistemas no lineales.

En la definición 2.2 se trató el concepto de flujo para un sistema lineal. A continuación, se amplía esta definición para sistemas no lineales de la forma (1.1).

Definición 2.11 (Flujo de sistemas no lineales). *Sean E un abierto de \mathbb{R}^n y $f \in C^1(E)$. Para $x_0 \in E$, sea $\phi(t, x_0)$ la solución del pvi (1.4) definido en su intervalo maximal I_{x_0} . Entonces, para cada $t \in I_{x_0}$, se define el flujo $t \rightarrow \phi_t$ de la ecuación diferencial (1.1) como $\phi_t(x_0) = \phi(t, x_0)$.*

Linealización

Para sistemas más complejos, la tasa de cambio de una cantidad no varía linealmente respecto de otra, y, en consecuencia, (1.1) no es lineal. Tras determinar los puntos de equilibrio, el análisis se centra en el comportamiento en torno a los mismos, puesto que organizan la dinámica local del sistema. El método de linealización trata de mostrar la

dinámica local de (1.1) en torno a los puntos de equilibrio \bar{x} a partir del comportamiento del sistema lineal (2.8) donde $A = Df(\bar{x})$. No obstante, para que la teoría de linealización se pueda llevar a cabo, los puntos de equilibrio han de ser hiperbólicos:

Definición 2.12 (Punto de equilibrio hiperbólico). *Se dice que $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$ es un punto de equilibrio hiperbólico si ningún valor propio de la matriz $Df(\bar{x})$ tiene parte real igual a cero; es decir, el flujo del linealizado es hiperbólico. En caso contrario, se dirá que el punto de equilibrio es no hiperbólico. Por otra parte, el sistema (2.8) con $A = Df(\bar{x})$ se dice que es el linealizado de (1.1) en \bar{x} .*

Cabe destacar la relación entre los subespacios de la definición 2.10 con la noción de equilibrio hiperbólico. En particular, de la definición 2.12 se deduce que un equilibrio x_0 será hiperbólico si el subespacio centro de $Df(x_0)$ es el vector nulo $\{0\}$.

La linealización parte de la idea de que para el sistema (1.1), cerca de un punto \bar{x} se puede aproximar la función f por el hiperplano tangente en ese punto; es decir,

$$f(x) \approx f(\bar{x}) + Df(\bar{x})(x - \bar{x}).$$

Además, si \bar{x} es un equilibrio,

$$f(x) \approx Df(\bar{x})(x - \bar{x}).$$

Por tanto, el sistema $x' = f(x)$ se aproxima cerca de \bar{x} por

$$x' = Df(\bar{x})(x - \bar{x}). \quad (2.9)$$

Si en (2.9) se aplica el cambio de variable $y = x - \bar{x}$, entonces se tiene el sistema

$$y' = Df(\bar{x})y. \quad (2.10)$$

En consecuencia, el sistema (1.1) cerca de \bar{x} , se puede aproximar por el sistema (2.10) en torno al equilibrio $\bar{y} = 0$. Luego, la linealización estudia si es posible explicar el comportamiento del sistema (1.1) cerca del equilibrio \bar{x} , a partir del comportamiento del linealizado (2.10) en torno al punto $\bar{y} = 0$.

Definición 2.13. *Un punto de equilibrio \bar{x} de (1.1) se dice que es un pozo o sumidero si todos los autovalores de $Df(\bar{x})$ tienen parte real negativa. En caso de que todos los autovalores de $Df(\bar{x})$ tengan parte real positiva, se dice que el punto de equilibrio \bar{x} es una fuente. Por otra parte, si hay autovalores de $Df(\bar{x})$ con partes reales tanto positivas como negativas, el punto de equilibrio \bar{x} se denomina punto de silla.*

2.2.4 Teorema de la variedad estable

En esta sección se pasa a probar el teorema de la variedad estable. Este teorema, junto con el de Hartman-Grobman, permitirá estudiar la dinámica local de los sistemas no lineales en torno a los puntos de equilibrio hiperbólicos, a partir del sistema linealizado

en torno a ese mismo punto de equilibrio. A continuación se introducen previamente los conceptos de homeomorfismo, difeomorfismo y de variedad diferenciable [20], necesarios para el desarrollo de esta sección.

Definición 2.14 (Homeomorfismo y difeomorfismo). Sean U y V dos abiertos y $f : U \rightarrow V$ una aplicación entre ellos, se dice que f es un homeomorfismo entre U y V si es biyectiva, continua y de inversa continua. Además, si f es diferenciable con f^{-1} diferenciable, se denomina difeomorfismo.

Definición 2.15 (Variedad diferenciable). Un subconjunto M de \mathbb{R}^n se denomina variedad k -dimensional si para cada $x \in M$ se cumple que existe un conjunto abierto U que contiene a x , un abierto V en \mathbb{R}^n , y un difeomorfismo $h : U \rightarrow V$ tal que

$$h(U \cap M) = V \cap (\mathbb{R}^k \times \{0\}^{n-k}) = \{x = (x_1, \dots, x_n) \in V : x_{k+1} = \dots = x_n = 0\}.$$

En el siguiente teorema se da una caracterización alternativa para el concepto de variedad diferenciable, de utilidad en lo que sigue, [20].

Teorema 2.7. Un subconjunto M de \mathbb{R}^n es una variedad k -dimensional si y solo si para cada punto $x \in M$ existe un abierto U que contiene a x , y un abierto W en \mathbb{R}^n , y una función inyectiva y diferenciable $f : W \rightarrow \mathbb{R}^n$ tal que:

- $f(W) = M \cap U$,
- $f'(y)$ tiene rango k para cada $y \in W$.

Una vez se han establecido los conceptos que intervienen en el teorema de la variedad estable, se presenta un resultado previo que se utilizará en la demostración del mismo teorema. Este lema previo trata de acotar el crecimiento de la exponencial de una matriz en base a sus autovalores, siempre que estos tengan todos el mismo signo.

Lema 2.2. Sea $\|\cdot\|$ una norma matricial derivada de una vectorial. Para $A \in \mathbb{R}^n$, se tiene que:

1. Si $Re\lambda < 0 \quad \forall \lambda \in \sigma(A)$, existen $K, \sigma > 0$ tales que $\|e^{At}\| \leq Ke^{-\sigma t}$ para $t \geq 0$.
2. Si $Re\lambda > 0 \quad \forall \lambda \in \sigma(A)$, existen $K, \sigma > 0$ tales que $\|e^{At}\| \leq Ke^{\sigma t}$ para $t \leq 0$.

Demostración. Sea $A \in \mathbb{R}^n$. Basta probar el apartado 1, puesto que si este es cierto, el apartado 2 se obtiene cambiando t por $-t$.

Luego, supongamos que $Re(\lambda) < 0$ para todo $\lambda \in \sigma(A)$. Entonces, existe $\sigma > 0$ tal que

$$Re(\lambda) \leq -\sigma < 0, \quad \forall \lambda \in \sigma(A).$$

Por otra parte, sea B la forma canónica de Jordan de la matriz A . Entonces existe una matriz P invertible tal que $A = PBP^{-1}$. De esta forma, se tiene que $e^{At} = Pe^{Bt}P^{-1}$ y que $\|e^{Bt}\| \leq e^{-\sigma t}$. Luego, tomando $K = \|C\| \cdot \|C^{-1}\|$ se concluye que

$$\|e^{At}\| \leq \|C\| \cdot \|e^{Bt}\| \cdot \|C^{-1}\| \leq Ke^{-\sigma t},$$

lo que termina la prueba. \square

Tras introducir este lema se está en disposición de presentar el teorema de la variedad estable. Este resultado indica que cerca de un punto de equilibrio hiperbólico \bar{x} , el sistema no lineal (1.1) tiene variedades estable e inestable tangentes en \bar{x} a los espacios estable e inestable del sistema linealizado (2.8) donde $A = Df(\bar{x})$.

Teorema 2.8 (Teorema de la variedad estable). *Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene al origen. Sean $f \in C^1(E)$ y ϕ_t el flujo de un sistema no lineal dado por (1.1). Suponiendo que $f(\bar{x}) = 0$, y que $Df(\bar{x})$ tiene k autovalores con parte real negativa y $n - k$ autovalores con parte real positiva, entonces existen:*

- Una variedad S diferenciable k -dimensional, tangente en el origen al subespacio estable E^c del sistema lineal asociado $x' = Df(\bar{x})x$, tal que para todo $t > 0$, se cumple que $\phi_t(S) \subset S$ y para todo $x_0 \in S$,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \phi_t(x_0) = \bar{x}.$$

- Una variedad U diferenciable de dimensión $n - k$, tangente en el origen al subespacio inestable E^i de $Df(\bar{x})$, tal que para todo $t < 0$, se cumple que $\phi_t(U) \subset U$ y para todo $x_0 \in U$,

$$\lim_{t \rightarrow -\infty} \phi_t(x_0) = \bar{x}.$$

La demostración que se presenta para este teorema se basa en la de [1]. Existen demostraciones alternativas como la que se da en [19] a partir del teorema de la aplicación contractiva.

Demostración. Vamos a realizar la demostración a través de una serie de pasos:

Paso 1 Se supone para simplificar que $\bar{x} = 0$, sin pérdida de generalidad. Como $f \in C^1(E)$ y $f(0) = 0$, podemos reescribir la EDO $x' = f(x)$ como

$$x' = Ax + F(x), \tag{2.11}$$

donde $A = Df(0)$ y $F(x) = f(x) - Ax \in C^1(E)$. Nótese que $F(0) = 0$ y $DF(0) = 0$. Entonces, por el teorema del valor medio, para todo $\varepsilon > 0$ existe $\delta > 0$ tal que si $x, y \in B(0, \delta)$,

$$\|F(x) - F(y)\| < \varepsilon \|x - y\|. \tag{2.12}$$

Por otra parte, sea B una forma canónica de Jordan de la matriz B , entonces existe una matriz $C \in \mathbb{R}^{n \times n}$ invertible tal que

$$B = C^{-1}AC = \begin{bmatrix} P & 0 \\ 0 & Q \end{bmatrix}, \tag{2.13}$$

donde P es una submatriz de $\mathbb{R}^{k \times k}$ que contiene los bloques de Jordan correspondientes a los autovalores con parte real negativa; mientras que $Q \in \mathbb{R}^{(n-k) \times (n-k)}$ contiene los bloques correspondientes a los autovalores con parte real positiva. Además, existe una constante $\alpha > 0$ tal que

$$\operatorname{Re}(\lambda_j) < -\alpha < 0, \quad j = 1, \dots, k. \quad (2.14)$$

Si definimos $y = C^{-1}x$, el sistema (2.11) se expresa de la siguiente forma:

$$y' = By + G(y), \quad (2.15)$$

donde $G(y) = C^{-1}F(Cy) \in C^1(\bar{E})$ con $\bar{E} = C^{-1}(E)$ y G es localmente lipschitziana. Esto se debe a que G es composición de aplicaciones lineales (y por tanto de clase C^∞) y $F \in C^1(E)$, luego $G \in C^1(\bar{E})$. Además, como $G \in C^1$, entonces es localmente lipschitziana. Ahora probaremos que existen $n - k$ funciones diferenciables $\psi_j(y_1, \dots, y_k)$ tales que las ecuaciones

$$y_j = \psi_j(y_1, \dots, y_k), \quad j = k + 1, \dots, n,$$

definen una variedad diferenciable k -dimensional \bar{S} para $|y_j|$ pequeño, $j \leq k$. La variedad S se obtiene con el cambio $x = Cy$.

Paso 2 Para el sistema (2.15), se considera

$$U(t) = \begin{bmatrix} e^{Pt} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad y \quad V(t) = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & e^{Qt} \end{bmatrix}.$$

Luego, $U' = BU$, $V' = BV$ y $e^{Bt} = U(t) + V(t)$. Junto con el α elegido en (2.14), se toman $K > 0$ y $\sigma > 0$ siguiendo el resultado del lema 2.2 tales que

$$\begin{aligned} \|U(t)\| &\leq Ke^{-(\alpha+\sigma)t} \quad \forall t \geq 0, \\ \|V(t)\| &\leq Ke^{\sigma t} \quad \forall t \leq 0. \end{aligned} \quad (2.16)$$

Se considera la ecuación integral, para $a \in \mathbb{R}^n$,

$$u(t, a) = U(t)a + \int_0^t U(t-s)G(u(s, a)) ds - \int_t^\infty V(t-s)G(u(s, a)) ds. \quad (2.17)$$

Observemos primero que si u es una solución continua de (2.17), cada término del lado derecho es derivable; entonces u es derivable y se tiene que

$$\begin{aligned} u'(t, a) &= BU(t) + U(0)G(u(t, a)) + B \int_0^t U(t-s)G(u(s, a)) ds \\ &\quad + V(0)G(u(t, a)) - B \int_t^\infty V(t-s)G(u(t, a)) ds \\ &= Bu(t, a) + G(u(t, a)), \end{aligned}$$

por lo que $u(t, a)$ es solución de (2.15). Vamos a resolver (2.17) por iteración de punto fijo. Sean

$$u_0(t, a) = 0,$$

$$u_{j+1}(t, a) = U(t)a + \int_0^t U(t-s)G(u_j(s, a))ds - \int_t^\infty V(t-s)G(u_j(s, a))ds, \quad j = 0, 1, \dots \quad (2.18)$$

Tomamos $\varepsilon < \frac{\sigma}{4K}$ y δ verificando (2.12) para $x, y \in B(0, \delta)$, así como $a \in \mathbb{R}^n$ tal que $\|a\| < \frac{\delta}{2K}$. Queremos ver, por inducción, que

$$\|u_j(t, a) - u_{j-1}(t, a)\| \leq \frac{K\|a\|e^{-\alpha t}}{2^{j-1}}, \quad t \geq 0, j \geq 1. \quad (2.19)$$

Esto se cumple para $j = 1$. Se supone cierto para m , y se prueba para $m + 1$, utilizando que G es localmente lipschitziana y las acotaciones de (2.16) para $\|U(t)\|$ y $\|V(t)\|$. Así, para $t \geq 0$ se tiene que

$$\begin{aligned} \|u_{m+1}(t, a) - u_m(t, a)\| &\leq \int_0^t \varepsilon \|U(t-s)\| \|u_m(s, a) - u_{m-1}(s, a)\| ds \\ &\quad + \int_t^\infty \varepsilon \|V(t-s)\| \|u_m(s, a) - u_{m-1}(s, a)\| ds \\ &\leq \varepsilon \int_0^t K e^{-(\alpha+\sigma)(t-s)} \frac{K\|a\|e^{-\alpha s}}{2^{m-1}} ds + \varepsilon \int_0^\infty K e^{\sigma(t-s)} \frac{K\|a\|e^{-\alpha s}}{2^{m-1}} ds \\ &\leq \varepsilon \frac{K^2\|a\|e^{-\alpha t}}{\sigma 2^{m-1}} + \varepsilon \frac{K^2\|a\|e^{-\alpha t}}{\sigma 2^{m-1}} < \frac{K\|a\|e^{-\alpha t}}{2^m}. \end{aligned} \quad (2.20)$$

Luego, queda probado (2.19) para $t \geq 0$, y para $n > m > N$ con $t \geq 0$ se tiene entonces que

$$\|u_n(t, a) - u_m(t, a)\| \leq \sum_{j=N}^\infty \|u_{j+1}(t, a) - u_j(t, a)\| \leq K\|a\| \sum_{j=N}^\infty \frac{e^{-\alpha t}}{2^j} = \frac{K\|a\|}{2^{N-1}} e^{-\alpha t}. \quad (2.21)$$

Tomando el límite $N \rightarrow \infty$, vemos cómo el último término de la desigualdad tiende a 0. Con esto se llega a que $\{u_j(t, a)\}$ es una sucesión de Cauchy de funciones continuas para la norma infinito. Por tanto, converge uniformemente hacia una función $u(t, a)$ en $t \geq 0$ con $\|a\| < \frac{\delta}{2K}$. En consecuencia, tomando límites en (2.18), y puesto que la convergencia es uniforme, $u(t, a)$ es solución continua de (2.17), y por tanto, como hemos visto, derivable y solución de la EDO (2.15).

Por otra parte, de la inducción (2.18) y como $G \in C^1(\bar{E})$, se tiene que las funciones $u_j(t, a)$ son diferenciables respecto de a para $t \geq 0$ y $\|a\| < \frac{\delta}{2K}$. Además, como la convergencia hacia u es uniforme, $u(t, a)$ es también diferenciable respecto de a para $t \geq 0$ y $\|a\| < \frac{\delta}{2K}$ y de (2.21) se sigue que

$$\|u(t, a)\| \leq 2K\|a\|e^{-\alpha t}, \quad t \geq 0, \|a\| < \frac{\delta}{2K}. \quad (2.22)$$

Paso 3 Fijándose en la iteración de punto fijo (2.18), se observa que las últimas $n - k$ componentes del vector a no tienen relevancia en el cálculo y se pueden tomar como cero, puesto que la proyección toma los k primeros términos. Así, las componentes $u_j(t, a)$ de la solución $u(t, a)$ satisfacen la condición inicial

$$\begin{aligned} u_j(0, a) &= [U(0)a]_j = a_j, \quad j = 1, \dots, k, \\ u_j(0, a) &= - \left(\int_0^\infty V(-s)G(u(s, a_1, \dots, a_k, 0))ds \right)_j, \quad j = k + 1, \dots, n. \end{aligned} \quad (2.23)$$

A continuación, si se definen las funciones

$$\psi_j(a_1, \dots, a_k) = u_j(0, a_1, \dots, a_k, 0, \dots, 0), \quad j = k + 1, \dots, n, \quad (2.24)$$

entonces los valores iniciales $y_j = u_j(0, a_1, \dots, a_k, 0, \dots, 0)$ satisfacen

$$y_j = \psi_j(y_1, \dots, y_k), \quad j = k + 1, \dots, n. \quad (2.25)$$

Estas ecuaciones definen entonces una variedad \bar{S} para $\|y\| < \frac{\delta}{2K}$ siguiendo la caracterización dada por el teorema 2.7. Además, si $y(t)$ es una solución de la ecuación diferencial (2.15) con $y(0) \in \bar{S}$ (i.e., $y(0) = u(0, a)$), entonces, dada la unicidad de las soluciones de (2.15), se tiene que

$$y(t) = u(t, a), \quad (2.26)$$

y se deduce de (2.22) que $y(t) \xrightarrow{t \rightarrow \infty} 0$.

Paso 4 Veamos ahora que si $y(t)$ es solución de (2.15) con $y(0) \notin \bar{S}$, $y(0)$ suficientemente pequeño, entonces $y(t)$ no converge a 0 cuando $t \rightarrow \infty$.

Por reducción al absurdo, existirá $\delta > 0$ tal que $\|y(t)\| \leq \delta$ y suficientemente pequeño para que se verifique (2.12) con $\varepsilon < \frac{\sigma}{4K}$. Puesto que $y(t)$ es solución de (2.15), será

$$\begin{aligned} y(t) &= e^{tB}y(0) + \int_0^t e^{(t-s)B}G(y(s)) ds, \\ &= U(t)y(0) + V(t)y(0) + \int_0^t U(t-s)G(y(s)) ds + \int_0^t V(t-s)G(y(s)) ds \quad (2.27) \\ &= U(t)y(0) + V(t)c + \int_0^t U(t-s)G(y(s)) ds - \int_t^\infty V(t-s)G(y(s)) ds, \end{aligned}$$

donde $c = y(0) + \int_0^\infty V(-s)G(y(s)) ds$ es constante. Observemos que, utilizando (2.12) y (2.16), la integral es convergente.

De esta forma, todos los términos a la derecha de (2.27) están acotados cuando $t \rightarrow \infty$ excepto posiblemente $V(t)c$. Ahora bien, todos los autovalores de Q tienen parte real positiva y $V(t)c = e^{tQ}\tilde{c}$, donde $\tilde{c} = [c_{k+1}, \dots, c_n]^T$. Se deduce que $V(t)c$ es acotado si y sólo si $c_j = 0$ para $j = k + 1, \dots, n$, en cuyo caso $V(t)c \equiv 0$ y entonces $y(t)$ verifica (2.17).

Por tanto, necesariamente es $y(t) = u(t, a)$, la solución de (2.17) para algún vector a , y tenemos entonces que $y(0) \in \bar{S}$, llegando a una contradicción.

Paso 5 Veamos que \bar{S} es invariante por el flujo. Para ello, supongamos que $y(t)$ es solución de (2.15) con $y(0) \in \bar{S}$. Sabemos entonces, por el paso 3, que debe verificarse que $y(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$. Supongamos que existe $t_0 > 0$ tal que $y(t_0) \notin \bar{S}$. Si se considera la solución de (2.15) dada por $z(t) = y(t + t_0)$, entonces $z(0) \notin \bar{S}$ y por el paso 4, debe ser que $z(t)$ no tiende a 0 cuando $t \rightarrow \infty$, lo cual es absurdo.

Paso 6 Se puede probar que la variedad definida previamente es diferenciable [14] y que

$$\frac{\partial \psi_j}{\partial y_i}(0) = 0, \quad i = 1, \dots, k, \quad j = k + 1, \dots, n.$$

Por tanto, la variedad diferenciable \bar{S} es tangente en el origen al subespacio estable $E^e = \{x \in \mathbb{R}^n : y_{k+1} = \dots = y_n = 0\}$ del sistema lineal (2.15).

Paso 7 La existencia de la variedad inestable \bar{U} se establece de la misma manera considerando el sistema (2.15) pero cambiando t por $-t$; esto es,

$$y' = -By - G(y).$$

La variedad estable de este sistema es entonces la variedad inestable de (2.15). □

2.2.5 Teorema de Hartman-Grobman

En la sección anterior se ha demostrado el primero de los teoremas que permiten relacionar un sistema con su linealizado en entornos de sus puntos de equilibrio hiperbólicos. En este apartado se propone demostrar el teorema de Hartman-Grobman.

Previo a la introducción del teorema, se introducen una serie de resultados que se usarán para probar el mismo, extraídos de [1]. En primer lugar, se trata de probar que para cada $\varepsilon > 0$ y cada matriz A , existe una norma matricial $\|\cdot\|$ asociada a una vectorial de manera que $\|A\| < \rho(A) + \varepsilon$, donde $\rho(A)$ es el radio espectral de A . Además, nos interesa probarlo para $\rho(A) < 1$.

Lema 2.3. *Sea A una matriz real de dimensión $n \times n$ tal que $\rho(A) < 1$. Entonces existe una norma en \mathbb{R}^n tal que, en la norma matricial asociada, se tiene $\|A\| < 1$.*

Definición 2.16. *Sea L una matriz real de dimensión $n \times n$ no singular. Diremos que el automorfismo $L : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ dado por $x \mapsto Lx$ es hiperbólico si para cada autovalor λ de L se tiene que $|\lambda| \neq 1$.*

La relación entre automorfismos y flujos lineales hiperbólicos queda establecida a través del siguiente resultado, véase [1].

Proposición 2.1. *Sea A una matriz real de dimensión $n \times n$ tal que el flujo e^{tA} es hiperbólico, entonces el automorfismo e^A es hiperbólico.*

Teorema 2.9. *Sea L una matriz real de dimensión $n \times n$ no singular tal que el automorfismo $L : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ dado por $x \mapsto Lx$ es hiperbólico. Sea $\eta : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ continua, acotada y uniformemente Lipschitz de constante de Lipschitz λ suficientemente pequeña. Entonces existe un homeomorfismo H de \mathbb{R}^n tal que*

$$H \circ (L + \eta) = L \circ H. \quad (2.28)$$

Diremos que L y $L + \eta$ son topológicamente conjugados. Además, H es único si suponemos que es de la forma $H = Id + g$, donde $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es continua y acotada.

Demostración. La demostración se llevará a cabo a través de una serie de pasos, véase [1].

Paso 1. Como L es hiperbólico, podemos escribir

$$\tilde{L} = P^{-1}LP = \begin{bmatrix} B & 0 \\ 0 & C \end{bmatrix}, \quad (2.29)$$

con B y C matrices tales que $\rho(B) < 1$, $\rho(C^{-1}) < 1$, a partir de un cambio de base dado por una matriz invertible P . Asimismo, las propiedades de L y de la función η del enunciado se mantienen tras el cambio. Suponiendo que el teorema es cierto para \tilde{L} en el sentido de que

$$H_0 \circ (\tilde{L} + \tilde{\eta}) = \tilde{L} \circ H_0,$$

para $\tilde{\eta} = P^{-1}\eta P$ y H_0 homeomorfismo, entonces

$$(H_0 \circ P^{-1})(L + \eta) \circ P = P^{-1} \circ L \circ (P \circ H_0),$$

de donde

$$(P \circ H_0 \circ P^{-1})(L + \eta) = L \circ (P \circ H_0 \circ P^{-1}),$$

y el homeomorfismo $H = P \circ H_0 \circ P^{-1}$ satisface (2.28) para L y η . Esto permite reducir la demostración al caso en que L es de la forma (2.29).

Paso 2 Aplicando el lema 2.3, existen normas $\|\cdot\|_e$, $\|\cdot\|_i$ en los subespacios estable e inestable asociados a L , $E^e(L)$ y $E^i(L)$, tales que en las correspondientes normas matriciales se tiene $\|B\|_e < \alpha$ y $\|C^{-1}\|_i < \alpha$ para algún $\alpha < 1$. Consideramos entonces a partir de ahora en \mathbb{R}^n la norma

$$\|x\|^2 = \|y\|_e^2 + \|z\|_i^2,$$

suponiendo que $x = y + z \in E^e \oplus E^i = \mathbb{R}^n$.

Paso 3 Sea $BC(\mathbb{R}^n)$ el espacio de Banach de las funciones $u : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ continuas y acotadas dotado de la norma del supremo $\|u\|_\infty = \sup_{x \in \mathbb{R}^n} \|u(x)\|$. Definimos entonces la norma

$$\|u\|_B = \max \left\{ \sup_{x \in \mathbb{R}^n} \|u_1(x)\|, \sup_{x \in \mathbb{R}^n} \|u_2(x)\| : u(x) = u_1(x) + u_2(x) \in E^e \oplus E^i \right\}. \quad (2.30)$$

Entonces,

$$\begin{aligned} \|u\|_\infty &= \sup_{x \in \mathbb{R}^n} \|u(x)\| = \sup_{x \in \mathbb{R}^n} \|u_1(x) + u_2(x)\| \\ &\leq \sup_{x \in \mathbb{R}^n} (\|u_1(x)\| + \|u_2(x)\|) \leq 2\|u\|_B, \end{aligned}$$

y, por otro lado,

$$\begin{aligned} \|u_1(x)\|^2 &\leq \|u_1(x)\|^2 + \|u_2(x)\|^2 = \|u(x)\|^2 \\ \|u_2(x)\|^2 &\leq \|u_1(x)\|^2 + \|u_2(x)\|^2 = \|u(x)\|^2, \end{aligned}$$

de donde se deduce que

$$\|u\|_B \leq \|u\|_\infty.$$

Por tanto,

$$\frac{1}{2}\|u\|_\infty \leq \|u\|_B \leq \|u\|_\infty,$$

y ambas normas son equivalentes.

Paso 4 En las condiciones del enunciado del teorema 2.9, se establece el siguiente resultado intermedio:

Lema 2.4. $L + \eta : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es un homeomorfismo.

Demostración. Sea $z \in \mathbb{R}^n$; entonces la ecuación

$$Lx + \eta(x) = z$$

es equivalente a la ecuación de punto fijo

$$x = L^{-1}(z - \eta(x)) := f_z(x). \quad (2.31)$$

Observemos que, como η es Lipschitz de constante λ ,

$$\|f_x(x) - f_z(y)\| \leq \|L^{-1}\| \cdot \|\eta(x) - \eta(y)\| \leq \|L^{-1}\|\lambda\|x - y\|,$$

y para λ suficientemente pequeño, se tiene que f_z es contractiva, por lo que la ecuación (2.31) admite una única solución $x = x(z) = (L + \eta)^{-1}(z)$ para cada $z \in \mathbb{R}^n$. Esto implica que $L + \eta$ es biyectiva.

Por otra parte, para $z, y \in \mathbb{R}^n$

$$\begin{aligned}
 \|x(z) - x(y)\| &= \|f_z(x(z)) - f_y(x(y))\| \\
 &\leq \|f_z(x(z)) - f_z(x(y))\| + \|f_z(x(y)) - f_y(x(y))\| \\
 &\leq \frac{1}{2}\|x(z) - x(y)\| + \|L^{-1}(z - \eta(x(y))) - L^{-1}(y - \eta(x(y)))\| \\
 &\leq \frac{1}{2}\|x(z) - x(y)\| + \|L^{-1}\| \|z - y\|.
 \end{aligned}$$

Por tanto,

$$\|x(z) - x(y)\| \leq 2\|L^{-1}\| \|z - y\|.$$

Esto implica que la aplicación $z \rightarrow x(z) = (L + \eta)^{-1}(z)$ es uniformemente Lipschitz y, por tanto, continua. En conclusión, $L + \eta : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es un homeomorfismo. \square

Paso 5

Lema 2.5. Sean $\tilde{\eta}$ y $\tilde{\xi}$ continuas, acotadas y uniformemente Lipschitz de constante λ suficientemente pequeña. Entonces existe una única $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ continua y acotada tal que

$$(\text{Id} + g) \circ (L + \tilde{\eta}) = (L + \tilde{\xi}) \circ (\text{Id} + g). \quad (2.32)$$

Demostración. Sean $g = \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix}$, $\tilde{\eta} = \begin{bmatrix} \eta_1 \\ \eta_2 \end{bmatrix}$, $\tilde{\xi} = \begin{bmatrix} \xi_1 \\ \xi_2 \end{bmatrix}$ y $T = L + \tilde{\eta}$. La ecuación (2.32) por componentes se escribe como

$$\begin{aligned}
 \eta_1(x) + g_1(T(x)) &= Bg_1(x) + \xi_1(x + g(x)), \\
 \eta_2(x) + g_2(T(x)) &= Cg_2(x) + \xi_2(x + g(x)),
 \end{aligned}$$

resultando el sistema de punto fijo

$$g_1(x) = -\eta_1(T^{-1}(x)) + Bg_1(T^{-1}(x)) + \xi_1(T^{-1}(x) + g(T^{-1}(x))) := F_1(g)(x), \quad (2.33)$$

$$g_2(x) = C^{-1}(\eta_2(x) - \xi_2(x + g(x)) + g_2(T(x))) := F_2(g)(x). \quad (2.34)$$

Sea $F : BC(\mathbb{R}^n) \rightarrow BC(\mathbb{R}^n)$, $F(g) = \begin{bmatrix} F_1(g) \\ F_2(g) \end{bmatrix}$. Para $g, h \in BC(\mathbb{R}^n)$ y $x \in \mathbb{R}^n$ se tiene, utilizando las hipótesis,

$$\begin{aligned}
 \|F_1(g)(x) - F_1(h)(x)\| &= \|\xi_1(T^{-1}(x) + g(T^{-1}(x))) - \xi_1(T^{-1}(x) + h(T^{-1}(x)))\| \\
 &\quad + \|B(g_1(T^{-1}(x)) - h_1(T^{-1}(x)))\| \\
 &\leq \lambda \|g(T^{-1}(x)) - h(T^{-1}(x))\| + \alpha \|g_1(T^{-1}(x)) - h_1(T^{-1}(x))\| \\
 &\leq \lambda \|g - h\|_\infty + \alpha \|g - h\|_B \leq (2\lambda + \alpha) \|g - h\|_B,
 \end{aligned}$$

con $\|\cdot\|_B$ la norma definida en (2.30). Análogamente,

$$\begin{aligned} \|F_2(g)(x) - F_2(h)(x)\| &\leq \alpha \|\xi_2(x + h(x)) - \xi_2(x + g(x)) + g_2(T(x)) - h_2(T(x))\| \\ &\leq \alpha \lambda \|g(x) - h(x)\| + \alpha \|g_2(T(x)) - h_2(T(x))\| \\ &\leq \lambda \|g - h\|_\infty + \alpha \|g - h\|_B \leq (2\lambda + \alpha) \|g - h\|_B. \end{aligned}$$

Por tanto,

$$\|F(g) - F(h)\|_B \leq (2\lambda + \alpha) \|g - h\|_B.$$

Tomando λ suficientemente pequeña, se tiene que F es contractiva, por lo que admite un único punto fijo $g \in BC$ verificando (2.32). \square

Paso 6 Aplicamos el lema 2.5 con $\tilde{\xi} = 0$ y $\tilde{\eta} = \eta$ la de la hipótesis del teorema, con λ suficientemente pequeño. Por tanto, existe una única $g \in BC(\mathbb{R}^n)$ tal que

$$(\text{Id} + g) \circ (L + \eta) = L \circ (\text{Id} + g),$$

y, análogamente, tomando ahora $\tilde{\xi} = \eta$ y $\tilde{\eta} = 0$, existe una única $h \in BC(\mathbb{R}^n)$ tal que

$$(\text{Id} + h) \circ L = (L + \eta) \circ (\text{Id} + h).$$

Se tiene entonces que

$$(\text{Id} + h) \circ (\text{Id} + g) \circ (L + \eta) = (\text{Id} + h) \circ L \circ (\text{Id} + g) = (L + \eta) \circ (\text{Id} + h) \circ (\text{Id} + g).$$

Por otra parte,

$$(\text{Id} + h) \circ (\text{Id} + g) = \text{Id} + g + h \circ (\text{Id} + g) = \text{Id} + g',$$

con $g' = g + h \circ (\text{Id} + g) \in BC(\mathbb{R}^n)$. Entonces, se satisface (2.32) con $\tilde{\eta} = \tilde{\xi} = \eta$ para g' y la función nula. Por la unicidad de la solución es $g' = 0$ y por tanto

$$(\text{Id} + h) \circ (\text{Id} + g) = \text{Id}. \tag{2.35}$$

Análogamente,

$$(\text{Id} + g) \circ (\text{Id} + h) \circ L = L \circ (\text{Id} + g) \circ (\text{Id} + h),$$

con $(\text{Id} + g) \circ (\text{Id} + h) = \text{Id} + h'$, $h' = h + g \circ (\text{Id} + h) \in BC$. Un razonamiento similar con $\tilde{\xi} = \tilde{\eta} = 0$ lleva a que

$$(\text{Id} + g) \circ (\text{Id} + h) = \text{Id}. \tag{2.36}$$

Así, (2.35) y (2.36) implican que $\text{Id} + g$ es un homeomorfismo, completando la demostración del teorema 2.9. \square

Lema 2.6. Sean $\alpha > 0$ y $r_\alpha : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ la función definida por

$$r_\alpha(x) = \begin{cases} x, & \text{si } \|x\| \leq \alpha, \\ \frac{\alpha x}{\|x\|}, & \text{si } \|x\| \geq \alpha. \end{cases} \quad (2.37)$$

Entonces r_α es uniformemente Lipschitz con constante de Lipschitz 2.

Demostración. Por una parte, para $\|x\| > \alpha \geq \|y\|$ (análogamente, para $\|y\| > \alpha \geq \|x\|$),

$$\begin{aligned} \|r_\alpha(x) - r_\alpha(y)\| &= \left\| \frac{\alpha x}{\|x\|} - y \right\| \\ &\leq \frac{\alpha}{\|x\|} \|x - y\| + \left\| \frac{\alpha}{\|x\|} y - y \right\| \\ &\leq \|x - y\| + \frac{\|y\|}{\|x\|} (\|x\| - \alpha) \\ &\leq \|x - y\| + \|x\| - \|y\| \leq 2\|x - y\|. \end{aligned}$$

Por otra parte, para $\|x\|, \|y\| > \alpha$,

$$\begin{aligned} \|r_\alpha(x) - r_\alpha(y)\| &= \left\| \frac{\alpha x}{\|x\|} - \frac{\alpha y}{\|y\|} \right\| \\ &\leq \frac{\alpha}{\|x\|} \|x - y\| + \alpha \|y\| \left| \frac{1}{\|x\|} - \frac{1}{\|y\|} \right| \\ &\leq \|x - y\| + \| \|x\| - \|y\| \| \leq 2\|x - y\|, \end{aligned}$$

lo que termina la demostración, puesto que para el caso donde $\|x\|, \|y\| < \alpha$, se tiene que

$$\|r_\alpha(x) - r_\alpha(y)\| = \|x - y\| \leq 2\|x - y\|.$$

□

Teorema 2.10 (Hartman-Grobman). Sean $G \subset \mathbb{R}^n$ abierto, $f \in C^1(G)$ y φ el flujo inducido por f . Supongamos que x_0 es un punto de equilibrio hiperbólico de (1.1). Denotamos $A = Df(x_0)$. Entonces los flujos $\varphi_t(x_0)$ y e^{tA} en el origen son localmente topológicamente conjugados.

Para probar este resultado, a continuación se aporta la demostración que se da en [1].

Demostración. La demostración se estructura en los siguientes pasos:

Paso 1. Vamos a suponer sin pérdida de generalidad que $x_0 = 0$. Como f es C^1 , para cualquier $\lambda > 0$, existe $\alpha \in (0, 1)$ tal que $B(0, \alpha) \subset G$ y

$$\|Df(x) - Df(0)\| \leq \lambda/2 \quad \text{para todo } x \in \overline{B(0, \alpha)}.$$

Por tanto, por el teorema del valor medio, la aplicación $x \mapsto f(x) - Df(0)x$ es uniformemente Lipschitz de constante $\lambda/2$ en $B(0, \alpha)$. Consideramos ahora $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ dado por $g = (f - A) \circ r_\alpha$. Entonces g es continua y acotada por serlo $f - Df(0)$ en $B(0, \alpha)$ y $r_\alpha(x) \in B(0, \alpha)$ para todo $x \in \mathbb{R}^n$. Además, por el lema 2.6, g es uniformemente Lipschitz de constante λ . De la definición de g , se tiene

$$(A + g)|_{B(0, \alpha)} = f|_{B(0, \alpha)}. \quad (2.38)$$

Sea ψ el flujo inducido por $A + g$. Entonces (2.38) implica que ψ coincide con φ en $B(0, \alpha)$. Basta, por tanto, probar que ψ y e^{tA} son topológicamente conjugados, como se hará a continuación.

Paso 2. Como $A + g$ es uniformemente Lipschitz en \mathbb{R}^n , ψ es un flujo global; es decir, definido en todo \mathbb{R}^n [14]. Además, por la fórmula de variación de las constantes,

$$\psi_t(x) = e^{tA}x + \int_0^t e^{(t-s)A}g(\psi_s(x)) ds, \quad \forall t \in \mathbb{R}, x \in \mathbb{R}^n. \quad (2.39)$$

Puesto que g es continua y acotada, se deduce de (2.39) que

$$\|\psi_t(x) - e^{tA}x\| \leq \|g\|_\infty \int_0^t e^{|t-s|\|A\|} ds, \quad \forall t \in \mathbb{R}, x \in \mathbb{R}^n, \quad (2.40)$$

por lo que $\psi_t - e^{tA} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es continua y acotada.

Por otra parte, de (2.39), se obtiene que

$$\|\psi_t(x) - \psi_t(y)\| \leq e^{t\|A\|}\|x - y\| + \int_0^t e^{(t-s)\|A\|}\lambda\|\psi_s(x) - \psi_s(y)\| ds,$$

y multiplicando por $e^{-t\|A\|}$ y aplicando el lema de Gronwall se tiene que

$$\|\psi_t(x) - \psi_t(y)\| \leq \|x - y\|e^{(\lambda + \|A\|)t}, \quad \forall t \in \mathbb{R}, x, y \in \mathbb{R}^n. \quad (2.41)$$

Por tanto, se deduce a partir de (2.39) y (2.41) que

$$\begin{aligned} \|(\psi_t - e^{tA})(x) - (\psi_t - e^{tA})(y)\| &\leq \int_0^t e^{(t-s)\|A\|}\lambda\|\psi_s(x) - \psi_s(y)\| ds \\ &\leq \lambda\|x - y\|e^{t\|A\|} \int_0^t e^{\lambda s} ds \\ &= \|x - y\|e^{t\|A\|}(e^{\lambda t} - 1), \quad \forall t \in \mathbb{R}, x, y \in \mathbb{R}^n. \end{aligned} \quad (2.42)$$

De esta forma, $\psi_t - e^{tA} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es uniformemente Lipschitz de constante tan pequeña como se desee.

Paso 3. Como $x_0 = 0$ es un punto de equilibrio hiperbólico, $L = e^A$ es un automorfismo hiperbólico de \mathbb{R}^n (cf. Proposición 2.1). Además, puesto que λ puede ser elegido

arbitrariamente pequeño, por (2.42) se tiene que $\eta = \psi_1 - L$ es uniformemente Lipschitz con constante de Lipschitz tan pequeña como queramos. Además, por (2.40), η es continua y acotada.

Aplicando entonces el teorema 2.9 a $L = e^A$ y $\eta = \psi_1 - L$, existe un único homeomorfismo H tal que $H - \text{Id}$ es continua y acotada y $H \circ L = \psi_1 \circ H$. Entonces, para cada $t \in \mathbb{R}$,

$$\psi_1 \circ (\psi_t \circ H \circ L^{-t}) = \psi_t \circ \psi_1 \circ H \circ L^{-t} = \psi_t \circ H \circ L \circ L^{-t} = (\psi_t \circ H \circ L^{-t}) \circ L.$$

Por tanto, $\psi_t \circ H \circ L^{-t}$ es también una conjugación topológica de L y ψ_1 . Puesto que

$$\psi_t \circ H \circ L^{-t} - \text{Id} = (\psi_t - L^t) \circ H \circ L^{-t} + L^t \circ (H - \text{Id}) \circ L^{-t},$$

y $\psi_t - L^t$ y $H - \text{Id}$ son ambas continuas y acotadas, se deduce que $\psi_t \circ H \circ L^{-t} - \text{Id}$ es continua y acotada. Por la unicidad establecida en el teorema 2.9, debe ser $H = \psi_t \circ H \circ L^{-t}$, y de aquí se sigue que $e^{tA} \circ H = \psi_t \circ H$. □

2.2.6 Estabilidad de los puntos de equilibrio

A partir de los teoremas de las secciones 2.2.4 y 2.2.5 se puede analizar la dinámica local de los sistemas en torno a puntos de equilibrios hiperbólicos. Este será el objetivo de la sección; además, se particularizará con los sistemas de dimensión 2, dado que podemos conocer mucha más información para estos.

Caracterización general en el caso hiperbólico

De los teoremas de la variedad estable y de Hartman-Grobman se deduce que todo sumidero será asintóticamente estable; mientras que, cualquier fuente será inestable. Además, se puede analizar el comportamiento local de las soluciones en entornos de un sumidero.

Teorema 2.11. *Sea x_0 un punto de equilibrio de φ . Sea $A = Df(x_0)$. Si x_0 es un sumidero de φ (es decir, $\text{Re}(\lambda) < 0$ para cada autovalor de A), entonces x_0 es asintóticamente estable. Si existe un autovalor λ de A tal que $\text{Re}(\lambda) > 0$, entonces x_0 es inestable.*

Demostración. Podemos suponer sin pérdida de generalidad que $\bar{x} = 0$. Entonces, por el Lema 2.2, existen constantes $M > 0$ y $\beta > 0$ tales que

$$\|e^{tA}\| \leq Me^{-\beta t}, \quad \forall t > 0. \tag{2.43}$$

Por otra parte, por el teorema de Grobman-Hartman, los flujos $\varphi_t(\cdot)$ y e^{tA} son localmente topológicamente conjugados; es decir, existen entornos V y W del origen y un homeomorfismo $H : V \rightarrow W$ tales que, para cada $x \in V$,

$$\varphi_t(x) = H^{-1} \circ e^{tA} \circ H(x). \tag{2.44}$$

De aquí se deduce que si $x \in V$, entonces $\varphi_t(x) \rightarrow 0$, por lo que 0 es un punto atractor.

Veamos ahora que el origen es estable. Sea $\varepsilon > 0$. Como H^{-1} es continuo, existe $\delta_1 > 0$ tal que si $\|y\| < \delta_1$, entonces $\|H^{-1}(y)\| < \varepsilon$.

Por la desigualdad (2.43), si $t > 0$ y $\|z\| < \frac{\delta_1}{M}$, entonces $\|e^{tA}z\| < \delta_1$.

Finalmente, como H es continuo, existe $\delta_2 > 0$ tal que si $\|x\| < \delta_2$, entonces $\|H(x)\| < \frac{\delta_1}{M}$.

De todo lo anterior aplicado a (2.44) se deduce que si $\|x\| < \delta_2$, entonces $\|\varphi_t(x)\| < \varepsilon$ para todo $t > 0$. Esto prueba que el origen es estable. \square

Por otra parte, puesto que para los puntos de equilibrio hiperbólicos, en el sistema linealizado en torno a ellos no hay autovalores con parte real nula, todos ellos serán asintóticamente estables o inestables.

Teorema 2.12. *Sea \bar{x} un equilibrio hiperbólico de (1.1) tal que existe un autovalor λ de $Df(\bar{x})$ con $\text{Re}\lambda > 0$. Entonces \bar{x} es inestable.*

Demostración. Supongamos que existe un autovalor λ de $A = Df(0)$ tal que $\Re(\lambda) > 0$. Entonces existe una variedad inestable U de dimensión al menos 1 y definida en un entorno $B(0, r)$ del origen, tal que para todo $x \in U \cap B(0, r)$ se tiene que $\varphi_t(x) \in U \cap B(0, r)$, $\forall t < 0$, y además $\varphi_t(x) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow -\infty$.

Sea entonces $\varepsilon \in (0, r)$, y sea $x \in (B(0, r) \setminus B(0, \varepsilon)) \cap U$; para cada $\delta > 0$ existe $t_\delta < 0$ tal que $\|\varphi_{t_\delta}(x)\| < \delta$. Si definimos $y = \varphi_{t_\delta}(x)$, entonces $y \in B(0, \delta)$ y se tiene que $\varphi_{-t_\delta}(y) = x \notin B(0, \varepsilon)$. \square

Caracterización de la estabilidad según Liapunov

Se acaba de explicar cómo caracterizar la estabilidad para puntos de equilibrio hiperbólicos. Sin embargo, la teoría descrita no es aplicable a equilibrios no hiperbólicos. En ese caso, se puede usar el método de Liapunov.

Definición 2.17. *Sea $U \subset \mathbb{R}^n$ abierto, $V : U \rightarrow \mathbb{R}$ tal que $V \in C^1(U)$, $x \in U$. La variación de $V(x)$ a lo largo de la solución $\phi_t(x)$ es*

$$\dot{V}(x) = \left. \frac{dV(\phi_t(x))}{dt} \right|_{t=0} = \nabla V(\phi_t(x))f(\phi_t(x)) \Big|_{t=0} = \nabla V(x)f(x). \quad (2.45)$$

A partir de la definición de $\dot{V}(x)$ en (2.45) se puede caracterizar la estabilidad de un punto de equilibrio como sigue [2, 18, 1, 21]:

Teorema 2.13. *Sea x_0 un punto de equilibrio de (1.1), $r > 0$. Supongamos que existe una función $V \in C^1(B(x_0, r))$ tal que $V(x_0) = 0$ y $V(x) > 0$ para $x \neq x_0$. Entonces:*

- a) Si $\dot{V}(x) \leq 0$ para todo $x \in B(x_0, r)$, x_0 es estable.
- b) Si $\dot{V}(x) < 0$ para todo $x \in B(x_0, r)$, $x \neq x_0$, x_0 es asintóticamente estable.
- c) Si $\dot{V}(x) > 0$ para todo $x \in B(x_0, r)$, $x \neq x_0$, x_0 es inestable.

Definición 2.18. Si $V(x)$ es una función que verifica las condiciones del apartado a) del teorema 2.13, diremos que es una función de Liapunov para x_0 . Además, si verifica las condiciones del apartado b), diremos que es una función de Liapunov estricta para x_0 .

Para el apartado c) del teorema 2.13 puede considerarse la siguiente mejora [18]:

Teorema 2.14. Sea x_0 un punto de equilibrio de (1.1), $r > 0$. Supongamos que existe Ω abierto y una función $V \in C^1(\Omega)$ tal que:

- i) $x_0 \in \partial\Omega$,
- ii) $V(x) = 0$ para todo $x \in \partial\Omega \cap B(x_0, r)$,
- iii) $V(x) > 0$ y $\dot{V}(x) > 0$ para todo $x \in \Omega \cap B(x_0, r)$,

Entonces x_0 es inestable.

Puntos de equilibrio de sistemas planos

Utilizando los resultados de las secciones anteriores, analizamos aquí la dinámica local de equilibrios de sistemas no lineales planos. Suponemos que el sistema (1.1) tiene un equilibrio en el origen y que f es C^1 en un abierto de \mathbb{R}^2 que contiene al origen.

Caracterización del sistema linealizado Los diagramas de fases que se van a estudiar corresponden a una forma canónica de la matriz $A = Df(0)$ del linealizado del sistema plano (1.1); es decir, existe una matriz regular P tal que $B = P^{-1}AP$. Además, P es una transformación lineal y continua. Como transformación lineal, lleva rectas a rectas, elipses a elipses, hipérbolas a hipérbolas, parábolas a parábolas y los ejes coordenados, cuando son invariantes, en los autoespacios de A . Por otra parte, como transformación continua, conserva el sentido de las trayectorias y el comportamiento asintótico.

Por tanto, para clasificar los sistemas, lo haremos según la forma canónica de la matriz de su sistema linealizado en el origen, que suponemos no singular. Luego, se va a ir analizando cada una de las posibilidades [9]. La primera opción es que ambos autovalores de la forma canónica sean distintos y reales. Por tanto, la matriz será diagonalizable y tendrá la forma

$$\begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{bmatrix}, \quad \lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}, \lambda_1 \neq \lambda_2. \quad (2.46)$$

Luego, el sistema canónico asociado será

$$\begin{cases} y_1'(t) = \lambda_1 y_1(t) \\ y_2'(t) = \lambda_2 y_2(t) \end{cases} \longrightarrow \begin{cases} y_1(t) = e^{\lambda_1 t} c_1 \\ y_2(t) = e^{\lambda_2 t} c_2 \end{cases}, \quad c_1, c_2 \in \mathbb{R}. \quad (2.47)$$

Vamos a ver la evolución de las trayectorias:

- Si $c_1 = c_2 = 0$. Entonces, se deduce de (2.47) que $(y_1, y_2) = (0, 0)$.

- Si $c_1 = 0$ y $c_2 \neq 0$ se tiene la trayectoria $(y_1(t), y_2(t)) = (0, e^{\lambda_2 t} c_2)$; mientras que si $c_1 \neq 0$ y $c_2 = 0$, se tiene la trayectoria $(y_1(t), y_2(t)) = (0, e^{\lambda_2 t} c_2)$. Nótese que estas soluciones se corresponden con los cuatro semiejes.
- Si $c_1 \neq 0, c_2 \neq 0$, podemos escribir

$$\frac{y_1}{c_1} = e^{\lambda_1 t}, \quad \frac{y_2}{c_2} = e^{\lambda_2 t}.$$

Despejando t en ambas ecuaciones, y suponiendo que $\lambda_1 \neq 0$ y $\lambda_2 \neq 0$, podemos igualarlas

$$t = \frac{1}{\lambda_1} \ln \left| \frac{y_1}{c_1} \right| = \frac{1}{\lambda_2} \ln \left| \frac{y_2}{c_2} \right| \Rightarrow \ln \left| \frac{y_2}{c_2} \right| = \frac{\lambda_2}{\lambda_1} \ln \left| \frac{y_1}{c_1} \right| = \ln \left| \frac{y_1}{c_1} \right|^{\frac{\lambda_2}{\lambda_1}}, \quad (2.48)$$

y por la inyectividad del logaritmo,

$$\left| \frac{y_2}{c_2} \right| = \left| \frac{y_1}{c_1} \right|^{\frac{\lambda_2}{\lambda_1}} \Rightarrow |y_2| = c \left| y_1 \right|^{\frac{\lambda_2}{\lambda_1}}, \quad c > 0, \text{ donde } c = \left| \frac{c_2}{c_1} \right|. \quad (2.49)$$

Tenemos dos posibilidades:

- $\lambda_1 \lambda_2 < 0$; es decir, tienen signos opuestos. En ese caso, como $\lambda_1 \neq 0, \frac{\lambda_2}{\lambda_1} < 0$ y, según (2.49), las trayectorias son hipérbolas. Además, de $\frac{\lambda_2}{\lambda_1} < 0$ se deduce que si $|y_1| \rightarrow \infty$, entonces $|y_2| \rightarrow 0$; mientras que si $|y_1| \rightarrow 0$, $|y_2| \rightarrow \infty$. Se dice que el origen es un punto de silla, y será inestable, puesto que, bien λ_1 o bien λ_2 será positivo.
- $\lambda_1 \lambda_2 > 0$; es decir, tienen el mismo signo. En ese caso, $\frac{\lambda_2}{\lambda_1} > 0$, luego de (2.49) se deduce que las trayectorias son parábolas con el vértice en $(0, 0)$. Se dice que el origen es un nodo, y será estable si ambos autovalores son negativos e inestable si son positivos.

Por otra parte, vamos a ver que todas las parábolas tienen un mismo eje de tangencia. Supongamos $y_1, y_2 > 0$. Como

$$\frac{dy_2}{dy_1} = c \frac{\lambda_2}{\lambda_1} y_1^{\frac{\lambda_2}{\lambda_1} - 1},$$

tomando límites para $y_1 \rightarrow +\infty$, si $\frac{\lambda_2}{\lambda_1} - 1 > 0$, entonces $\frac{dy_2}{dy_1} \rightarrow 0$; mientras que si $\frac{\lambda_2}{\lambda_1} - 1 < 0$, entonces $\frac{dy_2}{dy_1} \rightarrow +\infty$. Por tanto, en el sistema original las trayectorias se acercan o alejan del origen tangentes al eje que representa el autoespacio asociado al autovalor de menor valor absoluto. Este comportamiento se extiende por simetría al resto de los cuadrantes del plano (y_1, y_2)

La segunda opción es que ambos autovalores coincidan y la matriz diagonalice. La matriz que describe el sistema tendrá la forma

$$\begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix}, \quad \lambda \in \mathbb{R}, \lambda \neq 0. \quad (2.50)$$

Igual que antes, podemos obtener de forma sencilla la solución del sistema asociado

$$\begin{cases} y_1'(t) = \lambda y_1(t) \\ y_2'(t) = \lambda y_2(t) \end{cases} \longrightarrow \begin{cases} y_1(t) = e^{\lambda t} c_1 \\ y_2(t) = e^{\lambda t} c_2 \end{cases}, \quad c_1, c_2 \in \mathbb{R}, \quad (2.51)$$

y obtener la ecuación de las trayectorias distinguiendo casos:

- Si $c_1 = c_2 = 0$. Entonces, como se deduce de (2.51), $(y_1, y_2) = (0, 0)$.
- Si $c_1 = 0$ y $c_2 \neq 0$ se tiene la trayectoria $(y_1(t), y_2(t)) = (0, e^{\lambda t} c_2)$. Si $c_1 \neq 0$ y $c_2 = 0$, análogo a lo anterior, se tiene la trayectoria $(y_1(t), y_2(t)) = (e^{\lambda t} c_1, 0)$. Nótese que estas soluciones se corresponden con los cuatro semiejes.
- Si $c_1 \neq 0, c_2 \neq 0$, podemos escribir

$$\frac{y_1}{c_1} = e^{\lambda t}, \quad \frac{y_2}{c_2} = e^{\lambda t},$$

e igualando ambas ecuaciones,

$$\frac{y_1}{c_1} = \frac{y_2}{c_2}$$

es decir,

$$y_2 = c y_1 \quad \text{donde } c = \frac{c_2}{c_1}.$$

Luego, las trayectorias son rectas de pendiente c . Este tipo de punto de equilibrio se denomina punto estrella.

Tras contemplar la situación en la que ambos autovalores coinciden y la matriz diagonaliza, surge de manera inmediata la tercera posibilidad. Vamos a estudiar ahora los sistemas planos con un único autovalor que no diagonalizan; esto es, sistemas con la forma canónica

$$\begin{bmatrix} \lambda & 1 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix}, \quad \lambda \in \mathbb{R}, \lambda \neq 0. \quad (2.52)$$

Pasamos una vez más a obtener las soluciones del sistema asociado. Una de ellas la podemos obtener igual que para los casos anteriores y sustituir en la otra resultando en una ecuación escalar lineal no homogénea. Luego, tenemos

$$\begin{cases} y_1'(t) = \lambda y_1(t) + y_2(t) \\ y_2'(t) = \lambda y_2(t) \end{cases} \longrightarrow \begin{cases} y_1'(t) = \lambda y_1(t) + e^{\lambda t} c_2 \\ y_2(t) = e^{\lambda t} c_2 \end{cases}, \quad c_1, c_2 \in \mathbb{R}. \quad (2.53)$$

$$\begin{cases} y_1'(t) = \lambda y_1(t) + e^{\lambda t} c_2 \\ y_2(t) = e^{\lambda t} c_2 \end{cases} \longrightarrow \begin{cases} y_1(t) = e^{\lambda t} (c_1 + t c_2) \\ y_2(t) = e^{\lambda t} c_2 \end{cases}$$

Pasamos ahora a obtener las trayectorias del sistema:

- Si $c_1 = c_2 = 0$. Entonces, como se deduce de (2.53), $(y_1, y_2) = (0, 0)$.
- Si $c_1 \neq 0$ y $c_2 = 0$, se tiene la trayectoria $(y_1(t), y_2(t)) = (e^{\lambda t} c_1, 0)$. Dado (2.53), esta solución se corresponde con los semiejes donde $y_2 = 0$. Además, para $\lambda < 0$ recorrerá el eje convergiendo al origen cuando $t \rightarrow \infty$; mientras que se alejará del origen si $\lambda > 0$.
- Si $c_2 \neq 0$, a partir de la solución de y_2 obtenemos

$$y_2(t) = e^{\lambda t} c_2 \implies t = \frac{1}{\lambda} \ln \left| \frac{y_2}{c_2} \right|,$$

donde se puede quitar el valor absoluto observando en (2.53) que c_2 e $y_2(t)$ tienen el mismo signo para todo t . Sustituyendo en la expresión de y_1 se llega a que

$$y_1 = e^{\lambda t} (c_1 + t c_2) = e^{\lambda t} c_2 \left(\frac{c_1}{c_2} + t \right) = y_2 \left(\frac{c_1}{c_2} + t \right) = y_2 \left(\frac{c_1}{c_2} + \frac{1}{\lambda} \ln \frac{y_2}{c_2} \right).$$

Por otra parte, como

$$\frac{dy_1}{dy_2} = \frac{\lambda y_1 + y_2}{\lambda y_2},$$

entonces las trayectorias en el plano (y_1, y_2) son tangentes en el origen al eje horizontal, mientras que atraviesan ortogonalmente la recta $\lambda y_1 + y_2 = 0$. En el sistema original, el eje de tangencia se corresponde con el autoespacio asociado a λ mientras que la recta $\lambda y_1 + y_2 = 0$ queda determinada por un autovector generalizado adicional. Se dice que el origen es un nodo impropio, estable si $\lambda < 0$ e inestable si $\lambda > 0$.

El último caso es que los autovalores λ_1 y λ_2 del sistema plano que estamos tratando sean complejos. En ese caso, puesto que la matriz es real, el polinomio característico también, y los autovalores han de ser conjugados el uno del otro; es decir, son $\lambda_i = a \pm bi$, $i = 1, 2$, con $a, b \in \mathbb{R}$ y $b \neq 0$. La forma canónica real será

$$\begin{bmatrix} a & b \\ -b & a \end{bmatrix}, \quad a, b \in \mathbb{R}, \quad b \neq 0. \quad (2.54)$$

Vamos a ver las soluciones para calcular posteriormente las trayectorias del sistema.

$$\begin{cases} y_1'(t) = \lambda_1 y_1(t) \\ y_2'(t) = \lambda_2 y_2(t) \end{cases} \implies \begin{cases} y_1(t) = e^{at} (c_1 \cos bt + c_2 \sin bt) \\ y_2(t) = e^{at} (-c_1 \sin bt + c_2 \cos bt) \end{cases}, \quad c_1, c_2 \in \mathbb{R}. \quad (2.55)$$

Se trata de poner en coordenadas polares las soluciones del sistema. De esta forma, tomando $r(t) = |c|e^{at}$ y $\theta(t) = \theta_0 - bt$ con $c = c_1 + ic_2$ y θ_0 un argumento de c , se expresa el sistema de soluciones (2.55) como

$$\begin{cases} y_1(t) = r(t)\cos(\theta(t)) \\ y_2(t) = r(t)\sen(\theta(t)) \end{cases} \quad (2.56)$$

A partir de este sistema se pueden analizar las trayectorias, para lo que se supone que $a \neq 0$ para que el equilibrio sea hiperbólico. En todos los casos se dice que el origen es un foco.

- Si $a > 0$, de la expresión de $r(t)$ se deduce que el radio aumenta al aumentar t ; es decir, la distancia respecto del origen es mayor y, por tanto, el origen es un punto de equilibrio inestable. Para el sentido de giro se distinguen dos casos:
 - Si $b > 0$, el ángulo que forma el punto $(y_1(t), y_2(t))$ con el eje horizontal en cada instante t disminuye. Luego las trayectorias giran en sentido horario.
 - Si $b < 0$, la evolución del ángulo es la contraria y en consecuencia el sentido de giro es opuesto, antihorario.
- Si $a < 0$, de igual forma que para el caso $a > 0$, como $r(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow +\infty$, se deduce que el origen es un punto de equilibrio estable. El giro se estudia de igual manera que para el caso $a > 0$ deduciendo que si $b > 0$, las trayectorias giran en torno al origen en sentido horario, siendo la orientación opuesta para $b < 0$.

Caso particular de los centros En este caso, las partes reales de los autovalores son nulas. Por tanto, estamos en el caso particular del sistema canónico (2.54) que faltaba por analizar donde $a = 0$. La parametrización dada en (2.56) sigue siendo válida, y resulta que $r(t) = |c|e^{at} = |c|$. Luego, el radio para cada par de soluciones es constante, y por tanto, las soluciones son estables; mientras que sigue existiendo el mismo giro que para $a \neq 0$.

Utilizando los teoremas de la variedad estable y de Hartman-Grobman podemos analizar la estabilidad del origen como equilibrio hiperbólico del sistema plano (1.1). Para ello, se definen previamente los siguientes conceptos:

Definición 2.19 (Foco). *Se dice que el origen es un foco estable para (1.1) si existe, tomando las coordenadas polares (r, θ) , un $\delta > 0$ tal que, para $0 < r_0 < \delta$ y $\theta_0 \in \mathbb{R}$, se tiene $r(t, r_0, \theta_0) \rightarrow 0$ y $|\theta(t, r_0, \theta_0)| \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$; y es un foco inestable si $r(t, r_0, \theta_0) \rightarrow 0$ y $|\theta(t, r_0, \theta_0)| \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow -\infty$.*

Definición 2.20 (Nodo). *Se dice que el origen es un nodo estable para (1.1) si existe, tomando las coordenadas polares (r, θ) , un $\delta > 0$ tal que, para $0 < r_0 < \delta$ y $\theta_0 \in \mathbb{R}$, se cumple que $r(t, r_0, \theta_0) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y $\lim_{t \rightarrow \infty} \theta(t, r_0, \theta_0)$ existe; es decir, cada trayectoria en $B(0, \delta) \setminus \{0\}$ se aproxima al origen a lo largo de una línea tangente bien definida cuando $t \rightarrow \infty$.*

Se dice que el origen es un nodo inestable si $r(t, r_0, \theta_0) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow -\infty$ y $\lim_{t \rightarrow -\infty} \theta(t, r_0, \theta_0)$ existe para todo $r_0 \in (0, \delta)$ y $\theta_0 \in \mathbb{R}$.

Definición 2.21 (Punto de silla). *Se dice que el origen es un punto de silla para (1.1) si existen dos trayectorias γ_1 y γ_2 que se aproximan al origen cuando $t \rightarrow \infty$ y dos trayectorias γ_3 y γ_4 que se aproximan al origen cuando $t \rightarrow -\infty$, y si existe un $\delta > 0$ tal que todas las demás trayectorias que comienzan en $B(0, \delta) \setminus \{0\}$ abandonan $B(0, \delta)$ cuando $t \rightarrow \pm\infty$.*

Asimismo, para el caso no hiperbólico, definimos:

Definición 2.22 (Centro). *Se dice que el origen es un centro para el sistema no lineal (1.1) si existe un $\delta > 0$ tal que toda curva solución de (1.1) en $B(0, \delta) \setminus \{0\}$ es una curva cerrada con el origen en su interior.*

Definición 2.23 (Centro-foco). *Se dice que el origen es un centro-foco para (1.1) si, para cualquier $\delta > 0$ arbitrariamente pequeño, en $B(0, \delta)$ existe al menos una órbita periódica que rodea el origen.*

El siguiente teorema es una consecuencia directa de los teoremas de la variedad estable y de Hartman-Grobman. En ellos se indica cómo cualquier punto de equilibrio hiperbólico mantiene la misma forma tanto en el sistema no lineal como en su linealizado. Este teorema se contempla en [4].

Teorema 2.15. *Sea el sistema (1.1) con un punto de equilibrio en \bar{x} y su sistema linealizado (con el equilibrio trivial $\bar{y} = 0$).*

- *Si $\bar{y} = 0$ es un punto de silla del linealizado, entonces \bar{x} es un punto de silla para el sistema original.*
- *Si $\bar{y} = 0$ es un nodo estable (resp. inestable) del linealizado, entonces \bar{x} es un nodo estable (resp. inestable) para el sistema original.*
- *Si $\bar{y} = 0$ es un foco estable (resp. inestable) del linealizado, entonces \bar{x} es un foco estable (resp. inestable) para el sistema original.*

Para el caso no hiperbólico de un centro para el sistema linealizado, no está asegurada la conservación de la geometría cercana al origen al pasar al sistema original.

Teorema 2.16. *Sean A un abierto de \mathbb{R}^2 que contiene al origen y $f \in C^1(A)$ con $f(0) = 0$. Si el origen es un centro para el sistema linealizado, entonces es un centro, un foco o un centro-foco para el sistema (1.1).*

Este teorema, probado en [18], acota las posibles opciones en las que se transforma un centro del linealizado en el correspondiente sistema no lineal en el plano; sin embargo, no se puede determinar cuál de ellas será, salvo situaciones muy particulares como la del siguiente teorema recogido en [18].

Teorema 2.17. *Sean A un abierto de \mathbb{R}^2 que contiene al origen y $f \in C^1(A)$ con $f(0) = 0$. Si el sistema no lineal es simétrico respecto alguno de los ejes coordenados y el origen es un centro para el sistema linealizado, entonces es un centro para el sistema (1.1).*

Plano traza-determinante Existe una forma rápida de clasificar el origen como equilibrio de un sistema plano cualquiera. A este método se le conoce como plano traza-determinante. Ahora veremos el motivo de este nombre. Partimos de una matriz general $A = (a_{ij})_{i,j=1}^n$ con $n = 2$. Luego, su polinomio característico será

$$\begin{aligned} P_A(z) &= \det(zI - A) = \det \begin{pmatrix} z - a_{11} & -a_{12} \\ -a_{21} & z - a_{22} \end{pmatrix} = (z - a_{11})(z - a_{22}) - a_{21}a_{12} \\ &= z^2 - (a_{11} + a_{22})z + a_{11}a_{22} - a_{21}a_{12} = z^2 - (\operatorname{tr}A)z + \det A. \end{aligned} \quad (2.57)$$

Por otra parte, si $\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{C}$ son los autovalores de la matriz A (pudiendo coincidir), entonces el polinomio característico será

$$P_A(z) = (z - \lambda_1)(z - \lambda_2) = z^2 - (\lambda_1 + \lambda_2)z + \lambda_1\lambda_2. \quad (2.58)$$

Relacionando las expresiones (2.57) y (2.58) del polinomio P_A se llega a que

$$\begin{cases} \operatorname{tr}A = \lambda_1 + \lambda_2 \\ \det A = \lambda_1\lambda_2 \end{cases} \quad y \quad \begin{cases} \lambda_1 = \frac{1}{2}(\operatorname{tr}A + \sqrt{\Delta}) \\ \lambda_2 = \frac{1}{2}(\operatorname{tr}A - \sqrt{\Delta}) \end{cases}, \quad (2.59)$$

donde $\Delta = (\operatorname{tr}A)^2 - 4\det A$. A partir de esto, vamos a ir distinguiendo casos para clasificar el punto de equilibrio en función de la traza y el determinante de la matriz asociada al sistema.

- En primer lugar, notemos que si $\Delta = 0$, entonces ambos autovalores coinciden. Con lo visto durante la explicación de los sistemas planos, sabemos que el sistema presenta en el equilibrio un nodo impropio o propio (estrella) en función de si la matriz diagonaliza o no.

A partir de aquí vamos a separar los casos en función del signo del determinante, la traza y Δ .

- Si $\Delta < 0$, entonces los autovalores λ_1 y λ_2 son complejos. En consecuencia, el sistema presentará en el origen un foco o un centro. En concreto, dependerá de la parte real de los autovalores. Como se vio en los sistemas planos, si la parte real es nula, entonces tendremos un centro. Si por el contrario, la parte real es distinta de cero, el sistema presentará un foco.

Es sencillo observar de (2.59) que la parte real de los autovalores será $\frac{\operatorname{tr}A}{2}$. Por tanto, si $\operatorname{tr}A = 0$, entonces el origen será un centro; mientras que, si $\operatorname{tr}A \neq 0$, será un foco.

- Si $\Delta > 0$, los autovalores son reales y distintos. Entonces la matriz diagonaliza y estamos ante el primer caso tratado en sistemas planos. Esto nos deja con dos posibilidades, que el sistema presente en el origen un nodo o un punto de silla.

Vimos, cuando tratamos este caso de sistema plano, que el sistema tenía un nodo en el origen si ambos autovalores coinciden en signo. Sin embargo, si tienen signos

opuestos, será un punto de silla. En (2.59), tenemos que $\det A = \lambda_1 \lambda_2$. Luego, si $\det A > 0$, los autovalores tienen el mismo signo y es, como hemos dicho, un nodo. Por otra parte, si $\det A < 0$, los autovalores tienen distinto signo y el origen es, como se explicó, un punto de silla.

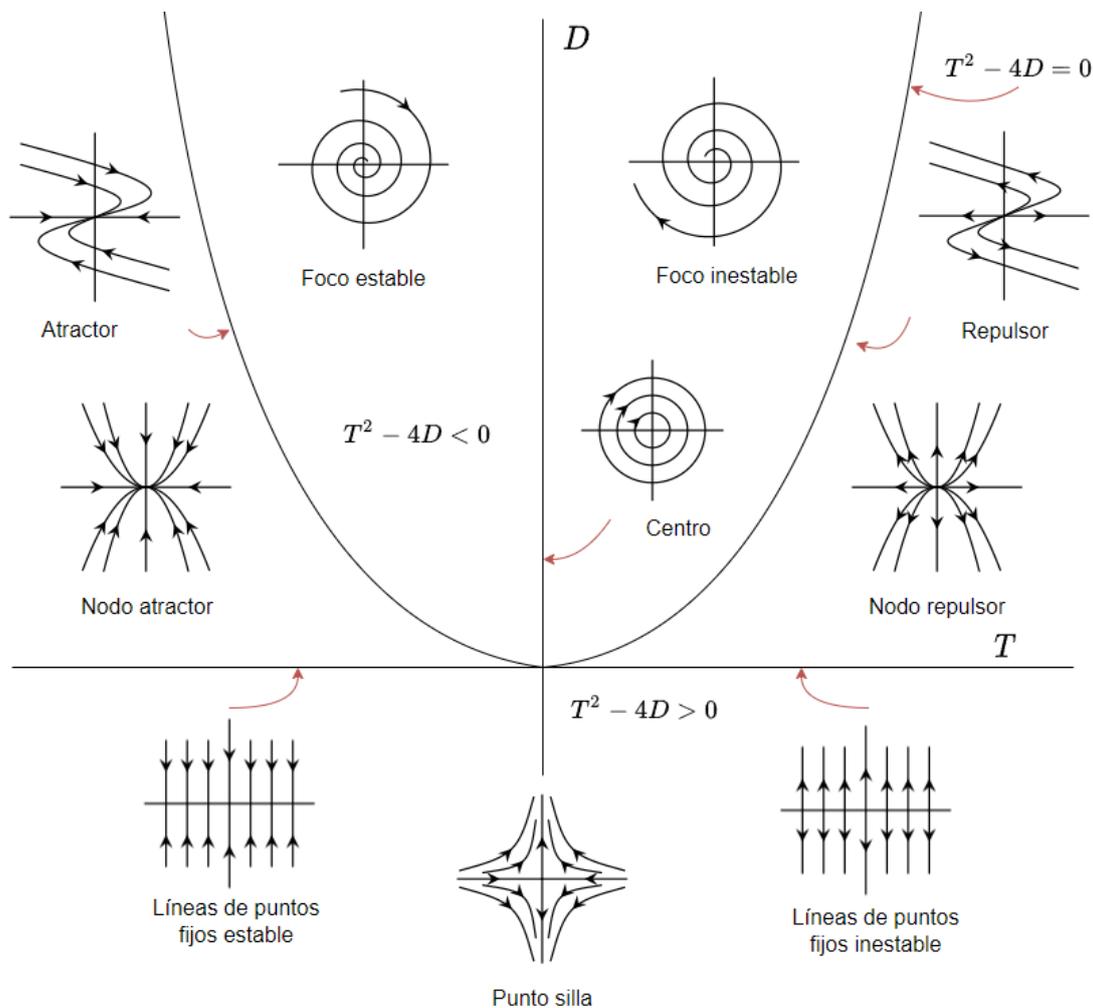


Figura 2.2: Plano traza-determinante.

Así, todas las deducciones anteriores quedan recogidas en lo que se conoce como el plano traza-determinante que se presenta en la figura (2.2).

2.3 Métodos numéricos.

A lo largo de la teoría descrita hasta el momento nos encontramos con situaciones donde es posible que no podamos obtener soluciones analíticas para nuestros modelos. Cuando

la teoría no alcanza, tenemos la oportunidad de utilizar métodos numéricos. Así, examinaremos los sistemas a partir de aproximaciones que puedan esbozar la dinámica del modelo en cuestión con situaciones que requieren la utilización de procedimientos numéricos:

- Cálculo de equilibrios: resolución numérica de ecuaciones algebraicas [6].
- Cálculo de autovalores: resolución numérica del problema de autovalores [6, 11].
- Aproximación numérica de EDOs [15].

El objetivo de esta sección es reflejar la necesidad de aproximación numérica para estos problemas. Para ello, nos centraremos en este último punto, en el que se trata de aproximar numéricamente la trayectoria de un pvi dado.

2.3.1 Aproximación numérica de EDOs.

Como ya se ha comentado anteriormente, una ecuación diferencial no se puede integrar en general. En esta sección se buscan aproximaciones numéricas a la solución exacta a un pvi de la forma general (1.4). Con este propósito, se estudiarán los métodos de variable discreta, para concretar en la clase de los métodos Runge-Kutta.

Por otra parte, cabe mencionar que a lo largo de esta sección, para el pvi (1.4) con dato inicial en t_0 se asume que $f = (f_1, \dots, f_d)$ es C^1 en $[t_0, T] \times \mathbb{R}^d$ para tener solución única en $[t_0, T]$ según la teoría descrita en la sección 2.1 del capítulo 2. Además, por sencillez desarrollaremos la explicación para el caso escalar.

Métodos de variable discreta

Discretización Las aproximaciones numéricas para la solución de (1.4) parten de una discretización del problema, particionando el intervalo $[t_0, T]$ en una red discreta de nodos $t_0 < t_1 < \dots < t_N = T$. Luego, el propósito es construir un procedimiento para generar aproximaciones numéricas x_n a los valores de la solución en los nodos $x(t_n)$, $n = 0, \dots, N$. Los métodos numéricos basados en discretización consistirán en una ecuación en diferencias que, a partir de un número consecutivo de k aproximaciones $x_n, x_{n-1}, \dots, x_{n-(k-1)}$ genera la siguiente aproximación x_{n+1} . Diremos que el método es de k pasos.

Por otra parte, en función del número de pasos se necesitará un distinto número de datos iniciales para la ecuación en diferencias. Para un único paso, bastará con el valor inicial x_0 ; mientras que para un número k de pasos mayor, es necesario tomar valores iniciales x_0, \dots, x_{k-1} . De esta manera, la solución numérica va avanzando paso a paso. Conocidos x_0, \dots, x_n , el esquema avanza la solución numérica un paso de longitud h_n desde t_n a $t_{n+1} = t_n + h_n$ para obtener x_{n+1} . El procedimiento se ejecuta hasta llegar al extremo $t_N = T$. En la descripción que se hará, se utilizará una longitud de paso constante h , de modo que la red de discretización será uniforme con

$$t_n = t_0 + nh, \quad n = 0, \dots, N, \quad h = \frac{t_N - t_0}{N}.$$

Método de Euler Para resolver un pvi como (1.4) en una dimensión, se parte del valor inicial $x(0) = x_0$. El método de Euler explícito genera una aproximación a partir de la ecuación en diferencias

$$x_{n+1} = x_n + hf(t_n, x_n), \quad n = 0, 1, \dots, N - 1. \quad (2.60)$$

La fórmula (2.60) se obtiene cuando se trata de aproximar la derivada en t_n a partir del cociente incremental

$$x'(t_n) \approx \frac{x(t_{n+1}) - x(t_n)}{t_{n+1} - t_n} = \frac{x(t_{n+1}) - x(t_n)}{h}.$$

Geoméricamente, el método de Euler avanza a partir de (t_0, x_0) en la dirección de la recta tangente a $x(t)$ en t_0 , cuya expresión viene dada por $f(t_0, x_0)$, para obtener x_1 . Posteriormente, a partir de (t_1, x_1) se avanza en la dirección de $f(t_1, x_1)$, para obtener x_2 , y así sucesivamente para obtener la aproximación numérica a la solución exacta $x(t)$.

Concepto de error local y global Para la elección de un método numérico para aproximar una EDO, nos podemos fijar en los errores globales, es decir, las diferencias entre la solución exacta y la numérica en cada nodo de la red:

$$e_n = x(t_n) - x_n, \quad n \geq 0.$$

Sin embargo, los esquemas no intentan controlar directamente estas cantidades, dado que normalmente no se conoce la solución $x(t)$, sino que tratan de aproximar de forma óptima la solución local $x_n(t)$ o solución del problema

$$x'_n(t) = f(t, x), \quad x_n(t_n) = x_n.$$

De esta manera, el error global puede verse como la suma de los diferentes errores locales

$$e_{n+1}^l = x_n(t_{n+1}) - x_{n+1}, \quad n \geq 0.$$

Métodos de un paso

Vamos a centrarnos en los métodos de un paso. Para comenzar, trataremos los métodos de Taylor por su sencillez, continuando por una descripción general de los métodos de un paso.

Métodos de Taylor El método de Euler (2.60) se puede construir truncando el desarrollo de Taylor de $x(t_0 + h)$ en torno al punto t_0 hasta los términos $O(h^2)$. Utilizando esta idea de los desarrollos de Taylor y reteniendo más términos del mismo, se pueden construir métodos numéricos donde el error sea menor.

De esta forma, el método de Taylor de orden p para aproximar la solución en $t_{n+1} = t_n + h$ a partir del dato en t_n parte de la expresión

$$x_{n+1} = x_n + hx'_n + \frac{h^2}{2}x''_n + \cdots + \frac{h^p}{p!}x_n^{(p)}, \quad (2.61)$$

donde $x'_n, x''_n, \dots, x_n^{(p)}$ son las evaluaciones $x(t_n), x'(t_n), \dots, x^{(p)}(t_n)$. Además, la ecuación (2.61) la escribiremos, como introducción a la forma general de los métodos explícitos de un paso, como

$$x_{n+1} = x_n + h\Phi(t_n, x_n, h), \quad (2.62)$$

con

$$\Phi(t, x, h) = x' + \frac{h}{2}x'' + \cdots + \frac{h^{p-1}}{p!}x^{(p)}.$$

Para obtener las ecuaciones propias de un método de Taylor es necesario derivar $p - 1$ veces $f(t_n, x_n)$ y evaluar las expresiones en (t_n, x_n) . Esto aumenta enormemente el coste computacional del método. Para solucionar esto, se introducirán más adelante los métodos Runge-Kutta.

Forma general de un método explícito de un paso La fórmula (2.62) puede utilizarse para introducir métodos más generales de un paso a partir de la función Φ . Para ello, se asume que Φ satisface las condiciones

$$\Phi(t, x, 0) = f(t, x), \quad t > 0, \quad x \in \mathbb{R}, \quad (2.63)$$

y

$$|\Phi(t, x, h) - \Phi(t, x^*, h)| \leq L|x - x^*|, \quad (2.64)$$

con L una constante positiva, $x, x^* \in \mathbb{R}, h > 0$.

Concepto de estabilidad, órdenes de consistencia y convergencia Se dice que un método de aproximación numérica es consistente de orden p si los errores locales se comportan como $O(h^{p+1})$ cuando $h \rightarrow 0$; es decir, si los desarrollos de Taylor de $x_n(t_{n+1})$ y x_{n+1} coinciden hasta los términos en h^p incluidos, suponiendo que f es suficientemente regular. Por otra parte, decimos que el método es convergente si

$$\lim_{h \rightarrow 0^+} \max_{0 \leq n \leq N} |x(t_n) - x_n| = 0,$$

cuando $y_0 = y_0(h) \rightarrow y(t_0), h \rightarrow 0$; es decir, si los errores globales disminuyen cuando la longitud de paso se hace más pequeña. Además, se dice que la convergencia es de orden p si, suponiendo que $y_0 = y_0(h) \rightarrow y(t_0)$ cuando $h \rightarrow 0$, p es el máximo entero tal que

$$\max_{0 \leq n \leq N} |x(t_n) - x_n| = O(h^p), \quad h \rightarrow 0^+,$$

siempre que $f \in C^p$.

Para obtener unos errores globales pequeños, no basta con buscar errores locales pequeños, pues puede ocurrir que la concatenación de errores locales amplifique el error global, propagando el mismo de manera incontrolada. Con el objetivo de analizar esta situación, se introduce el concepto de estabilidad.

Observemos primero que las sucesiones $\{x_n\}_{n=0}^N$ y $\{x(t_n)\}_{n=0}^N$ satisfacen, respectivamente, las ecuaciones en diferencias

$$x_{n+1} = x_n + h \Phi(t_n, x_n, h), \quad (2.65)$$

$$y_{n+1} = y_n + h \Phi(t_n, y_n, h) + d_{n+1}, \quad (2.66)$$

con valores de arranque x_0 y $y_0 = x_0 + d_0$, y donde las perturbaciones $\{d_n\}_n$ vienen dadas por los errores locales. A partir de estos sistemas, se dice que el método es estable si sus soluciones verifican que

$$\max_{0 \leq n \leq N} |y_n - z_n| \leq S \sum_{j=0}^N |d_j|,$$

con $S > 0$ constante de estabilidad independiente de h . Esta propiedad representa el hecho de que pequeñas perturbaciones del esquema en diferencias que define el método, medidas en la norma

$$\|d\| = \sum_{j=0}^N |d_j|, \quad d = \{d_j\}_{j=0}^N,$$

no generan soluciones numéricas muy alejadas.

Por otra parte, las condiciones que se establecieron en (2.63) y (2.64) se pueden relacionar con la consistencia y estabilidad del método. Por un lado, si Φ verifica (2.63) y es suficientemente regular, se tiene que

$$\begin{aligned} \Phi(t, x, h) &= \Phi(t, x, 0) + h \Phi_h(t, x, 0) + O(h^2) \\ &= f(t, x) + h \Phi_h(t, x, 0) + O(h^2), \quad h \rightarrow 0^+. \end{aligned}$$

Entonces,

$$\begin{aligned} e_{n+1}^l &= x(t_{n+1}) - x(t_n) - h \Phi(t_n, x(t_n), h) \\ &= x(t_{n+1}) - x(t_n) - h f(t_n, x(t_n)) + O(h^2), \quad h \rightarrow 0^+, \end{aligned}$$

de manera que el método es consistente con orden al menos uno. Luego, la condición (2.63) implica consistencia.

En segundo lugar, también se puede establecer una relación entre la propiedad (2.64) y la estabilidad. Si Φ satisface (2.64),

$$\begin{aligned} |x_n - y_n| &= |x_{n-1} - y_{n-1} + h(\Phi(t_{n-1}, x_{n-1}, h) - \Phi(t_{n-1}, y_{n-1}, h)) + d_n| \\ &\leq |x_{n-1} - y_{n-1}| + h \tilde{L} |x_{n-1} - y_{n-1}| + |d_n| \\ &= (1 + h \tilde{L}) |x_{n-1} - y_{n-1}| + |d_n|. \end{aligned}$$

Luego, se tiene que

$$|y_n - z_n| \leq S \sum_{j=0}^N |d_j|,$$

con $S = e^{\tilde{L}(T-t_0)}$. Por tanto, un método que satisface (2.64) es estable.

Finalmente, vamos a ver que la convergencia de estos métodos de aproximación numérica viene dada por la conjunción de las dos propiedades anteriores.

Teorema 2.18. *Dado un método de un paso (2.62), si Φ satisface las condiciones (2.63) y (2.64), entonces, el método es convergente. Además, si el método es consistente de orden p y*

$$|x_0 - x(t_0)| = O(h^p), \quad h \rightarrow 0,$$

entonces el método es convergente de orden p .

Métodos Runge-Kutta

Vamos a centrar el estudio de los métodos de un paso en los métodos RK, los cuales sustituyen las derivadas de orden alto que requieren los métodos de Taylor por evaluaciones de la propia función f en más puntos. Los métodos Runge-Kutta (RK) son una familia de métodos que se basan en la idea de resolver una EDO de la forma (1.1) siguiendo la formulación integral del problema,

$$\frac{d}{dt}x(t) = f(t, x(t)) \Rightarrow \int_{t_n}^{t_{n+h}} x'(s) ds = \int_{t_n}^{t_{n+1}} f(s, x(s)) ds,$$

y, se tiene que,

$$x(t_n + h) = x(t_n) + \int_{t_n}^{t_{n+1}} f(s, x(s)) ds = x(t_n) + h \int_0^1 f(t_n + h\tau, x(t_n + h\tau)) d\tau$$

donde la segunda igualdad se tiene sabiendo que $t_{n+1} = t_n + h$ y aplicando el cambio de variable $s = t_n + h\tau$. A partir de esta expresión, se puede sustituir la segunda integral por una fórmula de cuadratura (véase [15]), obteniendo finalmente la recurrencia

$$x_{n+1} = x_n + h \sum_{j=1}^s b_j f(t_n + c_j h, x(t_n + c_j h)), \quad n = 0, 1, \dots \quad (2.67)$$

Formulación general de un método RK A partir de la ecuación (2.67), el método general de un método Runge-Kutta de s etapas es:

$$\begin{aligned}
 k_i &= f(t_n + c_i h, x_n + h \sum_{j=1}^s a_{ij} k_j), \quad 1 \leq i \leq s, \\
 x_{n+1} &= x_n + h \sum_{i=1}^s b_i k_i, \\
 t_{n+1} &= t_n + h,
 \end{aligned} \tag{2.68}$$

donde los coeficientes b_i , $1 \leq i \leq s$, a_{ij} , $1 \leq i, j \leq s$ definen el método y $c_i = \sum_{j=1}^s a_{ij}$, $1 \leq i \leq s$. Habitualmente, los coeficientes que definen el método RK se escriben en lo que se denomina tablero de Butcher, representado en la tabla 2.1

$$\begin{array}{c|c} c & A \\ \hline & b^T \end{array} = \begin{array}{c|ccc} c_1 & a_{11} & \cdots & a_{1s} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ c_s & a_{s1} & \cdots & a_{ss} \\ \hline & b_1 & \cdots & b_s \end{array}.$$

Tabla 2.1: Forma general de las tablas RK.

Alternativamente, las ecuaciones del método Runge-Kutta se pueden escribir como

$$\begin{aligned}
 X_i &= x_n + h \sum_{j=1}^s a_{ij} f(t_n + c_j h, X_j), \quad 1 \leq i \leq s, \\
 x_{n+1} &= x_n + h \sum_{i=1}^s b_i f(t_n + c_j h, X_i), \\
 t_{n+1} &= t_n + h,
 \end{aligned} \tag{2.69}$$

donde los X_i , $1 \leq i \leq s$ se denominan etapas intermedias, que son aproximaciones a la solución en los tiempos $t_n + c_i h$, $1 \leq i \leq s$.

Las ecuaciones (2.68) para obtener los k_i constituyen un sistema $s \times d$ de ecuaciones no lineales. Una vez obtenidos estos k_i , $1 \leq i \leq s$ se pueden utilizar para hallar x_{n+1} . Otra opción es utilizar las ecuaciones (2.69) para resolver el sistema de $s \times d$ en ecuaciones no lineales que define las etapas intermedias y, posteriormente, actualizar x_{n+1} . En general, estos sistemas están definidos de manera implícita, para lo que es necesario aplicar técnicas como las de iteración de punto fijo o el método de Newton [6].

Métodos explícitos Runge-Kutta Un caso particular en el que no es necesario aplicar otras técnicas numéricas como la iteración del punto fijo lo constituyen los métodos Runge-Kutta explícitos (ERK).

Si para el sistema (2.68) o (2.69) $a_{ij} = 0$ para $i \leq j$; es decir, si la matriz A es estrictamente triangular inferior, entonces $c_i = \sum_{j=1}^{i-1} a_{ij}$, $i > 0$, con $c_1 = 0$, y la evaluación

de cada etapa se puede realizar de manera explícita en función de las etapas anteriores. En esto consisten los métodos Runge-Kutta explícitos.

Por otra parte, los métodos RK donde A no es triangular inferior se denominan métodos Runge-Kutta implícitos (IRK). En [15] se completa toda la teoría para los métodos IRK, aunque aquí no se trate puesto que no se emplearán para el objetivo final de analizar modelos presentes en el campo de estudio de la biología.

Introducción al estudio del orden en un método RK La manera más natural de construir fórmulas RK de un orden dado p consiste en imponer directamente, sobre los coeficientes del tablero de Butcher, las condiciones derivadas de exigir que

$$|x(t_n + h) - x_{n+1}| = O(h^{p+1}), \quad h \rightarrow 0.$$

Esto equivale a buscar que la consistencia del método sea de orden p , suponiendo f suficientemente derivable.

Como ilustración del procedimiento para el caso de RK explícito, consideremos (1.1). Si deseamos determinar métodos de una etapa, los desarrollos se deben hacer coincidir hasta términos de primer orden. Por tanto, queremos que coincidan las expresiones de

$$x(t_n + h) = x_n + hf(x_n) + O(h^2),$$

$$x_{n+1}(h) = x_n + hb_1f(x_n).$$

Para lo que es necesario que $b_1 = 1$. De esta forma, solo hay un método explícito de orden uno, el de Euler.

Para métodos de dos etapas, el desarrollo del método explícito será

$$x_{n+1} = x_n + h(b_1 + b_2)f(x_n) + h^2b_2a_{21}f'(x_n)f(x_n) + O(h^3);$$

mientras que el de la solución es

$$x(t_n + h) = x_n + hf(x_n) + \frac{h^2}{2}f'(x_n)f(x_n) + O(h^3).$$

De manera que se alcanza orden dos para

$$b_1 + b_2 = 1, \quad b_2a_{21} = b_2c_2 = \frac{1}{2}.$$

Además, si dispusiéramos los términos $O(h^3)$ de ambos desarrollos, observaríamos que con estos valores no puede alcanzarse orden tres. Hay dos ecuaciones para tres parámetros, por lo que se tiene una familia uniparamétrica de dos etapas y orden dos. Casos particulares comúnmente utilizados son:

1. **Euler modificado:** $b_1 = 0, b_2 = 1, c_2 = \frac{1}{2}$.
2. **Euler mejorado:** $b_1 = b_2 = \frac{1}{2}, c_2 = 1$.

3. **Método de Heun:** $b_1 = \frac{1}{4}$, $b_2 = \frac{3}{4}$, $c_2 = \frac{2}{3}$.

Con un razonamiento similar, pueden deducirse condiciones que se deben dar para métodos de un número mayor de etapas. Además, la deducción de métodos RK de orden más alto puede sistematizarse mediante la llamada teoría algebraica de Butcher, que no trataremos aquí [13, 16]. Como consecuencia de esta teoría se tienen las llamadas barreras de Butcher, que determinan el orden máximo que puede alcanzar un método RK explícito, y que hemos deducido directamente en el caso de una y dos etapas. Las barreras dicen lo siguiente:

- Un método RK explícito de s etapas no puede tener orden mayor que s .
- No existen métodos RK explícitos de cinco etapas y orden cinco. Más generalmente, para $s \geq 5$, no existen métodos RK explícitos de s etapas y orden s .

En la tabla 2.2 se relacionan algunos resultados conocidos sobre el número de etapas necesario para alcanzar el orden correspondiente.

Orden	1	2	3	4	5	6	7	8
Etapas	1	2	3	4	6	7	9	11

Tabla 2.2: Número de etapas necesario para alcanzar distintos órdenes.

Además de estudiar el orden de un método RK de manera teórica, este se puede comprobar computacionalmente. Para ello, vamos a suponer el pvi (1.4) con $f : \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$ dada por $f(x) = -x$ con dato inicial $x(0) = 1$ y a comprobar el orden de los dos métodos RK que se usarán en el capítulo 3 evaluando los errores en el tiempo final $T = 10$ para diferentes longitudes de paso h . Comencemos por el método de Euler mejorado, que tiene por tabla de Butcher la tabla 2.3.

0	0	0
1	1	0
	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$

Tabla 2.3: Tabla de Butcher del método de Euler mejorado.

Para verificar el orden del método a partir de los errores en función de la longitud de paso se hace uso del código 1 que puede consultarse en el apéndice A1. En la tabla 2.4 se observa que, como función de h , el error es $O(h^2)$, pues al dividir la longitud de paso por diez, los errores para $T = 10$ se reducen en un factor de 10^2 aproximadamente.

h	error
1e-01	8.2304e-07
1e-02	7.6242e-09
1e-03	7.5723e-11
1e-04	7.5672e-13

Tabla 2.4: Errores en $T = 10$ del método de Euler mejorado para (2.70).

El segundo método que se empleará en el capítulo 3 es el que se recoge en la tabla 2.5. Este es un método explícito de 3 etapas; luego, siguiendo la tabla 2.2, tendrá como máximo orden 3.

0			
$\frac{1}{3}$	$\frac{1}{3}$		
$\frac{2}{3}$	0	$\frac{2}{3}$	
	$\frac{1}{4}$	0	$\frac{3}{2}$

Tabla 2.5: Tabla de Butcher del método RK utilizado de orden 3.

Replicando la prueba para obtener los resultados de la tabla 2.4, se obtiene la tabla 2.6 de errores en función de la longitud de paso h a partir del código 2 del apéndice A1. Como se puede observar, al reducir la longitud de paso por 10, los errores se ven reducidos en un factor de aproximadamente 10^3 . En consecuencia, se verifica que el método propuesto con tabla de Butcher 2.5 tiene orden tres.

h	error
1e-01	2.0490e-08
1e-02	1.9068e-11
1e-03	1.8931e-14
1e-04	1.8106e-17

Tabla 2.6: Errores en $T = 10$ del método RK con tabla 2.5 para (2.70).

Estabilidad absoluta El concepto estudiado de cero-estabilidad garantiza que pequeños errores locales no amplifican el error global de manera descontrolada cuando la longitud de paso $h \rightarrow 0$. Para esto se requiere que el intervalo de integración esté acotado. En ocasiones, sin embargo, es necesario aproximar sobre intervalos de tiempo de mayor longitud, para lo que no se puede aplicar el teorema 2.18. Esta nueva situación requiere aproximar la solución en intervalos de tiempo arbitrariamente grandes con valores moderados de la

longitud de paso h . Para estudiar esta situación se introduce el concepto de estabilidad absoluta. Partimos del pvi

$$\begin{aligned}x'(t) &= \lambda x(t), \quad t > 0, \\x(0) &= 1,\end{aligned}\tag{2.70}$$

con $\lambda \in \mathbb{C}$, $\text{Re}(\lambda) < 0$. En este caso, la solución es $x(t) = e^{\lambda t}$, que tiende a cero cuando $t \rightarrow \infty$. Se dice que un método de un paso con $x_0 = 1$ es absolutamente estable si

$$\lim_{n \rightarrow \infty} x_n = 0.$$

La región de estabilidad absoluta del método consiste en aquellos números complejos $z = h\lambda$ para los que el método es absolutamente estable. Así, cuanto mayor es la región de estabilidad absoluta, más conveniente es el método para integraciones en tiempos largos. Es aquí donde surge la necesidad de emplear métodos implícitos, ya que algunos son más apropiados por tener regiones de estabilidad absoluta mayores [16].

Problemas rígidos Un problema rígido es aquel cuyas soluciones contienen componentes que decaen exponencialmente. Una buena aproximación para aquella parte de la solución que decae rápidamente suele obligar a reducir bastante la longitud de paso, lo que aumenta el coste computacional a veces de manera excesiva para el carácter transitorio de esa parte de la solución. Para solventar esta problemática, se emplean métodos implícitos por su mejor comportamiento, que queda justificado con la estabilidad absoluta [16].

Capítulo 3

Modelos matemáticos.

Tras haber expuesto los fundamentos teóricos de las ecuaciones diferenciales ordinarias, en este capítulo se estudiará un conjunto de modelos matemáticos que hacen uso de dichas herramientas para describir fenómenos reales.

El objetivo de este capítulo es presentar sistemas que modelan diversos procesos del área de la biología. En estos se utilizarán EDOs para describir las distintas situaciones, analizando sus características cualitativas, la existencia de puntos de equilibrio y su estabilidad. Además, cada modelo se acompañará de la correspondiente interpretación en el campo de la biología sobre su comportamiento en función de los parámetros implicados. Esta sección servirá, por tanto, para ejemplificar toda la teoría abstracta tratada sobre EDOs y los métodos numéricos de manera aplicada a casos reales del campo de la biología [10].

3.1 Cinética química.

En biología, la cinética química es fundamental para entender procesos moleculares y celulares esenciales, como el metabolismo y la regulación genética, dado que se encarga de estudiar las velocidades de las reacciones químicas y los factores que las afectan, como la concentración de reactivos o la presencia de catalizadores (enzimas en el contexto biológico).

Las leyes que gobiernan la cinética química son descritas en términos de EDOs, dado que expresan la evolución de las reacciones a lo largo del tiempo. Para el caso de las reacciones complejas, en las que intervienen diversas moléculas, estas ecuaciones son no lineales e ilustran las propiedades matemáticas que se han presentado en el capítulo 2. En esta sección se va a seguir la explicación dada en [10].

3.1.1 Principios

Para estudiar la evolución de una reacción química, lo primero que se debe hacer es plantear una EDO que describa el sistema. Luego, vamos a ver cómo describir una reacción a partir de una ecuación diferencial con el caso de la formación de proteínas.

Sean A y B dos proteínas que se combinan para dar lugar a una tercera proteína C , este proceso se expresa como



La velocidad con la que una reacción se produce depende de distintos factores. Para el caso presentado en (3.1), si se supone que A y B reaccionan con constante de velocidad k_1 al entrar en contacto. Se representa entonces la ecuación (3.1) de la forma



A este valor k_1 se le denominará a partir de ahora coeficiente de velocidad. Por otra parte, la concentración de una especie M a lo largo del tiempo se denota como $[M](t)$.

Ley de Acción de Masas

La ley de acción de masas [10] establece que la velocidad de reacción $\frac{d[C](t)}{dt}$ en la ecuación (3.2) para la proteína C viene dada por

$$\frac{d[C](t)}{dt} = k_1[A](t)[B](t).$$

Además, con la misma velocidad que aumenta la cantidad de producto C tendrá que disminuir la cantidad de reactivos A y B . Esto deriva en otras ecuaciones que también están asociadas a la reacción (3.2) y modelan cómo cambia la concentración de las proteínas A y B . Dichas ecuaciones son:

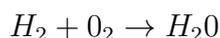
$$\frac{d[A]}{dt} = -\frac{d[C]}{dt} = -k_1[A][B], \quad \frac{d[B]}{dt} = -\frac{d[C]}{dt} = -k_1[A][B]. \quad (3.3)$$

Con las ecuaciones planteadas, se describe cómo se reduce la concentración de proteínas que reaccionan, a la vez que se expresa la génesis de la proteína C .

Ley de Lavoisier

Las fórmulas químicas recogen información no solo del tipo de sustancias que interaccionan, sino también sobre la proporción en la que se combinan. Luego, tiene que cumplirse la ley de Lavoisier, coincidiendo la masa, y por tanto, el número de átomos de cada elemento entre reactivos y productos [7].

Para ello, se introducen unos coeficientes, denominados estequiométricos, que ajustan la ecuación. De esta forma, para una reacción, por ejemplo, entre el oxígeno (O_2) y el hidrógeno (H_2), no se representa como



dado que esto indica que con la unión de dos moléculas, una de hidrógeno y otra de oxígeno, cada una con dos átomos de su respectivo elemento, obtenemos una molécula con dos átomos de hidrógeno y uno de oxígeno, contradiciendo la ley de acción de masas

y, en consecuencia, la ley de Lavoisier. En su lugar, la reacción anterior debe ajustarse empleando coeficientes estequiométricos, expresándose finalmente como



Así, a través de la ecuación (3.4), se indica que dos moléculas de hidrógeno, con dos átomos de este elemento cada una, y otra molécula de oxígeno, también con dos átomos de ese elemento, reaccionan obteniendo dos moléculas de agua, cada una con dos átomos de hidrógeno y uno de oxígeno. De esta forma, se tiene el mismo número de átomos de cada elemento tanto en los reactivos como en los productos, como establece la Ley de Lavoisier.

Sistemas estequiométricos con dos reactivos

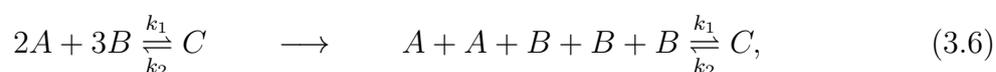
Continuando con las reacciones entre proteínas, cada reacción que se estudie como (3.2), tiene su correspondiente ecuación reversible. En este caso, la inversa a (3.2) se tiene que es



Actuando de igual forma que en (3.2) y uniéndolo con las ecuaciones de (3.3), se obtiene el sistema estequiométrico que describe la interacción entre las proteínas A , B y C , que es el siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{d[A]}{dt} &= -v_1 + v_2, \\ \frac{d[B]}{dt} &= -v_1 + v_2, \quad \text{donde} \quad \begin{aligned} v_1 &= k_1[A][B], \\ v_2 &= k_2[C]. \end{aligned} \\ \frac{d[C]}{dt} &= v_1 - v_2, \end{aligned}$$

En el caso de la presencia de coeficientes estequiométricos distintos de 1 en la descripción de una reacción química, la obtención del sistema sigue teniendo el mismo fundamento. Basta tener en cuenta que podemos expresar el sistema como a continuación:



lo que conlleva, siguiendo la ley de acción de masas, a la obtención de ecuaciones de la forma

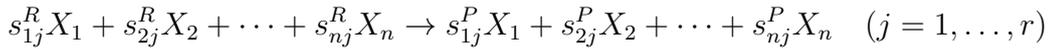
$$\frac{d[C]}{dt} = k_1[A]^2[B]^3.$$

Así, teniendo la reacción (3.6) entre proteínas, se obtiene finalmente el sistema estequiométrico siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{d[A]}{dt} &= -2v_1 + 2v_2, \\ \frac{d[B]}{dt} &= -3v_1 + 3v_2, \\ \frac{d[C]}{dt} &= v_1 - v_2, \end{aligned} \quad \text{donde} \quad \begin{aligned} v_1 &= k_1[A]^2[B]^3, \\ v_2 &= k_2[C]. \end{aligned}$$

Generalización de sistemas estequiométricos

Hasta el momento se ha visto cómo plantear un sistema estequiométrico con dos reactivos y un producto. De igual forma, se pueden considerar n compuestos químicos con sus respectivas concentraciones $[X_1], [X_2], \dots, [X_n]$. Para plantear el sistema estequiométrico, se presentan r reacciones químicas de la forma



donde s_{ij}^R, s_{ij}^P son los coeficientes estequiométricos de la especie i en el lado de los reactivos, y de los productos, respectivamente, en la reacción j .

Sean $\bar{X} = ([X_1], \dots, [X_n])^T$ y $\bar{v} = (v_1, \dots, v_r)^T$ los vectores de concentraciones y velocidades, respectivamente, donde v_j es la velocidad de la reacción j . Sea $S \in \mathbb{R}^{n \times r}$ la matriz estequiométrica de elementos s_{ij} , donde $s_{ij} = s_{ij}^P - s_{ij}^R$. Entonces, el sistema estequiométrico que rige las reacciones planteadas para las especies X_1, X_2, \dots, X_n es

$$\frac{d[X_i]}{dt} = \sum_{j=1}^r s_{ij} v_j, \quad i = 1, \dots, n. \quad (3.7)$$

Seguindo la Ley de Acción de Masas, para cada reacción j , la velocidad de reacción v_j viene dada por

$$v_j = k_j \prod_{i=1}^n [X_i]^{s_{ij}^R}.$$

y, sustituyendo esta expresión para la velocidad en el sistema (3.7), se puede escribir el mismo como

$$\frac{d[X_i]}{dt} = \sum_{j=1}^r s_{ij} k_j \prod_{i=1}^n [X_i]^{s_{ij}^R}, \quad i = 1, \dots, n. \quad (3.8)$$

Para un sistema que describa la interacción de ciertas proteínas como el (3.8), se puede estudiar cómo evoluciona la concentración de cada una de ellas a través de la resolución de ese mismo sistema.

3.1.2 Enzimas

Como se ha explicado, la cinética química se encarga tanto del estudio de las velocidades a las que ocurren las reacciones químicas como de los factores que las afectan. Dentro de estos factores, cobra especial relevancia la presencia de catalizadores. Un catalizador es una sustancia que modifica la velocidad a la que ocurre la reacción química en la que se incluye y se recupera sin cambios al final de la misma [5].

Los sistemas biológicos también tienen sus propios catalizadores para regular las reacciones químicas que acontecen en ellos. Esta es la función de las enzimas, proteínas que actúan como catalizadores biológicos para las reacciones que tienen lugar en las células. Además, la enzima no se destruye durante la reacción y se utiliza permanentemente con este propósito. Una célula contiene diferentes tipos de moléculas de enzimas específicas para cada reacción química particular. Como consecuencia, el conjunto de enzimas presentes en una célula determina el tipo de metabolismo que tiene esa célula.

Análisis de reacciones dependientes de enzimas

El estudio de una reacción química cualquiera como (3.1) mediante el planteamiento de un sistema de EDOs apropiado se extiende para una reacción en presencia de una enzima [10]. Sea una enzima E que convierte una molécula S en otra molécula P . Se describe este proceso mediante la siguiente representación:



donde a S y P se les denomina sustrato y producto, respectivamente. Para estudiar la evolución de la reacción (3.9), esta se divide en dos procesos distintos. Por una parte, la enzima E se asocia con el sustrato S , dando lugar al compuesto SE que denotaremos C , es decir,



Por otra parte, el compuesto C deriva en el producto P junto con la misma enzima E que propicia la reacción y que se recupera tras el proceso químico [10]. Esto queda recogido en la ecuación



La división de la reacción (3.9) en los procesos (3.10) y (3.11) se debe a que el compuesto intermedio C puede propiciar cambios en la velocidad de la reacción. Respecto a esta velocidad, la influencia que tiene la enzima en ella no es universal, sino que depende de la naturaleza específica de la enzima y del sustrato implicado. Vamos a estudiar matemáticamente dos comportamientos típicos de las enzimas respecto a la velocidad de las reacciones que propician, los cuales se ilustran en la figura 3.1 y se recogen en [10].

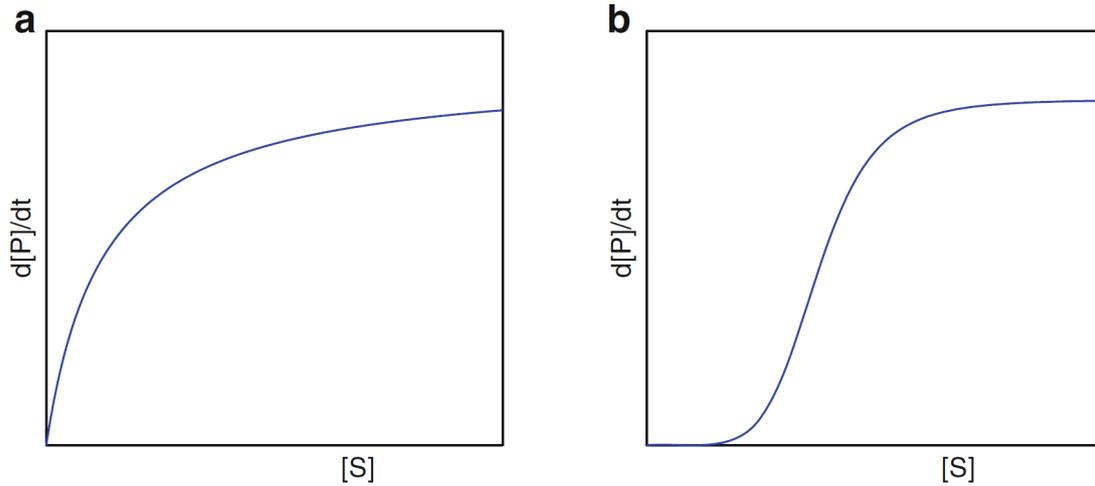


Figura 3.1: Diagrama velocidad de transformación en función del sustrato para distintas enzimas.

a. Fórmula de Michaelis-Menten

El primero de los perfiles de los diagramas de la figura 3.1 que describe la acción de enzimas ha sido constatado en distintos experimentos. Además, mediante la Ley de Acción de Masas podemos dar una explicación de este perfil. A partir de esta ley, aplicada a las ecuaciones (3.10) y (3.11) que componen el proceso (3.9), se obtiene el siguiente sistema estequiométrico que describe la reacción completa:

$$\begin{aligned}
 \frac{d[C]}{dt} &= k_1[S][E] - (k_{-1} + k_2)[C], \\
 \frac{d[E]}{dt} &= -k_1[S][E] + (k_{-1} + k_2)[C], \\
 \frac{d[S]}{dt} &= -k_1[S][E] + k_{-1}[C], \\
 \frac{d[P]}{dt} &= k_2[C].
 \end{aligned}
 \tag{3.12}$$

Además, podemos notar que si sumamos las dos primeras filas, se tiene que

$$\frac{d}{dt}([E] + [C]) = 0,
 \tag{3.13}$$

y, por tanto, la concentración conjunta de ambos no varía, sino que es constante; es decir, $[E] + [C] = K$, donde K es el total de las concentraciones entre la enzima E y el compuesto C . De igual manera, sumando todas las ecuaciones a excepción de la segunda, se llega a que

$$\frac{d[C]}{dt} + \frac{d[S]}{dt} + \frac{d[P]}{dt} = 0.$$

Este hecho indica que las tres ecuaciones partícipes son linealmente dependientes y una

de ellas puede ser descartada del sistema puesto que no aporta un añadido de información al modelo.

Además de las manipulaciones anteriores sobre el sistema, se pueden hacer ciertas simplificaciones que se tratarán a continuación. Como se explica en *biología*, el proceso químico en presencia de una enzima es muy rápido. En consecuencia, también lo son los ratios de formación y destrucción del compuesto C . Así, se puede simplificar el sistema (3.12) suponiendo que $\frac{d[C]}{dt}$ es aproximadamente cero; es decir,

$$\frac{d[C]}{dt} = k_1[S][E] - (k_{-1} + k_2)[C] = 0, \quad (3.14)$$

y, como anteriormente se vio que $[E] + [C] = K$, podemos sustituir en (3.14) $[E] = K - [C]$ llegando a la ecuación

$$k_1[S](K - [C]) - (k_{-1} + k_2)[C] = 0. \quad (3.15)$$

Finalmente, podemos despejar $[C]$ en la expresión (3.15) para sustituir en la ecuación de $\frac{d[P]}{dt}$ del sistema (3.12), obteniendo una relación del ratio de creación de producto P en función de la concentración de sustrato S presente. Así, se tiene que

$$k_1[S](K - [C]) - (k_{-1} + k_2)[C] = 0 \quad \Rightarrow \quad [C] = \frac{k_1 K [S]}{(k_{-1} + k_2) + k_1 [S]},$$

que se suele denotar como

$$[C] = \frac{K[S]}{K_M + [S]}, \quad \text{donde } K_M = \frac{k_{-1} + k_2}{k_1}$$

y, sustituyendo en la expresión de $\frac{d[P]}{dt}$ de (3.12), se llega finalmente a la fórmula de Michaelis-Menten para calcular la velocidad a la que se genera el producto P a partir de la cantidad de sustrato S :

$$\frac{d[P]}{dt} = \frac{V_{\max}[S]}{K_M + [S]}, \quad (3.16)$$

donde $V_{\max} = k_2 K$ y K_M son constantes. Además, la constante V_{\max} se denota así, como velocidad máxima, puesto que, si tomamos límites en (3.16), entonces

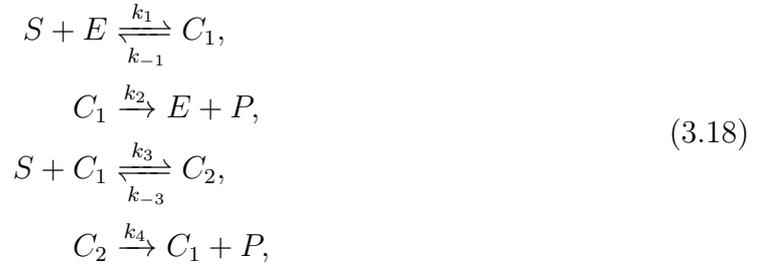
$$\lim_{S \rightarrow \infty} \frac{d[P]}{dt} = \lim_{S \rightarrow \infty} \frac{V_{\max}[S]}{K_M + [S]} = V_{\max}. \quad (3.17)$$

En conclusión, hemos obtenido la fórmula (3.16) de Michaelis-Menten para describir procesos enzimáticos y, si representamos la gráfica de esta ecuación, se obtiene la variante a de la figura 3.1. Por otra parte, si lo combinamos con la expresión (3.17), esta implica que, a medida que aumenta la concentración de sustrato S , la velocidad de conversión en el producto P aumenta, acercándose hacia la velocidad límite V_{\max} .

b. Cinética de Hill

Las hipótesis que se han dado para deducir la fórmula (3.16) de Michaelis-Menten a partir de la Ley de acción de masas son completamente válidas y se pueden comprobar experimentalmente en un laboratorio para cierto tipo de reacciones. De hecho, el uso de esta fórmula está muy extendido y es completamente operativa para los problemas relacionados con procesos enzimáticos.

Ahora se considera otro grupo de hipótesis diferente. Igual que para Michaelis-Menten, una enzima E reacciona con un sustrato S . Sin embargo, ahora se supone que cuando esta reacción sucede, posteriormente, la enzima E se une con otro sustrato S . Esto es lo que establece la cinética de Hill [10]. Además, otra hipótesis adicional es que la velocidad de este segundo proceso químico será mayor, como se ha podido comprobar experimentalmente. A partir de estas hipótesis, de igual manera que se hizo para la reacción (3.9) cuando cada enzima E solo reacciona con un sustrato S , se obtiene una descripción estequiométrica del proceso químico en cuestión:



donde los compuestos intermedios son $C_1 = SE$ y $C_2 = SC_1 = S^2E$.

Aplicando la Ley de Acción de Masas a la cadena de reacciones de (3.18), se obtiene el siguiente sistema estequiométrico:

$$\begin{aligned}
 \frac{d[C_1]}{dt} &= k_1[S][E] - k_3[S][C_1] - (k_{-1} + k_2)[C_1] + (k_{-3} + k_4)[C_2], \\
 \frac{d[C_2]}{dt} &= k_3[S][C_1] - (k_{-3} + k_4)[C_2], \\
 \frac{d[E]}{dt} &= -k_1[S][E] + (k_{-1} + k_2)[C_1], \\
 \frac{d[S]}{dt} &= -k_1[S][E] + k_{-1}[C_1] - k_3[S][C_1] + k_{-3}[C_2], \\
 \frac{d[P]}{dt} &= k_2[C_1] + k_4[C_2].
 \end{aligned} \tag{3.19}$$

Análogamente a la observación en (3.13) que se hizo para la fórmula de Michaelis-Menten, para la cinética de Hill se tiene que

$$\frac{d}{dt}([E] + [C_1] + [C_2]) = 0,$$

y, en consecuencia, la concentración total de los compuestos C_1 y C_2 , junto con la de la enzima E , es constante; es decir, existe un $K > 0$ tal que $[C_1] + [C_2] + [E] = K$.

Por otra parte, puesto que el proceso enzimático ocurre a gran velocidad, es posible hacer la simplificación de que los ratios de generación de los compuestos C_1 y C_2 son aproximadamente cero, y entonces se tiene que

$$\frac{d[C_1]}{dt} = 0, \quad y \quad \frac{d[C_2]}{dt} = 0.$$

A partir de esta consideración, se pueden obtener ecuaciones para $[C_1]$ y $[C_2]$ para sustituir en la expresión de $\frac{d[P]}{dt}$. Todo esto mediante el empleo de las ecuaciones del sistema (3.19). Finalmente, se llega a que

$$\frac{d[P]}{dt} = \frac{k_2 K_2 K [S] + k_4 K [S]^2}{K_1 K_2 + K_2 [S] + [S]^2}, \quad \text{donde} \quad \begin{aligned} K_1 &= \frac{k_{-1} + k_2}{k_1}, \\ K_2 &= \frac{k_{-3} + k_4}{k_3}. \end{aligned}$$

Siguiendo la hipótesis de que la segunda reacción entre E y S es mucho más rápida, se tiene que $k_3 \gg k_1$. Si se considera el caso extremo donde $k_1 \rightarrow 0$, $k_3 \rightarrow \infty$ y $k_1 k_3$ es una constante positiva finita, $K_1 \rightarrow \infty$, $K_2 \rightarrow 0$ y $K_1 K_2 \rightarrow K_H > 0$, obteniendo la fórmula que describe la cinética de Hill:

$$\frac{d[P]}{dt} = \frac{V_{\max} [S]^2}{K_H + [S]^2}, \quad (3.20)$$

Como se explica en [10], esta fórmula puede generalizarse considerando que cada enzima reacciona con n sustratos, obteniendo la fórmula de Hill de orden n :

$$\frac{d[P]}{dt} = \frac{V_{\max} [S]^n}{K_H + [S]^n}.$$

El conjunto de hipótesis que se tome, y por tanto, el resultado considerado, dependerá de la enzima a estudio. Como se ha visto, tanto la fórmula de Michaelis-Menten como la ecuación cinética de Hill son correctas experimentalmente y dependen de las hipótesis consideradas. Más concretamente, tan solo dependen de si se considera que una enzima reacciona con un sustrato o con más de uno. Luego, el uso de las ecuaciones obtenidas dependerá de cada proceso enzimático particular. Para determinar cuál considerar, típicamente se recurre a evidencias fruto de experimentos de laboratorio.

3.1.3 Modelo del cáncer.

Una vez se ha visto cómo plantear ecuaciones diferenciales para describir procesos químicos, se puede aplicar este conocimiento en distintos campos de la biología. En particular, se va a ver su uso para el estudio de la evolución del cáncer [10].

Cuando una célula envejece o presenta algún defecto, esta perece y es eliminada del organismo. Sin embargo, cuando este mecanismo no consigue el objetivo esperado, las células con anomalías se reproducen, transmitiendo los problemas que presentan, y las células envejecidas no perecen como debería suceder. Así es como surge el cáncer.

Por otra parte, existe un tipo de células, denominadas efectoras, que responden ante estímulos para producir algún cambio. Los organismos tienen en el sistema inmunitario sus propias células efectoras especializadas para paliar una situación de cáncer. Cuando estas detectan una célula tumoral cerca, segregan moléculas tóxicas para acabar con ella.

Los procesos en los que se originan y eliminan las células tumorales pueden modelarse. De esta forma, se pueden estudiar las velocidades de ambos procesos para concluir si el sistema inmune extinguirá el cáncer o si este continuará con su crecimiento. En concreto, para describir estos procesos, se parte de las siguientes hipótesis:

- Cada célula efectora E ataca a una célula tumoral T viva, resultando en la célula efectora E y la célula tumoral muerta D .
- En ausencia de células efectoras el cáncer continúa su crecimiento siguiendo la ecuación logística del modelo 2.1, que queda limitado por la capacidad del tejido T_0 para mantener las células tumorales.
- Las células tumorales vivas son el resultado del crecimiento del cáncer frente a la disminución provocada por las células efectoras.

Eliminación del tumor

A partir de las hipótesis planteadas, conociendo cómo reaccionan las células tumorales T frente a las células efectoras E , se construye el sistema



donde C se refiere a las células tumorales que están siendo aniquiladas por las células efectoras y P son las células tumorales que ya han sido destruidas y están muertas.

La reacción descrita en (3.21) se corresponde con la que modela la fórmula de Michaelis-Menten (3.16) con $k_{-1} = 0$. Por tanto, si el número total de células efectoras es K , el ratio de generación de células tumorales muertas $\frac{d[D]}{dt}$ viene dado por

$$\frac{d[D]}{dt} = \frac{k_1 k_2 K [T]}{k_2 + k_1 [T]}, \tag{3.22}$$

Crecimiento del tumor

A partir de (3.22) se conoce el ratio de eliminación de células tumorales. Por otra parte, tenemos que la población de estas células continuará creciendo, aunque este crecimiento se verá limitado por los recursos disponibles cuando el tumor aumente su tamaño, siendo T_0 la capacidad del tejido para mantener las células tumorales. A partir de esta hipótesis se observa que el aumento de la población de células tumorales se enmarca en el modelo logístico visto en el modelo 2.1 del capítulo 2. Luego, la proliferación del tumor viene dada por la ecuación (2.7) donde $x = [T]$, $K = Q_0$ y λ es una constante a determinar.

Conclusiones

El esfuerzo de las células efectoras por eliminar el tumor en contraposición con el crecimiento propio de las células tumorales afectará al desarrollo del cáncer. Combinando las ecuaciones (3.22) y (2.7) para contemplar ambos procesos y teniendo en cuenta la hipótesis que se han descrito, se tiene que el crecimiento tumoral viene dado por:

$$\frac{d[T]}{dt} = \lambda[T] \left(1 - \frac{[T]}{T_0}\right) - \frac{k_1 k_2 K [T]}{k_2 + k_1 [T]} \equiv f([T]). \quad (3.23)$$

Siguiendo el ejemplo del modelo 2.1 y de acuerdo con la figura 2.1, $[T](t)$ permanecerá por debajo del valor T_0 si $[T](0) < T_0$, ya que el nuevo sumando que se incorpora es negativo, lo que implica que $[T]$ disminuya más rápido. A partir del signo de $f'([T])$ en los puntos de equilibrio de (3.23), y en virtud del corolario 2.2 del capítulo 2, se estudia la evolución del cáncer a lo largo del tiempo para el modelo descrito por la ecuación (3.23). En $[T] = 0$, (3.23) presenta un punto de equilibrio. Además, se tiene que $f'(0) = \lambda - \frac{k_1 k_2 K}{k_2} = \lambda - k_1 K$. Cabe observar que la tasa efectiva de destrucción de las células tumorales por la población total de células efectoras es $k_1 K$, mientras que la tasa de crecimiento del tumor es λ .

1. Si $k_1 K > \lambda$; esto es, la eliminación efectiva excede el crecimiento del tumor, entonces $f'(0) < 0$ y $[T] = 0$ es asintóticamente estable. En consecuencia, los pequeños tumores que puedan originarse serán eliminados por el sistema inmunológico.
2. Si $k_1 K < \lambda$; es decir, el crecimiento del tumor supera la eliminación efectiva, entonces $f'(0) > 0$ y $[T] = 0$ es inestable. Para el modelo, esto implica que los tumores no desaparecerán. Por otra parte, se puede reescribir (3.23) como

$$\frac{d[T]}{dt} = \frac{\lambda[T]}{k_2 + k_1 [T]} h([T])$$

donde $h(x)$ es una parábola cóncava tal que

$$h(0) = k_2 \left(1 - \frac{k_1 K}{\lambda}\right) > 0, \quad y \quad h(T_0) = -\frac{k_1 k_2 K}{\lambda} < 0.$$

Por tanto, sabemos que h tiene una raíz negativa, que no es de interés para el modelo, y otra raíz T_1 tal que $0 < T_1 < T_0$. Como $f'(T_1) < 0$, este punto de equilibrio es asintóticamente estable. Por tanto, para este segundo caso donde el tumor no desaparece, este tiende a estabilizarse cuando alcanza la concentración $[T] = T_1$.

A continuación se pretende construir aproximaciones numéricas a las soluciones de la ecuación (3.23). Para ello, se emplea el código fuente 3 del apéndice A2, el cual lleva a cabo la aproximación siguiendo el método RK de Euler mejorado con tabla de Butcher 2.3.

En una primera instancia, vamos a observar qué forma tienen las soluciones para el primero de los casos distinguidos donde $k_1K < \lambda$. Tanto en este caso como en los siguientes, se toma la capacidad de carga del tejido $T_0 = 1$. Para construir este ejemplo, se toma en (3.23)

$$f([T]) = \frac{1}{2}[T](1 - [T]) - \frac{[T]}{1 + [T]}.$$

De esta forma, se obtienen las soluciones representadas en la figura 3.2. A partir de la misma, se comprueba cómo en este caso las células efectoras consiguen acabar con el tumor por completo.

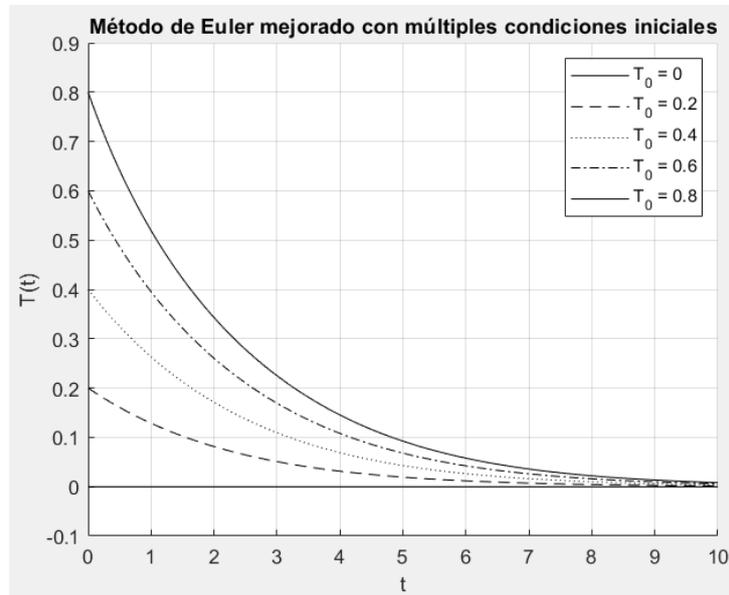


Figura 3.2: Evolución de un tumor para el caso 1.

Por otro lado, también se quiere observar la evolución del tumor si $k_1K < \lambda$. Para este caso, se toma

$$f([T]) = 2[T](1 - [T]) - \frac{[T]}{1 + [T]}$$

en (3.23), obteniendo numéricamente las soluciones de la figura 3.3. En este caso, se aprecia cómo, en presencia de un tumor, las células efectoras no consiguen acabar con él completamente y este consigue mantenerse en el tiempo.

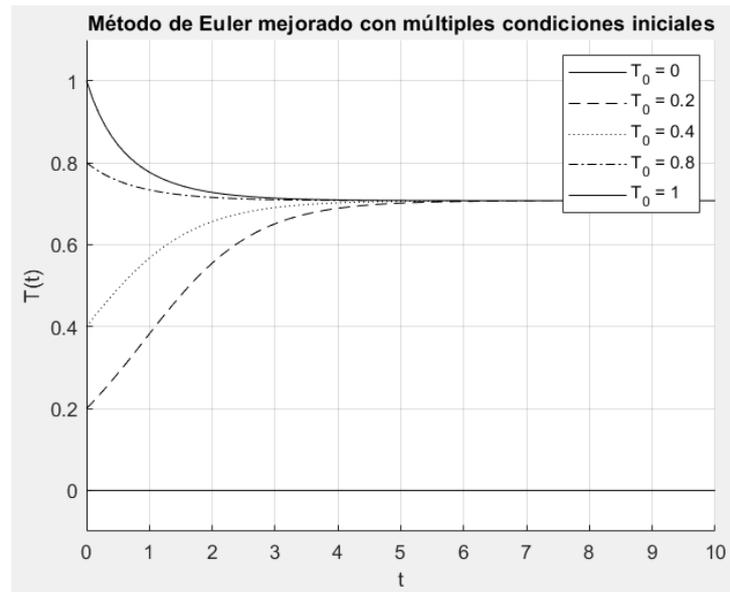


Figura 3.3: Evolución de un tumor para el caso 2.

3.2 Modelos epidemiológicos.

Un segundo caso de aplicación de la teoría de ecuaciones diferenciales es el estudio de la evolución de las enfermedades que puedan extenderse en la población. La epidemiología es el estudio de cómo se distribuyen las enfermedades en las poblaciones, cuáles son sus causas y cómo se pueden prevenir o controlar. Además, se centra tanto en enfermedades infecciosas como en enfermedades crónicas, buscando patrones en el tiempo, el lugar y entre diferentes grupos de personas. El objetivo de esta sección es el estudio de algunos modelos de evolución de enfermedades infecciosas.

En el análisis de las enfermedades infecciosas se distinguen dos clases. Por una parte, las enfermedades epidémicas, las cuales se propagan rápidamente en un lugar y período de tiempo determinados. Por otra parte, las enfermedades endémicas son enfermedades que están presentes de forma constante en una población o región, con una frecuencia más o menos estable a lo largo del tiempo.

3.2.1 Modelo SIR.

El modelo SIR [3] sirve para entender qué epidemia desaparecerá y cuál pasará a ser una enfermedad endémica. Para ello, se distinguen una serie de grupos poblacionales y parámetros asociados a cada grupo que dependen de la enfermedad. Comencemos por definir los grupos:

- Susceptibles (S). Se refiere a la parte de la población que puede contraer la enfermedad.

- Infectados (I). Individuos que han contraído la enfermedad.
- Recuperados (R). Parte de la población que se ha recuperado después de padecer la enfermedad y es inmune a la misma.

Además de cada uno de estos grupos, se añade un parámetro A de crecimiento de la población, que serán los nacimientos y se considerarán población sana, susceptible de contraer la enfermedad. Por otra parte, cada individuo puede pasar de un grupo a otro a lo largo del tiempo; es decir, puede contraer la enfermedad, curarse y perder la inmunidad con el paso del tiempo, volviendo a ser susceptible. Así, se introducen una serie de parámetros que determinan el ratio de cambio de grupo:

- Ratio de infección (β). Probabilidad de que un contacto entre una persona infectada y una susceptible resulte en una nueva infección. También se denomina tasa de transmisión.
- Tasa de defunción (μ). Probabilidad de que un individuo fallezca. Por simplicidad se considerará la misma para cada grupo de población.
- Tasa de recuperación (ν). Probabilidad de que un individuo supere la enfermedad.
- γ . Probabilidad de que un individuo que se ha recuperado pierda la inmunidad y vuelva a ser susceptible de contraer la enfermedad.

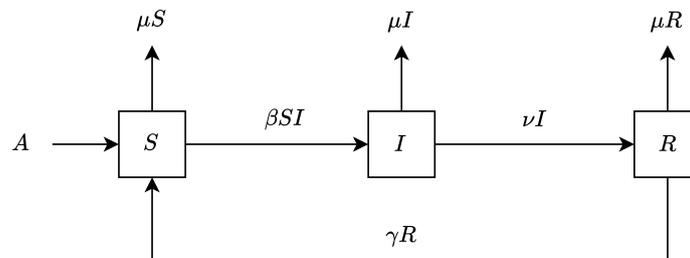


Figura 3.4: Diagrama compartimental de la evolución que puede tener cada individuo de una población siguiendo el modelo SIR.

Toda esta información para el modelo SIR puede resumirse en el diagrama de la figura 3.4, el cual representa un sistema compartimental. Un sistema compartimental consta, como su nombre indica, de una serie de compartimentos, que para el caso tratado son los marcados como S , I y R . Estos están conectados e indican cómo evoluciona un individuo de la población. En cada compartimento, las flechas salientes indican la tasa de individuos que abandonan un grupo para pasar al siguiente. A partir del mismo se deriva el siguiente sistema de EDOs:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= A - \beta SI + \gamma R - \mu S, \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \nu I - \mu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \nu I - \gamma R - \mu R,\end{aligned}\tag{3.24}$$

donde S , I y R se puede considerar el número de individuos de cada grupo o la densidad de población de cada grupo. Dados los grupos que interactúan, estas ecuaciones reciben el nombre de modelo SIR. Además, para obtener el sistema (3.24) se hace un balance de los individuos que entran (signo positivo) y abandonan (signo negativo) cada grupo para identificar la variación de los mismos.

Para comenzar, podemos observar que la suma de todos los grupos será la población total (N); es decir, $N(t) = S(t) + I(t) + P(t)$. Por tanto, la evolución completa de la población viene dada por

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt},$$

y, a partir de (3.24), sustituyendo se tiene que

$$\frac{dN}{dt} = A - \mu N.\tag{3.25}$$

Suponiendo que la población inicial es N_0 ($N(0) = N_0$), la solución de (3.25) es

$$N(t) = N_0 e^{-\mu t} + \frac{A}{\mu} (1 - e^{-\mu t}).$$

Luego, como $N(t) \rightarrow \frac{A}{\mu}$ cuando $t \rightarrow \infty$, la población tiende a estabilizarse en torno al cociente entre nacimientos y el ratio de defunción, como es de esperar. A continuación se buscan los equilibrios del sistema (3.24). Fijándose en la segunda ecuación de (3.24), se tiene que

$$(\beta S - \nu - \mu)I = 0.\tag{3.26}$$

Tomemos la primera opción para la que se anula: $I = 0$, lo que corresponde con la extinción de la enfermedad. Usando las otras dos ecuaciones de (3.24), se determina la existencia de un equilibrio para el modelo SIR en $(\bar{S}, \bar{I}, \bar{R}) = (\frac{A}{\mu}, 0, 0)$. Este equilibrio representa la situación en la que la enfermedad ha desaparecido, pues $I = 0$. Linealizando el sistema (3.24), se puede estudiar el carácter del equilibrio de libre enfermedad. Su matriz jacobiana en el punto $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$ es

$$M = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta \frac{A}{\mu} & \gamma \\ 0 & \beta \frac{A}{\mu} - (\nu + \mu) & 0 \\ 0 & \nu & -\gamma - \mu \end{bmatrix},$$

y el polinomio característico de M es

$$P(z) = (\mu + z) \left(\beta \frac{A}{\mu} - (\nu + \mu) - z \right) (\gamma + \mu + z).$$

Luego, los autovalores de la matriz M son los elementos de la diagonal. El primer y último elemento de la diagonal de M son siempre negativos; por tanto, la estabilidad depende del signo del otro elemento de la diagonal. En consecuencia, el equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$ es asintóticamente estable si

$$\beta \frac{A}{\mu} < (\nu + \mu), \quad (3.27)$$

lo que implica que una nueva enfermedad infecciosa que pueda surgir terminará desapareciendo; mientras que es inestable si

$$\beta \frac{A}{\mu} > \nu + \mu, \quad (3.28)$$

y ante unos casos de esta enfermedad, esta no desaparecerá de entre la población.

Una vez analizado el caso $I = 0$ en (3.26), queda estudiar qué ocurre si $I > 0$; es decir, si la enfermedad no se extingue y se la población tiene que convivir con la enfermedad. En este caso, (3.26) se anula para $S = \frac{\nu + \mu}{\beta}$. Utilizando el resto de ecuaciones de (3.24), se obtiene un equilibrio en función de los parámetros del sistema. Además, su estabilidad será opuesta a la del equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$. Un punto de equilibrio con $I > 0$ presentado por el modelo que describe la evolución de una enfermedad se denomina endémico. Esto se debe a que representa un punto en el que la enfermedad no desaparecerá.

Queda por estudiar un parámetro muy útil en el campo de la epidemiología. Este es el número básico de reproducción, denotado por R_0 , y representa el número de individuos susceptibles que son infectados por un solo individuo infectado. Partimos del equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$. Basándonos en el diagrama de la figura 3.4, la evolución de una sola infección; es decir, $\beta = 0$, viene dada por el pvi

$$\frac{dI}{dt} = -\nu I - \mu I, \quad I(0) = 1.$$

Resolviéndolo, se llega a que $I(t) = e^{-(\nu + \mu)t}$, y la infección total es

$$\int_0^{\infty} I(t) dt = \frac{1}{\nu + \mu}.$$

De esta forma, las infecciones secundarias ocasionadas serán

$$R_0 = \beta \frac{A}{\mu} \cdot \frac{1}{\nu + \mu},$$

y siguiendo (3.27) y (3.28), el punto de equilibrio de libre enfermedad es asintóticamente estable si $R_0 < 1$ e inestable si $R_0 > 1$.

Finalmente, se da una aproximación numérica de las soluciones utilizando métodos Runge-Kutta para poder entender cómo evoluciona la enfermedad entre la población a lo

largo del tiempo. Para ello, se emplea el método RK que tiene por tabla de Butcher la tabla 2.5, la cual queda implementada en el código 4 del apéndice A2.

En primer lugar, vamos a observar qué forma tienen las soluciones para el caso que recoge la ecuación (3.27), donde el equilibrio de libre enfermedad es asintóticamente estable. Para construir este ejemplo, se toma en (3.24) todas las constantes igual a 1. Así, el número de individuos sanos propensos a infectarse, el de infectados y el de recuperados evolucionan siguiendo las figuras 3.5, 3.6 y 3.7, respectivamente.

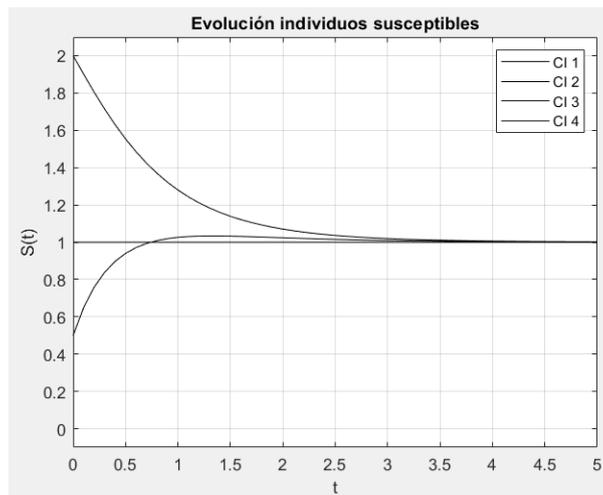


Figura 3.5: Evolución de la cantidad de población no infectada para el modelo SIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

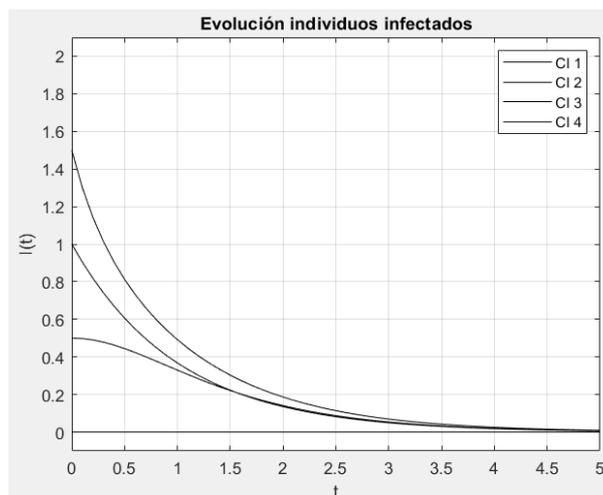


Figura 3.6: Evolución de la cantidad de población infectada para el modelo SIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

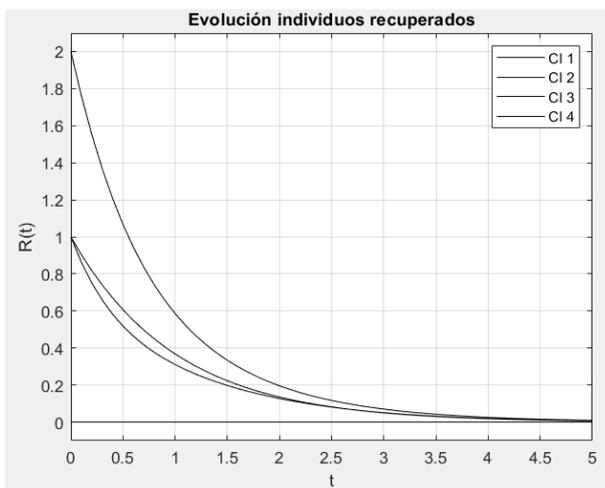


Figura 3.7: Evolución de la cantidad de población recuperada para el modelo SIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

Por otro lado, también se quiere observar la evolución de la enfermedad para el caso (3.28). Para esta situación, se toma $\beta = 3$ y el resto de las constantes igual a 1, obteniendo numéricamente las soluciones de las figuras 3.8, 3.9 y 3.10. En este caso, se aprecia cómo, tras la aparición de la infección, si el ratio en la que esta se produce (β) es mayor, la patología no desaparece de entre la población y pasa a ser endémica, perdurando a lo largo del tiempo.

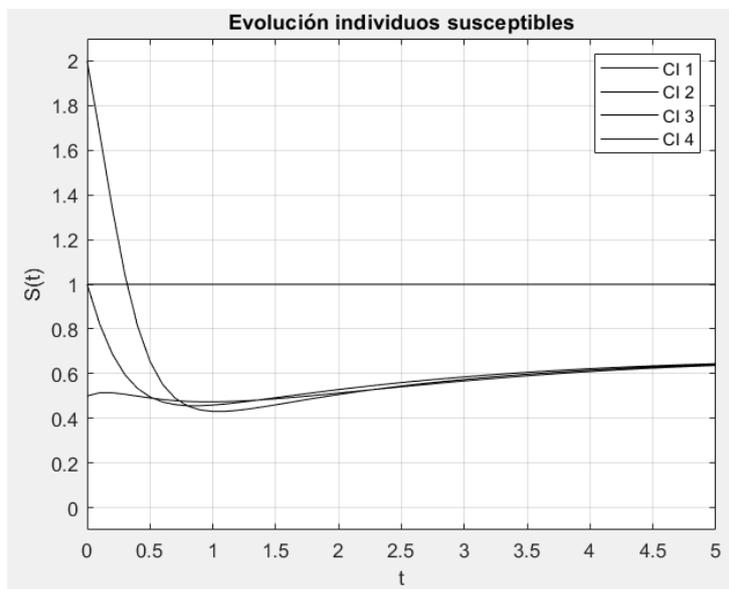


Figura 3.8: Evolución de la cantidad de población no infectada para el modelo SIR con infección endémica.

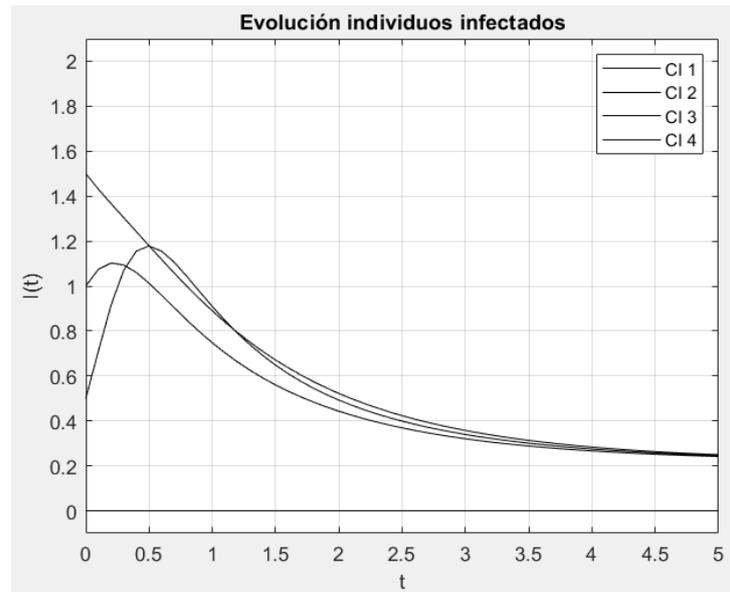


Figura 3.9: Evolución de la cantidad de población infectada para el modelo SIR con infección endémica.

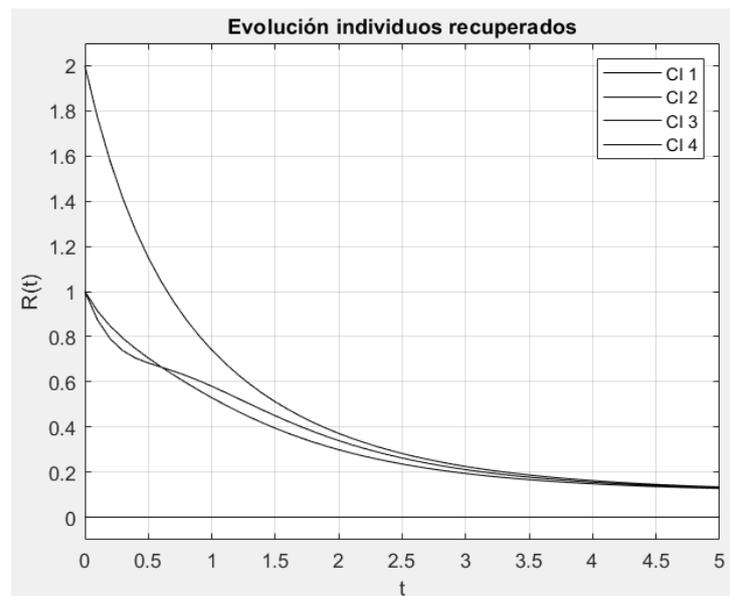


Figura 3.10: Evolución de la cantidad de población recuperada para el modelo SIR con infección endémica.

Variante: Modelo SEIR.

El modelo SEIR es una extensión del modelo SIR. El modelo SIR supone que todos los individuos susceptibles de la población pueden ser infectados. Sin embargo, el modelo SEIR introduce un cambio al considerar que los individuos que se expongan a ser contagiados no se infectarán inmediatamente; es decir, no serán contagiosos desde el primer

momento.

De esta forma, se introduce una nueva clase E de individuos expuestos. Estos están en lo que se conoce como período de incubación: han contraído el patógeno, pero todavía no presentan síntomas ni pueden transmitir la enfermedad a otros. Luego, este modelo es útil para enfermedades con un período latente. Esta nueva clase contemplada estará reflejada en el sistema compartimental que represente el modelo. En consecuencia, el diagrama de la figura 3.4 se transforma en el de la figura 3.11, donde k es el ratio de individuos expuestos que pasan a ser individuos infecciosos.

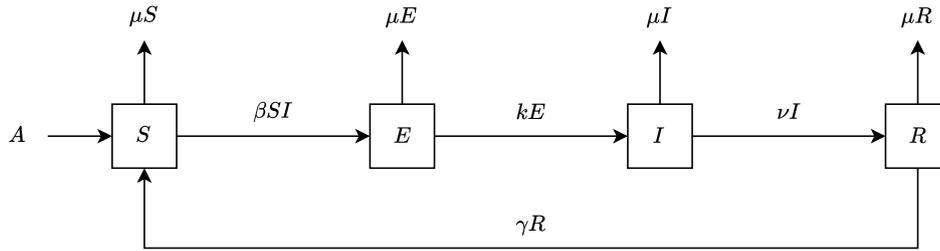


Figura 3.11: Diagrama compartimental de la evolución que puede tener cada individuo de una población siguiendo el modelo SEIR.

A partir de la figura 3.11 se tiene el siguiente sistema de EDOs:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= A - \beta SI + \gamma R - \mu S, \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta SI - kE - \mu E, \\
 \frac{dI}{dt} &= kE - \nu I - \mu I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \nu I - \gamma R - \mu R.
 \end{aligned}
 \tag{3.29}$$

Es interesante conocer si existe un equilibrio donde la enfermedad ha desaparecido y, en tal caso, su dinámica. Para ello, podemos buscar los equilibrios de (3.29) con $I = 0$. En ese caso, se alcanza un equilibrio en $(\bar{S}, \bar{E}, \bar{I}, \bar{R}) = (\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$. Para conocer si la enfermedad desaparecerá entre la población o pasará a ser endémica, a continuación se realiza un análisis cualitativo para el punto de equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$ a partir del linealizado de (3.29). La matriz linealizada de este sistema es

$$H(S, E, I, R) = \begin{bmatrix} -\beta I - \mu & 0 & -\beta S & \gamma \\ \beta I & -k - \mu & \beta S & 0 \\ 0 & k & -\nu - \mu & 0 \\ 0 & 0 & \nu & -\mu - \gamma \end{bmatrix},$$

En particular, para el equilibrio que se quiere estudiar,

$$H\left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right) = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\frac{A\beta}{\mu} & \gamma \\ 0 & -k - \mu & \frac{A\beta}{\mu} & 0 \\ 0 & k & -\nu - \mu & 0 \\ 0 & 0 & \nu & -\mu - \gamma \end{bmatrix},$$

De aquí se tiene que $-\mu < 0$ es un autovalor junto con $-\mu - \gamma < 0$. Luego, el estudio de la dinámica para el punto de libre enfermedad se reduce a estudiar los autovalores de la matriz

$$H_1 = \begin{bmatrix} -k - \mu & \frac{A\beta}{\mu} \\ k & -\nu - \mu \end{bmatrix}$$

cuyo polinomio característico es $P_{H_1}(z) = (z + \mu + k)(z + \nu + \mu) - \frac{kA\beta}{\mu}$. En consecuencia, ambos autovalores tendrán parte negativa si:

- El coeficiente que acompaña a z es menor que 0. Esto se debe a que este término es la suma de los autovalores; es decir, para que los dos autovalores tengan parte real negativa se necesita que $\nu + 2\mu + k > 0$. Puesto que todas las constantes son positivas esto se cumple siempre.
- El término independiente es mayor que 0, puesto que es el producto de los autovalores. Esto se da para $(\mu + k)(\nu + \mu) - \frac{kA\beta}{\mu} > 0$.

Así, se concluye que la enfermedad cesará hasta su extinción si $(\mu + k)(\nu + \mu) > \frac{kA\beta}{\mu}$, dado que todos los autovalores tendrán parte negativa en ese caso, siendo asintóticamente estable el punto $(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$. Sin embargo, para el caso contrario donde $(\mu + k)(\nu + \mu) < \frac{kA\beta}{\mu}$, la enfermedad pasará a ser endémica, estableciéndose entre la población, dado que el punto de libre enfermedad será inestable y no se alcanzará un punto donde no haya individuos infectados de manera indefinida.

Para terminar con el análisis del modelo SEIR, de manera análoga a como se hizo con el modelo SIR, se da una aproximación numérica de las soluciones utilizando métodos Runge-Kutta para poder entender cómo evoluciona la enfermedad entre la población a lo largo del tiempo. Para ello, se emplea el mismo método RK que tiene por tabla de Butcher la tabla 2.5 y se integra en el código 5 del apéndice A2.

En primer lugar, vamos a observar qué forma tienen las soluciones para el caso $(\mu + k)(\nu + \mu) > \frac{kA\beta}{\mu}$, donde el equilibrio de libre enfermedad es asintóticamente estable. Para construir este ejemplo, se toma en (3.29) todas las constantes igual a 1. Así, el número de individuos sanos, el de expuestos, infectados y recuperados evolucionan siguiendo las figuras 3.12, 3.13, 3.14 y 3.15, respectivamente.

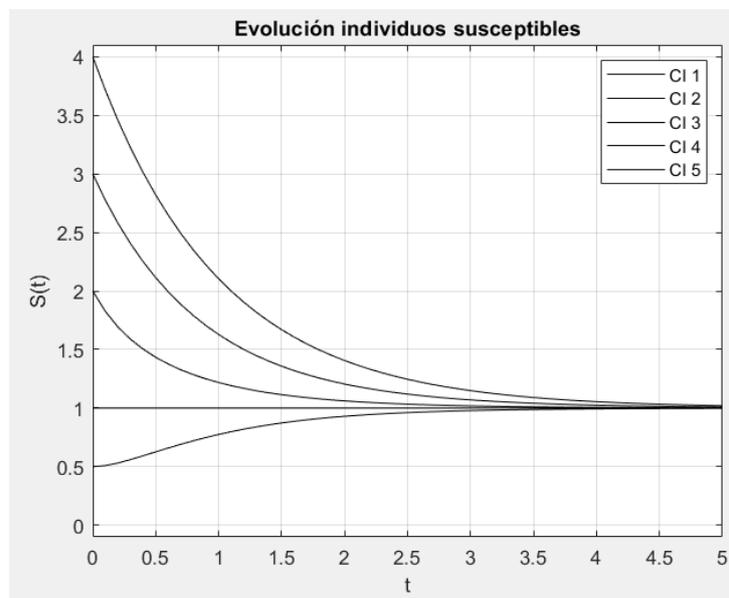


Figura 3.12: Evolución de la cantidad de población no infectada para el modelo SEIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

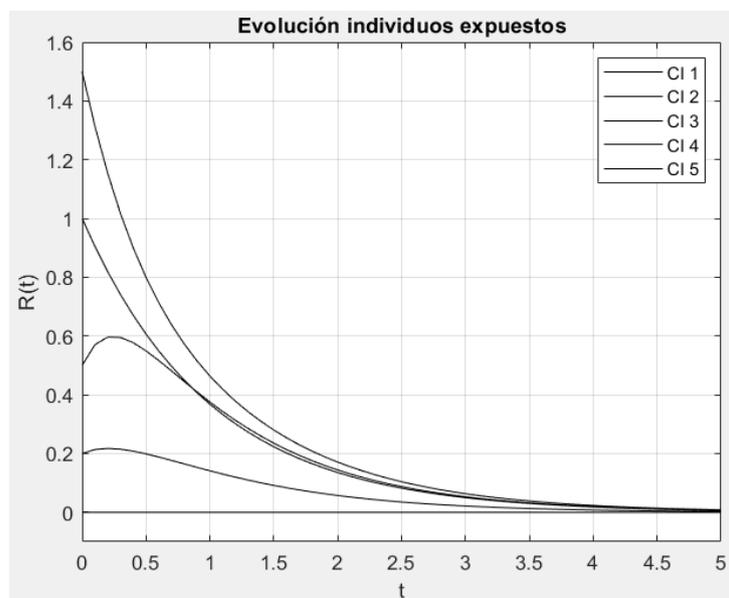


Figura 3.13: Evolución de la cantidad de población expuesta para el modelo SEIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

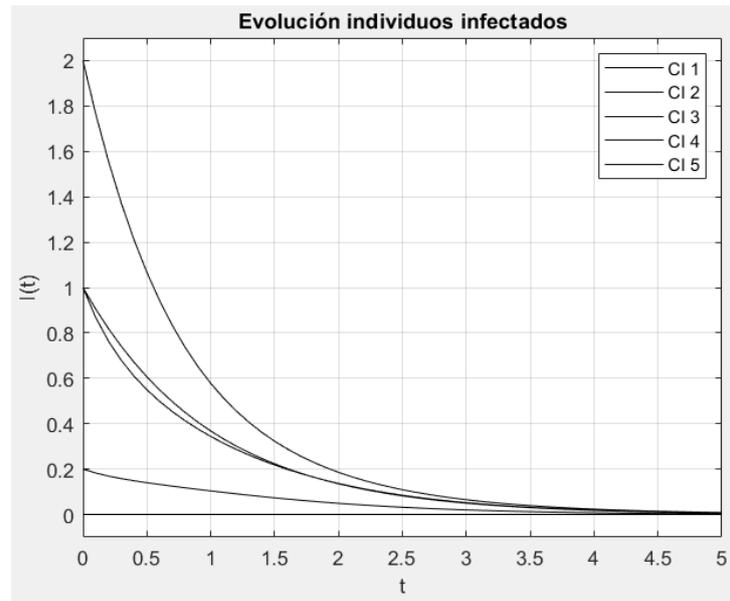


Figura 3.14: Evolución de la cantidad de población infectada para el modelo SEIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

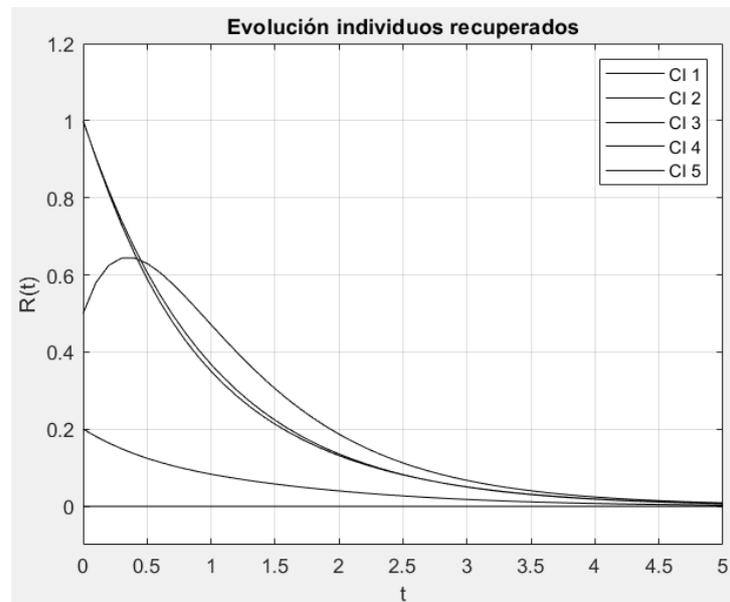


Figura 3.15: Evolución de la cantidad de población recuperada para el modelo SEIR con equilibrio de libre enfermedad asintóticamente estable.

Por otro lado, también se quiere observar la evolución de la enfermedad para el caso donde $(\mu + k)(\nu + \mu) < \frac{kA\beta}{\mu}$. Para esta situación, se toma como ejemplo $A = 2$, $\mu = 0.5$ y el resto de las constantes igual a 1, obteniendo numéricamente las soluciones de las figuras 3.16, 3.18 y 3.19. En este caso, se aprecia cómo, tras la aparición de la infección,

la patología no desaparece de entre la población y pasa a ser endémica, perdurando a lo largo del tiempo.

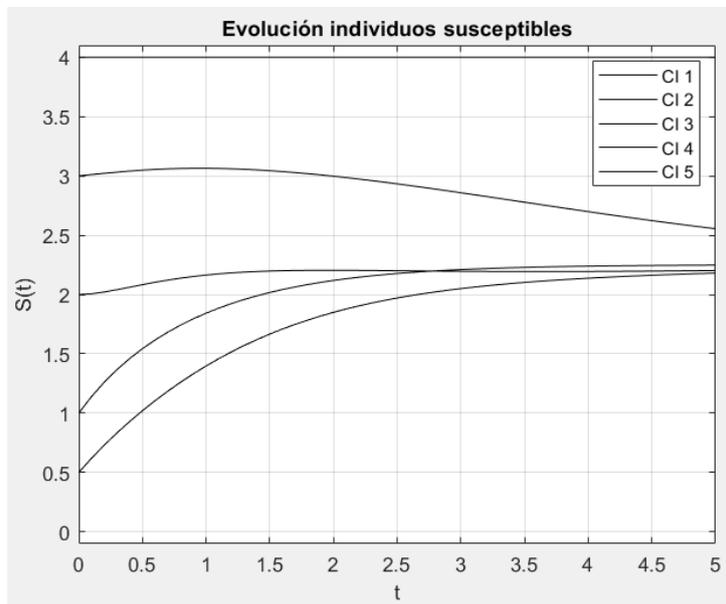


Figura 3.16: Evolución de la cantidad de población no infectada para el modelo SEIR con infección endémica.

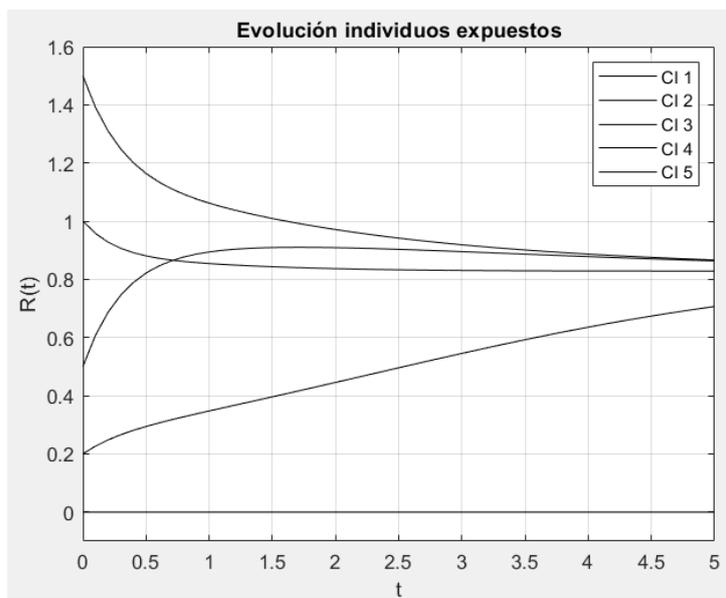


Figura 3.17: Evolución de la cantidad de población expuesta para el modelo SEIR con infección endémica.

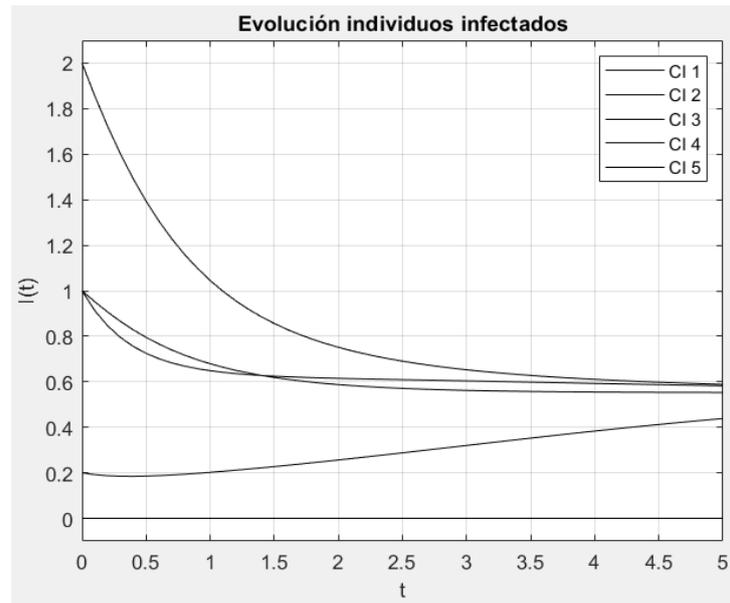


Figura 3.18: Evolución de la cantidad de población infectada para el modelo SEIR con infección endémica.

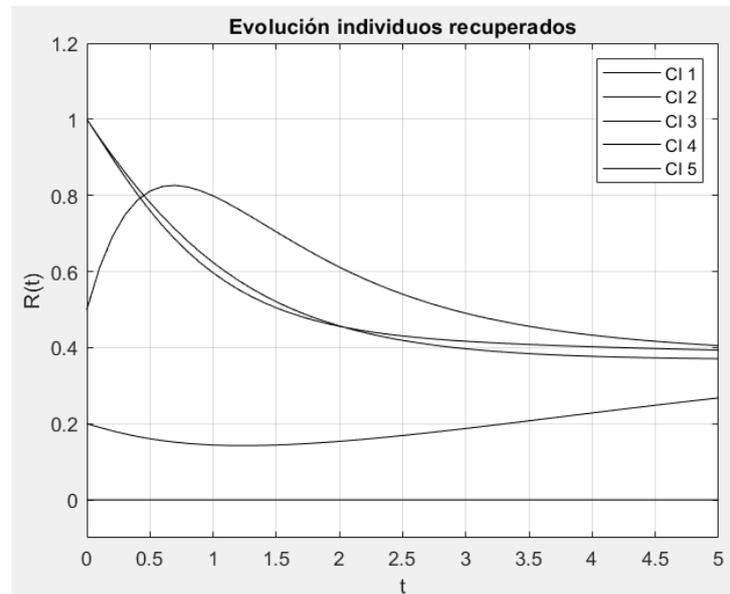


Figura 3.19: Evolución de la cantidad de población recuperada para el modelo SEIR con infección endémica.

3.2.2 VIH.

Los linfocitos son un tipo de células inmunitarias que se crean en la médula ósea. En concreto, los linfocitos T CD4+ son un subgrupo de linfocitos encargados de la defensa

del sistema inmunitario. Por su parte, los virus del VIH entran en las células T CD4+ para replicarse. Una vez mueren estas células, los virus emergen invadiendo otras.

Este proceso continúa provocando un decaimiento significativo en el número de linfocitos T CD4+. Cuando el sistema inmune es tan débil que no puede mantener al individuo con vida durante mucho tiempo, se dice que tiene SIDA. Para conocer cuándo el VIH da lugar al SIDA es posible estudiarlo introduciendo un modelo en el que interactúan:

- Linfocitos T CD4+ sanos (T).
- Linfocitos T CD4+ infectados (T^*).
- Virus VIH (V).

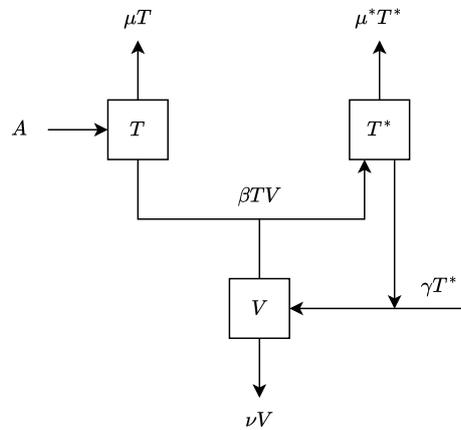


Figura 3.20: Diagrama compartimental para la expansión del VIH.

Podemos representar el proceso como en la figura 3.20, donde β es el ratio de infección de los linfocitos sanos T , μ y μ^* son los ratios de defunción de T y T^* , y γ es el número de virus que emergen cuando muere un linfocito T CD4+ infectado. Además, se introduce el parámetro ν que identifica el ratio de virus que se expulsan del organismo. Esto deriva en el siguiente sistema de EDOs:

$$\begin{aligned} \frac{dT}{dt} &= A - \beta TV - \mu T, \\ \frac{dT^*}{dt} &= \beta TV - \mu^* T^*, \\ \frac{dV}{dt} &= \gamma T^* - \nu V. \end{aligned} \tag{3.30}$$

Una vez más, para estudiar la evolución de la enfermedad descrita por el modelo, comenzamos por la obtención de los equilibrios. Despejando V de la tercera ecuación de (3.30), $V = \frac{\gamma T^*}{\nu}$ y sustituyendo en la segunda se tiene que

$$\beta T \frac{\gamma T^*}{\nu} - \mu^* T^* = 0.$$

Luego, existen dos opciones para los equilibrios del sistema de EDOs (3.30):

- Si $T = \frac{\nu \mu^*}{\beta \gamma}$, entonces usando la primera ecuación, $V = \frac{A}{\mu^* \nu} - \frac{\mu}{\beta}$ y $T^* = \frac{A}{\mu^* \gamma} - \frac{\nu \mu}{\gamma \beta}$.
- Si $T^* = 0$, entonces $V = 0$ y a partir de la primera ecuación de (3.30) se determina el equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$, que es el punto libre de enfermedad.

En este caso nos interesa estudiar la dinámica del equilibrio de libre enfermedad, que se alcanza en el punto $(T, T^*, V) = (\frac{A}{\mu}, 0, 0)$. Biológicamente, en este punto la cantidad vírica es nula, así como los linfocitos infectados. Esto ocasiona que los linfocitos sanos se mantengan constantes. Estudiando la estabilidad a partir del sistema linealizado se llega en $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$ a la matriz jacobiana

$$M = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\beta \frac{A}{\mu} \\ 0 & -\mu^* & \beta \frac{A}{\mu} \\ 0 & \gamma & -\nu \end{bmatrix}.$$

Se observa que tenemos un primer autovalor $-\mu$, y estudiando el polinomio característico $P_M(z)$ de la submatriz que queda al suprimir la primera fila y primera columna a M se llega a que

$$P_M(z) = z^2 + (\mu^* + \nu)z + \mu^* \nu - \beta \frac{A}{\mu} \gamma,$$

y los dos autovalores restantes son negativos si $\mu^* + \nu > 0$, lo que ocurre siempre, y si $\mu^* \nu - \beta \frac{A}{\mu} \gamma > 0$. Esta última condición implica que el equilibrio $(\frac{A}{\mu}, 0, 0)$ será asintóticamente estable si $\mu^* \nu > \beta \frac{A}{\mu} \gamma$ y el VIH desaparecerá, e inestable si $\mu^* \nu < \beta \frac{A}{\mu} \gamma$, de manera que la cantidad de linfocitos sanos irá en aumento.

Por último, queda calcular el número básico de reproducción R_0 . Dado que para cada unidad de virus se tiene que $\frac{dV}{dt} = -\nu V$, resolviendo esta ecuación diferencial se obtiene que $V(t) = e^{-\nu t}$; y por tanto, el tiempo de vida del virus es $\int_0^\infty V(t) dt = \frac{1}{\nu}$. Este virus infecta $\frac{A}{\mu^*}$ linfocitos T con un ratio β , y, análogamente a los cálculos para los virus, se tiene que cada linfocito infectado T^* tiene un ratio de vida de $\frac{1}{\mu^*}$, que da lugar a γ partículas de virus. Luego,

$$R_0 = \frac{1}{\nu} \beta \frac{A}{\mu} \frac{1}{\mu^*} \gamma = \frac{\beta A \gamma}{\nu \mu \mu^*}.$$

En consecuencia, a la vista de las deducciones previas de que el equilibrio de libre enfermedad será asintóticamente estable si $\mu^* \nu > \beta \frac{A}{\mu} \gamma$ e inestable si $\mu^* \nu < \beta \frac{A}{\mu} \gamma$, se tiene que este punto es asintóticamente estable si $R_0 < 1$ e inestable si $R_0 > 1$. Luego, una vez más, si el número básico de reproducción es menor que uno, el virus del VIH remite hasta desaparecer. Sin embargo, si el número básico de reproducción es mayor que uno, el virus se reproduce sin desaparecer en ningún momento.

3.2.3 Cólera.

El cólera es una enfermedad infecto-contagiosa, provocada por una bacteria, que produce diarrea secretoria abundante en los humanos. Su principal forma de transmisión es a través del agua contaminada o el contacto con alimentos contaminados. Es posible estudiar la evolución de esta enfermedad mediante el modelo SIR añadiendo una nueva clase: la concentración de patógeno en el agua, A . Suponiendo que:

- El ratio de muerte y nacimientos es el mismo. Además, también se supone que la enfermedad no causa muertes.
- Las bacterias tienen un tiempo de vida limitado en el agua.
- Las personas que han pasado la enfermedad son inmunes a la misma.
- Los individuos infectados contaminan las reservas de agua.

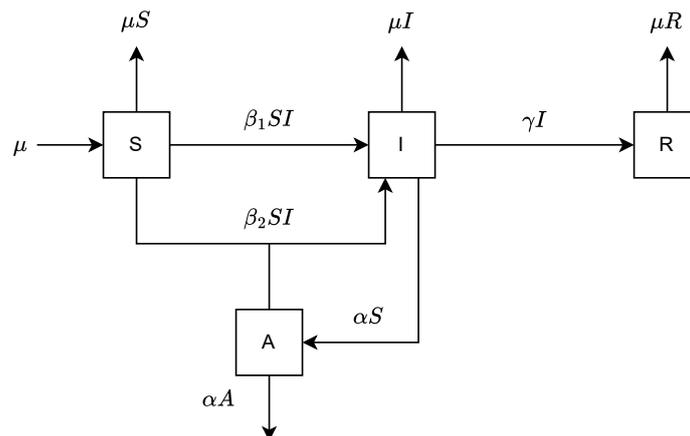


Figura 3.21: Diagrama compartimental para los contagios de cólera.

Entonces se tiene el diagrama de la figura 3.21 para el estudio del cólera, donde se han introducido los siguientes parámetros:

- α : ratio de vertido y desaparición de la bacteria en el agua.
- β_1 : proporción de individuos susceptibles que se contagian debido al contacto con individuos infectados. Por ejemplo, a través de alimentos infectados.
- β_2 : proporción de individuos susceptibles que se contagian debido a la ingesta de agua contaminada.
- γ : ratio de personas infectadas que se recuperan.

- μ : ratio de nacimientos y defunciones de la población.

De esta forma, a partir del sistema descrito por la figura 3.21 se define el siguiente sistema de EDOs:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu - \beta_1 SI - \beta_2 SA - \mu S, \\ \frac{dI}{dt} &= \beta_1 SI + \beta_2 SA - \gamma I - \mu I, \\ \frac{dA}{dt} &= \alpha(I - A), \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R.\end{aligned}\tag{3.31}$$

Como se supone que la tasa de nacimientos es igual a la de defunciones, la población total $N(t)$ es constante. Puesto que los valores de las clases representan la proporción de individuos respecto de la población total, se tiene que $S + I + R = 1$.

Vamos a calcular el equilibrio de libre enfermedad; es decir, donde $I = 0$. A partir de (3.31), por la tercera ecuación se tiene que $A = 0$, y usando la cuarta se llega a que $R = 0$. Sustituyendo en la primera ecuación se tiene que $S = 1$. Luego el punto de equilibrio de libre infección se alcanza en $(1, 0, 0, 0)$.

La estabilidad del equilibrio de libre infección se estudia a partir del sistema linealizado de (3.31). La matriz jacobiana en este punto $(1, 0, 0, 0)$ viene dada por

$$M = \begin{bmatrix} -\mu & \beta_1 & -\beta_2 & 0 \\ 0 & \beta_1 - \gamma - \mu & \beta_2 & 0 \\ 0 & \alpha & -\alpha & 0 \\ 0 & \gamma & 0 & -\mu \end{bmatrix}.$$

Se observa que tenemos el autovalor $-\mu < 0$ duplicado, y el análisis de la estabilidad equivale a estudiar el signo de los autovalores de la matriz

$$M^* = \begin{bmatrix} \beta_1 - \gamma - \mu & \beta_2 \\ \alpha & -\alpha \end{bmatrix},$$

cuya traza es $\beta_1 - \gamma - \mu - \alpha$ y el determinante viene dado por $\alpha(\gamma + \mu - \beta_1 - \beta_2)$. Luego, el equilibrio de libre enfermedad es asintóticamente estable si $\text{tr}M^* < 0$ y $\det M^* > 0$; es decir, para

$$\beta_1 < \gamma + \mu + \alpha \quad \text{y} \quad \beta_1 + \beta_2 < \gamma + \mu.$$

Además, la segunda desigualdad incluye a la primera por ser todas las constantes positivas. En consecuencia, el equilibrio de libre enfermedad es asintóticamente estable si $\beta_1 + \beta_2 < \gamma + \mu$ e inestable para la desigualdad contraria. Trasladando esta información al ámbito epidemiológico, se alcanzará el equilibrio de libre enfermedad si los ratios β_1 y β_2 de contagio no superan al ratio μ de nacimientos y muertes junto con el de recuperación γ .

3.3 Dinámica de poblaciones.

La dinámica de poblaciones estudia la evolución temporal del tamaño de una población de seres vivos, teniendo en cuenta factores como la reproducción o las interacciones con otras especies.

Los modelos matemáticos construidos en este campo de conocimiento sirven para entender y predecir cómo varían las poblaciones en el tiempo, ya sea de forma aislada o en sistemas donde múltiples especies interactúan. Luego, su objetivo principal es capturar las leyes esenciales que gobiernan el crecimiento y la interacción de las poblaciones. A continuación, se presentan algunos de los modelos más conocidos en la teoría de dinámica de poblaciones.

3.3.1 Modelos de poblaciones aisladas.

Modelo malthusiano.

Modelo 3.1 (Modelo malthusiano). *El modelo malthusiano es una de las primeras aproximaciones, y más elementales, al estudio del crecimiento de poblaciones [17]. Para construir este modelo se parte de la hipótesis de que la velocidad de crecimiento es proporcional a la población en cada instante. A partir de esta hipótesis, si denotamos por a a la tasa de crecimiento y $x(t)$ a la cantidad de población en cada instante de tiempo t , se construye la siguiente ecuación diferencial que describe el modelo:*

$$\frac{dx}{dt} = ax. \quad (3.32)$$

Se distingue el caso $a = 0$, para el que se tiene que la cantidad de población $x(t)$ es constante e igual a la población inicial. Esto concuerda con el significado de que la tasa de crecimiento sea nula. Si $a \neq 0$, entonces se tiene un único equilibrio en $x = 0$. Resolviendo la ecuación, para una población inicial de $x(0) = x_0$, se tiene que su evolución viene dada por

$$x(t) = x_0 e^{at}.$$

De esta forma, si la tasa de crecimiento es negativa; es decir, $a < 0$, entonces $x(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y el equilibrio es asintóticamente estable; mientras que si $a > 0$, entonces $x(t) \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$ y el equilibrio es inestable. En términos de análisis de poblaciones, si la tasa de crecimiento es negativa, la población tiende a la extinción. En otro caso, si la tasa de crecimiento es positiva, entonces la población continúa aumentando de manera exponencial.

Modelo logístico.

Se puede entender el origen del modelo logístico como un ajuste del modelo malthusiano. Como se ha visto en el modelo 3.1, si la tasa de crecimiento a es positiva, entonces la población crece de manera indefinida exponencialmente. Esta situación no es realista,

pues los recursos del medio donde está asentada la población son limitados. Bajo esta premisa, el modelo logístico define una nueva constante en el estudio de la dinámica de poblaciones, la capacidad de carga $K > 0$ del entorno. La dinámica de esta nueva forma de entender la evolución del número de individuos de una población se detalla en la explicación del modelo 2.1 recogido en el capítulo 2.

3.3.2 Modelos depredador-presa.

Los modelos de la sección 3.3.1 parten de la asunción de que las poblaciones están aisladas y no se relacionan con ninguna otra. Sin embargo, un sistema más completo tendría en cuenta las interacciones entre los grupos poblacionales de distintas especies que afectan a la variación en la cantidad de individuos de cada una. Fruto de la observación, surge la posibilidad de contemplar modelos que recojan interacciones del tipo depredador-presa, donde interactúan dos especies distintas de manera que una es depredador natural de la otra.

Modelo Lotka-Volterra

El modelo Lotka-Volterra es un modelo del tipo depredador-presa que estudia la evolución de dos especies coexistentes en un mismo hábitat. Así, se considera:

- $x(t)$: población de presas en el instante de tiempo t .
- $y(t)$: población de la especie depredadora en el instante de tiempo t .

Las ecuaciones por las que se rige este sistema surgen a partir de la observación y datos experimentales, planteando las siguientes hipótesis:

1. En ausencia de depredadores, la población presa crece de forma exponencial.
2. En ausencia de presas, la población depredadora decrece exponencialmente.
3. La disminución que experimenta la población presa es proporcional a los encuentros depredador-presa.
4. El aumento de la población depredadora es proporcional a los encuentros depredador-presa.

Teniendo estas premisas en cuenta, se plantea el siguiente sistema de EDOs:

$$\begin{aligned} x'(t) &= f_1(x, y) = ax - bxy \\ y'(t) &= f_2(x, y) = -cy + dxy \end{aligned}, \quad a, b, c, d > 0, \quad (3.33)$$

donde el primer término de cada ecuación es consecuencia de las hipótesis 1 y 2, y el segundo de los términos es producto de las hipótesis 3 y 4. Además, se observa que la suposición para el primer término de las ecuaciones es la misma de la que se parte para el

modelo malthusiano. De hecho, en ausencia del otro término, que modela la interacción entre especies, las poblaciones se consideran aisladas y evolucionan de manera independiente, siguiendo la dinámica del modelo 3.1. Por tanto, la población x de presas crece de manera exponencial mientras que la población depredadora y tiende a la extinción.

Queda analizar cualitativamente el sistema (3.33). Los equilibrios se dan para $f_1(x, y) = f_2(x, y) = 0$. Luego, el sistema presenta un equilibrio en $(0, 0)$ y otro en $(\bar{x}, \bar{y}) = (\frac{c}{d}, \frac{a}{b})$. Además, existen unas trayectorias especiales:

- Para $x = 0$, $y'(t) = -cy$, y la solución viene dada por $(0, e^{-ct}y_0)$, donde y_0 es la población inicial de la especie depredadora y .
- Para $y = 0$, $x'(t) = ax$, y la solución viene dada por $(e^{at}x_0, 0)$, donde x_0 es la población inicial de la especie presa x .

Estas trayectorias especiales se corresponden a los casos ya comentados en los que se consideran las especies aisladas. Por otra parte, el resto de las trayectorias vienen dadas por

$$\frac{dy}{dx} = \frac{y(-c + dx)}{x(a - by)} \Rightarrow \left(\frac{a}{y} - b\right) \frac{dy}{dx} = -\frac{c}{x} + d,$$

y resolviendo se tiene que las trayectorias viven en los conjuntos de nivel de la función

$$F(x, y) = d(x - \bar{x} \ln x) + b(y - \bar{y} \ln y) = h(x) + p(y) = C, \quad (3.34)$$

donde $h(x) = d(x - \bar{x} \ln x)$ y $p(y) = b(y - \bar{y} \ln y)$.

A continuación, vamos a estudiar la estabilidad de los equilibrios del sistema. Para ello, se parte de la matriz jacobiana de $f(x, y) = (f_1(x, y), f_2(x, y))$,

$$f'(x, y) = \begin{bmatrix} a - by & -bx \\ dy & -c + dx \end{bmatrix}.$$

en los puntos de equilibrio $(0, 0)$ y (\bar{x}, \bar{y}) . Esto es,

$$f'(0, 0) = \begin{bmatrix} a & 0 \\ 0 & -c \end{bmatrix}, \quad f'(\bar{x}, \bar{y}) = \begin{bmatrix} 0 & -\frac{bc}{d} \\ \frac{ad}{b} & 0 \end{bmatrix}.$$

Luego, el equilibrio $(0, 0)$ es un punto de silla, y el equilibrio (\bar{x}, \bar{y}) es un centro para el linealizado. En consecuencia, el punto $(0, 0)$ sigue siendo un punto de silla para el sistema original, pero no se puede concluir para el equilibrio (\bar{x}, \bar{y}) por ser un centro para el linealizado. Vamos a estudiar qué ocurre con las trayectorias cercanas al punto (\bar{x}, \bar{y}) a partir de la función F definida en (3.34),

$$h(x) = h(\bar{x}) + h'(\bar{x})(x - \bar{x}) + \frac{h''(\bar{x})}{2}(x - \bar{x})^2 + o(|x - \bar{x}|^2), \quad x \rightarrow \bar{x}, \quad y$$

$$p(y) = p(\bar{y}) + p'(\bar{y})(y - \bar{y}) + \frac{p''(\bar{y})}{2}(y - \bar{y})^2 + o(|y - \bar{y}|^2), \quad y \rightarrow \bar{y},$$

se tiene que existen $\alpha(x)$ entre x y \bar{x} y $\beta(y)$ entre y y \bar{y} tales que

$$F(x, y) = h(\bar{x}) + p(\bar{y}) + h'(\bar{x})(x - \bar{x}) + p'(\bar{y})(y - \bar{y}) + \frac{h''(\alpha(x))}{2}(x - \bar{x})^2 + \frac{p''(\beta(y))}{2}(y - \bar{y})^2 \quad (3.35)$$

Además, $\nabla F(x, y) = (h'(x), p'(y)) = (d(1 - \frac{\bar{x}}{x}), b(1 - \frac{\bar{y}}{y}))$, que evaluado en (\bar{x}, \bar{y}) es el vector idénticamente nulo. Por otra parte, $h''(x) = \frac{d\bar{x}}{x^2} > 0$ y $p''(x) = \frac{d\bar{y}}{y^2} > 0$. Luego, por una parte, sustituyendo en (3.35),

$$F(x, y) = F(\bar{x}, \bar{y}) + \frac{h''(\alpha(x))}{2}(x - \bar{x})^2 + \frac{p''(\beta(y))}{2}(y - \bar{y})^2, \quad (3.36)$$

y, por otra parte, para (x, y) cercano a (\bar{x}, \bar{y}) , $F(x, y) > F(\bar{x}, \bar{y})$; es decir, F presenta un mínimo en (\bar{x}, \bar{y}) . Además, de la representación (3.36), se tiene que los conjuntos de nivel de F cercanos a $F(\bar{x}, \bar{y})$ son elipses. En consecuencia, los conjuntos de nivel de F son trayectorias cerradas.

Por otra lado, si

$$V(x, y) = F(x, y) - F(\bar{x}, \bar{y}),$$

entonces $V(\bar{x}, \bar{y}) = 0$, $V(x, y) > 0$ para (x, y) cerca y distinto de (\bar{x}, \bar{y}) y además

$$\dot{V}(x, y) = \nabla V(x, y) \begin{pmatrix} f_1(x, y) \\ f_2(x, y) \end{pmatrix} = d(x - \bar{x})(a - by) + b(y - \bar{y})(-c + dx) = 0.$$

Entonces V es una función de Liapunov para (\bar{x}, \bar{y}) y, según el teorema 2.13, (\bar{x}, \bar{y}) es un equilibrio estable.

Luego, la dinámica de poblaciones que describe el modelo Lotka-Volterra implica que las especies coexistirán en torno a (\bar{x}, \bar{y}) , fluctuando la cantidad de individuos de cada una de manera periódica, como se representa en la figura 3.22. En consecuencia, las curvas del diagrama de fases serán cerradas como se ilustrará a continuación. Además, en ausencia de la especie presa, la especie depredadora se extinguirá; mientras que, para el caso contrario, la especie presa aumentará su población indefinidamente.

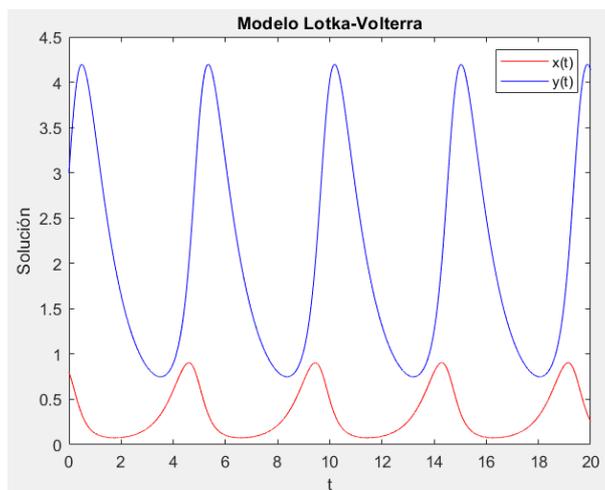


Figura 3.22: Dinámica de las especies en el modelo Lotka-Volterra con $a = 2, b = 1, c = 1, d = 3$ con dato inicial $x(0) = (0.8, 3)$.

Una vez más, no podemos calcular las soluciones del sistema (3.33); sin embargo, se puede recurrir a la aproximación numérica de las soluciones utilizando métodos Runge-Kutta para comprobar el carácter periódico de las soluciones y entender cómo evoluciona la población de las distintas especies a lo largo del tiempo. Para ello, se emplea el método RK que tiene por tabla de Butcher la tabla 2.3. Este produce la aproximación a las trayectorias que se muestra en la figura 3.22. A partir de esta, es posible observar la forma periódica que tienen las soluciones.

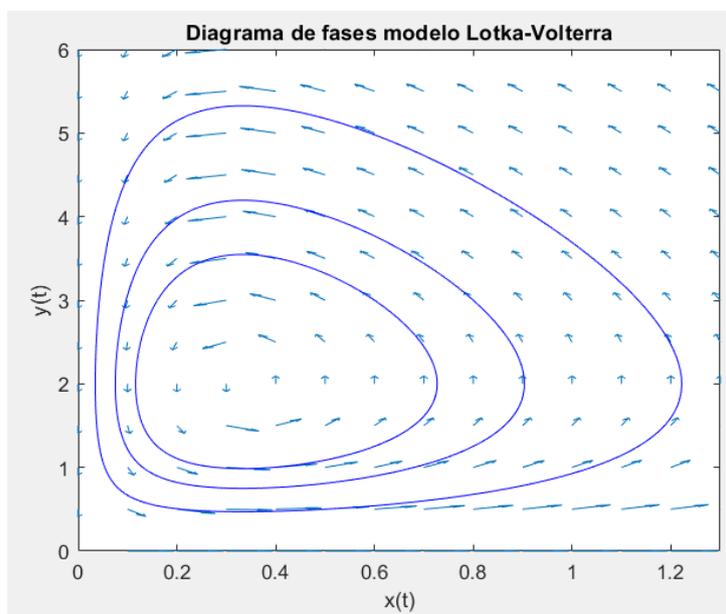


Figura 3.23: Diagrama de fases del modelo Lotka-Volterra (3.33) con $a = 2, b = 1, c = 1, d = 3$.

Por otra parte, conociendo la aproximación de las trayectorias se puede construir el diagrama de fases del modelo. Este es el que se presenta en la figura 3.23. En él, se observa cómo las trayectorias por las que se rige el modelo son curvas cerradas.

Finalmente, también en base a las trayectorias calculadas, se puede comprobar si efectivamente estas viven en los conjuntos de nivel de la función F definida en (3.34). Para ello, vamos a observar la diferencia entre un punto cualquiera de la trayectoria y el valor inicial desde el que se parte. Para la trayectoria que describe la figura 3.22, se tienen las diferencias dadas en la figura 3.24, las cuales se calculan para dos longitudes de paso distintas, 0.001 y 0.0005. Como se puede apreciar, el error permanece acotado en el tiempo en torno a 10^{-6} .

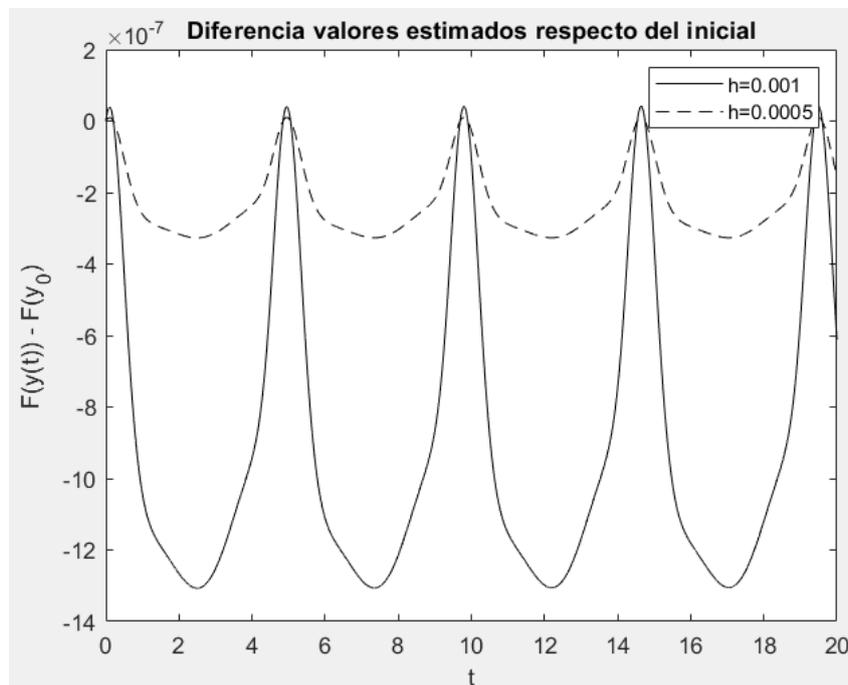


Figura 3.24: Cálculo $F(x, y) - F(\bar{x}, \bar{y})$ a lo largo de la trayectoria descrita en la figura 3.22 para longitudes de paso 0.001 y 0.0005.

Modelos depredador-presa con competencia.

En el modelo clásico de Lotka-Volterra no se contempla un aspecto: los individuos de una misma especie compiten entre ellos por el alimento. Además, en ausencia de una especie, la otra sigue el modelo malthusiano. Se busca también que si esto sucede, el modelo resultante sea el modelo logístico. Para incorporar esta información al modelo, se añade un término a la ecuación (3.33) para modelar dicha competencia entre los individuos de la población de cada especie.

$$\begin{aligned} x' &= x(a - by - ex) \\ y' &= y(-c + dx - fy), \end{aligned} \tag{3.37}$$

donde $e, f > 0$. Se comienza por calcular los puntos singulares del sistema de EDOs (3.37) para buscar las poblaciones de equilibrio de las especies. Se trata de resolver el sistema

$$\begin{aligned} x(a - by - ex) &= 0 \\ y(-c + dx - fy) &= 0 \end{aligned} \quad (3.38)$$

- La primera ecuación se anula para $x = 0$. Sustituyendo esto en la segunda ecuación, da lugar a $y(-c - fy) = 0$. De aquí, se obtienen las soluciones $y = 0$ e $y = -\frac{c}{f}$. No obstante, como $y = -\frac{c}{f} < 0$, no tiene aplicación biológica y no se considera. Así, de aquí se obtiene el punto de equilibrio $P_0 = (0, 0)$.
- La otra opción para la primera ecuación es considerar $x \neq 0$. En ese caso, si $y = 0$, entonces $a - ex = 0$ y se tiene el equilibrio $P_1 = (\frac{a}{e}, 0)$. Por otra parte, si $y \neq 0$, de la segunda ecuación se tiene que $-c + dx - fy = 0$ y se tiene un punto de equilibrio P_2 que es el punto de corte entre las rectas

$$r_1 : a - by - ex = 0, \quad y \quad r_2 : -c + dx - fy = 0,$$

que se pueden reescribir como

$$r_1 : y = -\frac{e}{b}x + \frac{a}{b}, \quad y \quad r_2 : y = \frac{d}{f}x - \frac{c}{f}.$$

Estas rectas tendrán un aspecto similar a uno de los casos que se presentan en las figuras 3.25 y 3.28. De esta forma, para el punto de equilibrio P_2 se tienen dos posibilidades:

- Por un lado, si $\frac{a}{e} < \frac{c}{d}$, las rectas intersecan fuera del primer cuadrante y no se considera el punto de equilibrio P_2 en el estudio del modelo, por no tener significado en el análisis de la dinámica de poblaciones. Así, para este caso solo se contemplan los equilibrios $P_0 = (0, 0)$ y $P_1 = (\frac{a}{e}, 0)$.
- Por otro lado, si $\frac{a}{e} > \frac{c}{d}$, entonces las rectas se intersecan en el primer cuadrante y se deben estudiar los puntos de equilibrio $P_0 = (0, 0)$, $P_1 = (\frac{a}{e}, 0)$ y $P_2 = (\bar{x}, \bar{y})$, donde \bar{x} e \bar{y} cumplen que

$$a - b\bar{y} - e\bar{x} = 0 \quad y \quad -c + d\bar{x} - f\bar{y} = 0.$$

Nótese que el caso $\frac{a}{e} = \frac{c}{d}$ no se descarta porque en esta situación $P_1 \equiv P_2$.

Una vez analizados los puntos de equilibrio, el siguiente paso con el que proceder es el de estudiar las trayectorias especiales que encontramos en el modelo. Así, estudiamos dos casos:

- Si $y = 0$, entonces la primera ecuación del sistema (3.38) es

$$x' = x(a - ex) = f(x),$$

y se reduce al modelo logístico. De manera que, siguiendo lo estudiado en el modelo 2.1, $x \rightarrow \frac{a}{e}$ cuando $t \rightarrow 0$.

- Si $x = 0$, entonces la segunda ecuación del sistema (3.38) queda de la siguiente forma:

$$y' = y(-c - fy) = g(y),$$

lo que vuelve a representar el modelo logístico. Sin embargo, en este caso $g(y) < 0$ para $y > 0$, de manera que $y \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow +\infty$.

Tras analizar las trayectorias especiales del sistema, se pasa a estudiar los puntos de equilibrio del mismo a partir del sistema linealizado. La matriz del sistema linealizado de (3.37) es

$$F'(x, y) = \begin{bmatrix} a - by - 2ex & -bx \\ dy & -c + dx - 2fy \end{bmatrix}$$

Evaluada en el punto $P_0 = (0, 0)$, se tiene que

$$F'(P_0) = \begin{bmatrix} a & 0 \\ 0 & -c \end{bmatrix}.$$

Luego, P_0 es un punto de silla. Por otra parte, se trata el punto $P_1 = (\frac{a}{e}, 0)$, para el que el sistema linealizado viene dado por la matriz

$$F'(P_1) = \begin{bmatrix} -a & -\frac{ab}{e} \\ 0 & -c + \frac{ad}{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -a & -\frac{ab}{e} \\ 0 & \frac{ad-ce}{e} \end{bmatrix}.$$

Como la matriz $F'(P_1)$ es triangular inferior, los elementos de la diagonal son los autovalores. Como $-a < 0$, el carácter de P_1 depende del otro elemento de la diagonal. De esta forma, si $ad - ce < 0$, P_1 es un nodo estable; mientras que, si $ad - ce > 0$, P_1 es un punto de silla. Por último, queda analizar el carácter cualitativo del equilibrio $P_2(\bar{x}, \bar{y})$ en caso de que esté en el primer cuadrante. En este supuesto, se tiene que

$$F'(P_1) = \begin{bmatrix} a - b\bar{y} - 2e\bar{x} & -b\bar{x} \\ d\bar{y} & -c + d\bar{x} - 2f\bar{y} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -e\bar{x} & -b\bar{x} \\ d\bar{y} & -f\bar{y} \end{bmatrix} = A,$$

donde se ha utilizado para la segunda igualdad que $a - b\bar{y} - e\bar{x} = 0$ y $-c + d\bar{x} - f\bar{y} = 0$. Empleando la teoría descrita para el plano traza-determinante, como

$$\begin{aligned} \text{tr}(A) &= -e\bar{x} - f\bar{y} < 0, \\ \det(A) &= ef\bar{x}\bar{y} + bd\bar{x}\bar{y} > 0, \end{aligned}$$

entonces el equilibrio P_2 es bien un foco, bien un nodo. En cualquiera de los dos casos, el punto será estable.

Finalmente, queda por estudiar el resto de las trayectorias para el modelo descrito por (3.37). Para ello, se distinguen los casos en los que el punto P_2 se encuentra o no en el primer cuadrante, representados en las figuras 3.25 y 3.28, y se estudia la evolución de cada variable en cada región del espacio que separan las rectas r_1 y r_2 :

- **Caso 1:** P_2 no está en el primer cuadrante. Si esto sucede, las rectas no interseccionan en el primer cuadrante y divide al mismo en tres regiones, representadas en la figura 3.25. Basta evaluar en un punto de cada región para conocer el signo de x' e y' . De esta forma, se puede analizar la evolución de las trayectorias. En la tabla 3.1 se muestra el signo de x' e y' en cada región.

Región	x'	y'
I	-	+
II	-	-
III	+	-

Tabla 3.1: Evaluación de x' e y' en las regiones de la figura 3.26.

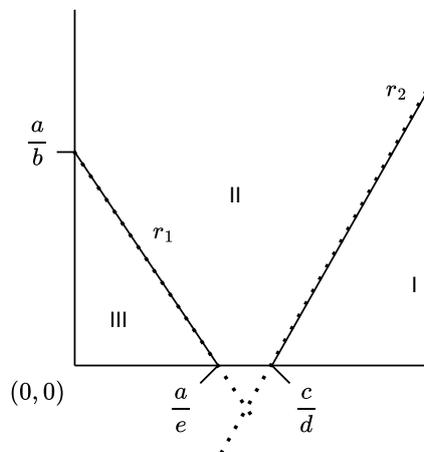


Figura 3.25: Regiones primer caso modelo depredador-presa con competencia.

Vamos a representar las soluciones del sistema (3.37); para ello, volvemos a utilizar la aproximación numérica de las soluciones utilizando el método RK que tiene por tabla de Butcher la tabla 2.3. Este produce la aproximación a las trayectorias que se muestra en la figura 3.26 para el caso concreto donde $a = 1, b = 1, c = 2, d = 1, e = 2, f = 2$. En la leyenda de esta figura, $CI\#N$ se refiere a las condiciones

iniciales número N . Aquí, se observa como las trayectorias convergen al equilibrio P_1 . Esto mismo también se observa en el mapa de fases de la figura 3.27 para lo que se amplía el código al 8.

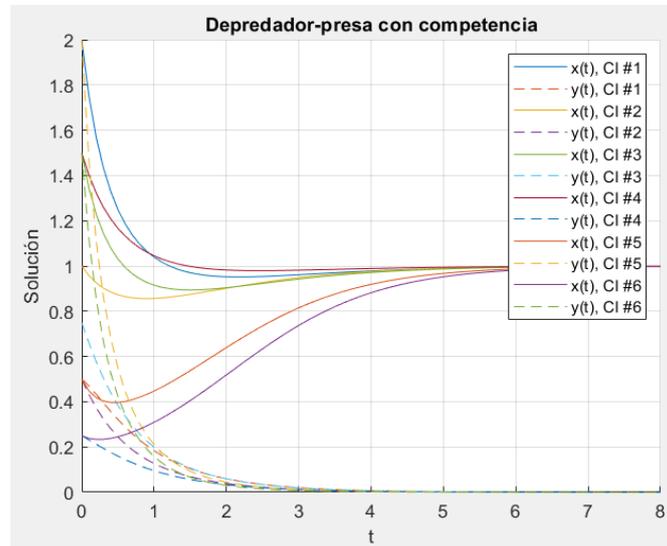


Figura 3.26: Trayectorias del caso 1 del modelo depredador-presa con competencia.

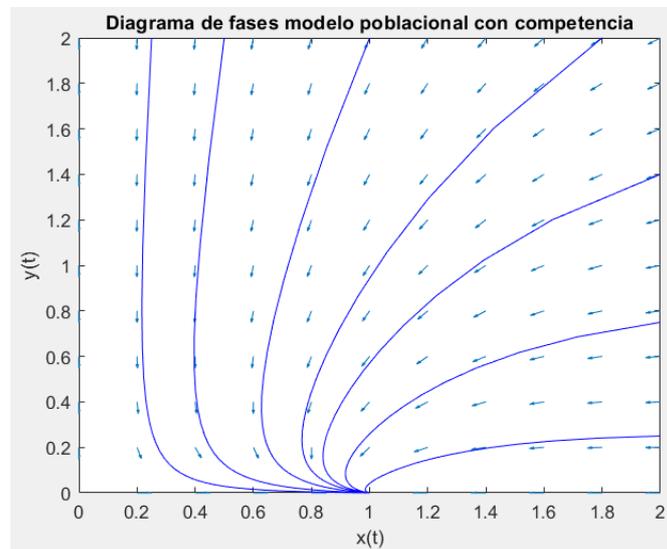


Figura 3.27: Mapa de fases del caso 1 del modelo depredador-presa con competencia.

- **Caso 2:** P_2 está en el primer cuadrante. En este caso, las rectas intersecan dividiendo el espacio del primer cuadrante en cuatro regiones, representadas en la figura 3.28. En la tabla 3.2 se estudian los signos de x' e y' de manera análoga a como se hizo para el primer caso.

Región	x'	y'
I	-	+
II	-	-
III	+	-
IV	+	+

Tabla 3.2: Evaluación de x' e y' en las regiones de la figura 3.29.

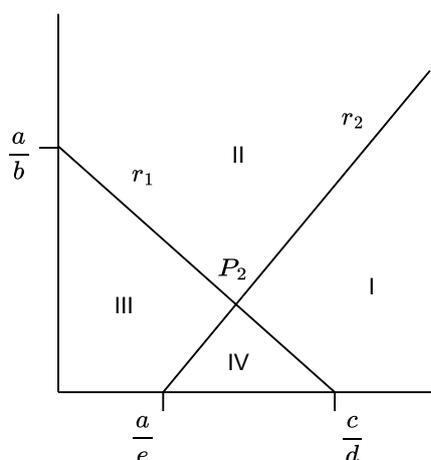


Figura 3.28: Regiones segundo caso modelo depredador-presa con competencia.

Por último, queda representar las soluciones del sistema (3.37) en este caso. Para ello, se parte de la tabla de Butcher 2.3. Este método produce la aproximación a las trayectorias que se muestra en la figura 3.29 para el caso de (3.37) donde $a = 2, b = 1, c = 1, d = 1, e = 1, f = 1$. En la leyenda de esta figura, $CI\#N$ se refiere a las condiciones iniciales número N . En las gráficas se observa como las trayectorias convergen al equilibrio P_2 . Esto mismo también se observa en el mapa de fases de la figura 3.30 usando el código 8. Esto muestra indicios de que dicho equilibrio es un foco estable. Sin embargo, no se puede concluir que no pueda ser un nodo para alguna disposición concreta de los parámetros a la vista de los resultados de la tabla 3.2.

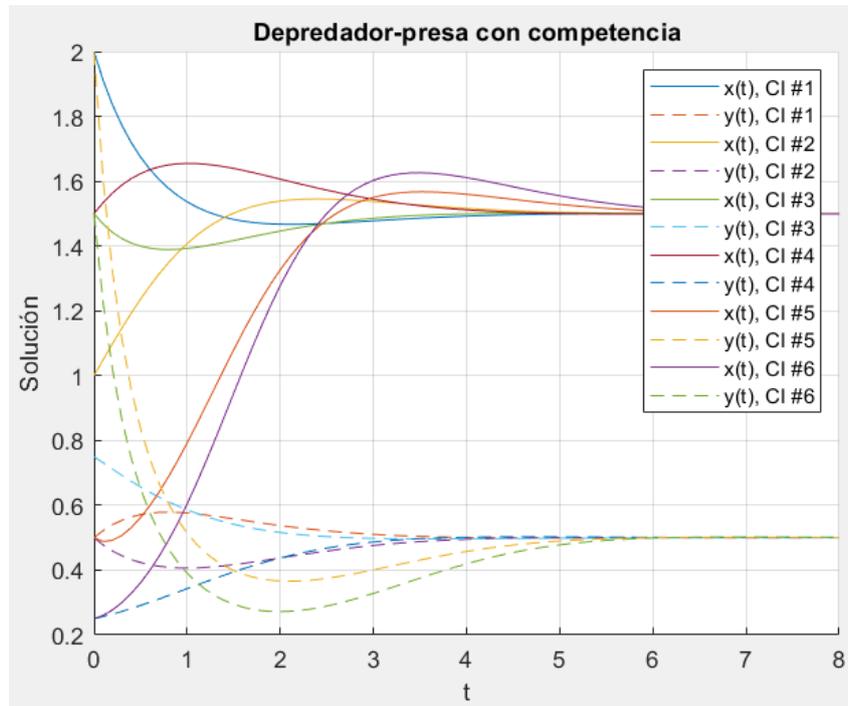


Figura 3.29: Trayectorias del caso 2 del modelo depredador-presa con competencia.

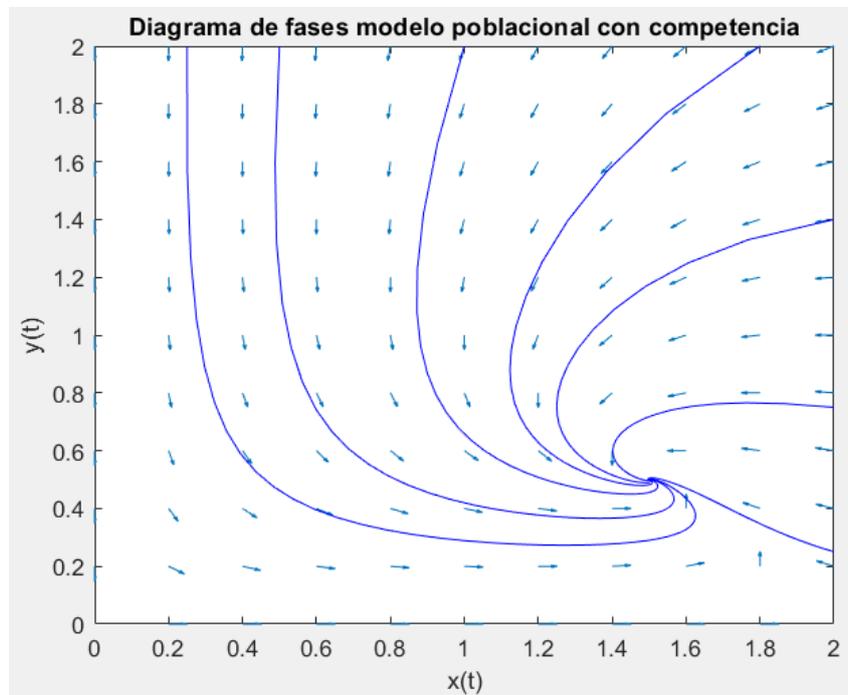


Figura 3.30: Mapa de fases del caso 2 del modelo depredador-presa con competencia.

Bibliografía

- [1] I.Alonso-Mallo, *Apuntes de sistemas dinámicos I*, Universidad de Valladolid, 2012.
- [2] H.Amann, *Ordinary Differential Equations*. Walter de Gruyter, Berlin, 1990.
- [3] R.M.Anderson and R. M. May, *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, 1991.
- [4] A.A.Andronov, E.A.Leontovich, I.I.Gordon and A.G.Maier, *Qualitative Theory of Second-Order Dynamical Systems*. John Wiley and Sons, New York, 1973.
- [5] P.Atkins, J. de Paula, *Fisicoquímica*, Oxford University Press, 10th edición, 2014.
- [6] R.L.Burden, J.D.Faires, *Numerical Analysis*, Cengage Learning, 9th ed., 2011.
- [7] R.Chang, *Química*, McGraw-Hill, 13th ed., 2020.
- [8] E.A.Coddington, N.Levinson, *Theory of Ordinary Differential Equations*. Tata McGraw-Hill Education, New York, 1955.
- [9] C.Fernández-Pérez, F.J.Vázquez Hernández, J.M.Vegas Montaner, *Ecuaciones diferenciales y en diferencias. Sistemas dinámicos*, Ed.Thompson, 2003.
- [10] A.Friedman, C.Kao, *Mathematical Modeling of Biological Processes*. Springer.
- [11] G.H.Golub, C.F.Van Loan, *Matrix Computations*, John Hopkins University Press, 2013.
- [12] J.Hadamard, *Lectures on Cauchy's Problem in Linear Partial Differential Equations*. Yale University Press, New Haven, 1923.
- [13] E.Hairer, S.P.Nörsett, G.Wanner, *Solving Ordinary Differential Equations I, Nonstiff Problems*, Springer, 2000.
- [14] P.Hartman, *Ordinary Differential Equations*. John Wiley and Sons, New York, 1964.
- [15] A.Iserles, *A First Course in the Numerical Analysis of Differential Equations*. Cambridge University Press, 1996.

- [16] J.D.Lambert, *Numerical methods for Ordinary Differential Equations*, J. Wiley & Sons, 1991.
- [17] J.D.Murray, *Mathematical Biology: I. An Introduction*, Springer, 3rd ed., 2002.
- [18] L.Perko, *Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer-Verlag, New York, 3rd ed., 2001.
- [19] S.Scheter, *Proof of the Stable Manifold Theorem*. 2013.
- [20] M.Spivak, *Cálculo en variedades*. Reverté, 1988.
- [21] S.Wiggins, *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos*, Springer, 2003

Código MATLAB empleado

A1 Códigos para verificar el orden de métodos RK

```
1 f = @(x) -x; g = @(t) exp(-t);
2
3 x0 = 1;
4 hs = [1e-1, 1e-2, 1e-3, 1e-4];
5 E = zeros(length(hs), 1);
6 for i = 1:length(hs)
7     t0 = 0;
8     tf = 10;
9     h = hs(i);
10    t = t0:h:tf;
11    N = length(t);
12
13    X = zeros(1, N); X(1) = x0;
14
15    for n = 1:N-1
16        tn = t(n);
17        xn = X(n);
18
19        k1 = f(xn);
20        k2 = f(xn + h * k1);
21
22        X(n+1) = xn + h/2 * (k1 + k2);
23    end
24
25    E(i) = abs(X(n+1) - g(t(n+1)));
26 end
27
28 [hs' E]
```

Código 1: Código para comprobar el orden del método de Euler mejorado

```
1 f = @(x) -x; g = @(t) exp(-t);
2
3 x0 = 1;
4 hs = [1e-1, 1e-2, 1e-3, 1e-4];
5 E = zeros(length(hs),1);
6
7 for i = 1:length(hs)
8     t0 = 0; tf = 10;
9     h = hs(i);
10    t = t0:h:tf;
11    N = length(t);
12
13    X = zeros(1, N); X(1) = x0;
14
15    for n = 1:N-1
16        tn = t(n);
17        xn = X(n);
18
19        k1 = f(xn);
20        k2 = f(xn + h/3 * k1);
21        k3 = f(xn + h*(2/3) * k2);
22
23        X(n+1) = xn + (h/4) * (k1 + 3*k3);
24    end
25
26    E(i) = abs(X(n+1) - g(t(n+1)));
27 end
28
29 [hs' E]
```

Código 2: Código para comprobar el orden del método RK con tabla 2.5

A2 Códigos para aproximar numéricamente las soluciones de modelos del capítulo 3

```

1 % Funcion que describe el modelo
2 f = @(t, x) 2*x*(1-x) - (x)/(1+x);
3 %f = @(t, x) 0.5*x*(1-x) - (x)/(1+x);
4
5 % Parametros
6 t0 = 0;
7 tf = 10;
8 h = 0.1;
9 N = (tf - t0)/h;
10 t = t0:h:tf;
11
12 % Condiciones iniciales
13 y0_list = [0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1];
14
15 colors = lines(length(y0_list));
16 figure; hold on;
17
18 for j = 1:length(y0_list)
19     y = zeros(1, length(t));
20     y(1) = y0_list(j);
21
22     for n = 1:N
23         k1 = f(t(n), y(n));
24         k2 = f(t(n+1), y(n) + h * k1);
25         y(n+1) = y(n) + (h/2) * (k1 + k2);
26     end
27     plot(t, y, '-', 'Color', colors(j,:), 'DisplayName', ['T_0=_'
28         ', num2str(y0_list(j))]);
29
30 end
31 xlabel('t'); ylabel('T(t)');
32 ylim([-0.1 1.1]);
33 title('Metodo de Euler mejorado con multiples condiciones
34     iniciales');
35 legend show;
36 grid on;

```

Código 3: Código aproximación numérica para el modelo del cáncer

```
1 % Definicion del problema
2 % f = @(x) [1 - x(1)*x(2) + x(3) - x(1);
3 %           x(1)*x(2) - 2*x(2);
4 %           x(2) - 2*x(3)];
5 f = @(x) [1 - 3*x(1)*x(2) + x(3) - x(1);
6 %         3*x(1)*x(2) - 2*x(2);
7 %         x(2) - 2*x(3)];
8 t0 = 0;
9 tf = 5;
10 h = 0.1;
11 t = t0:h:tf;
12 N = length(t);
13
14 % Condiciones iniciales (cada fila es una: [x1, x2, x3])
15 X0 = [1, 1, 1;
16 %     0.5, 1.5, 2;
17 %     2, 0.5, 1;
18 %     1, 0, 0];
19
20 M = size(X0, 1);
21
22 for m = 1:M
23     x0 = X0(m, :);
24     x = zeros(3, N);
25     x(:,1) = x0;
26
27     for n = 1:N-1
28         k1 = f(x(:,n));
29         k2 = f(x(:,n) + h/3 * k1);
30         k3 = f(x(:,n) + h*(2/3) * k2);
31         x(:,n+1) = x(:,n) + (h/4) * (k1 + 3*k3);
32     end
33
34     % Graficas de cada componente por separado
35     figure(1);
36     plot(t, x(1,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
37     title('Evolucion_individuos_susceptibles');
38     xlabel('t'); ylabel('S(t)'); ylim([-0.1 2.1]); grid on;
39     legend show;
40
41     figure(2);
42     plot(t, x(2,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
43     title('Evolucion_individuos_infectados');
44     xlabel('t'); ylabel('I(t)'); ylim([-0.1 2.1]); grid on;
45     legend show;
```

A2. Códigos para aproximar numéricamente las soluciones de modelos del capítulo 3

```
44
45     figure(3);
46     plot(t, x(3,:), 'DisplayName', ['CI', num2str(m)]); hold on;
47     title('Evolucion_individuos_recuperados');
48     xlabel('t'); ylabel('R(t)'); ylim([-0.1 2.1]); grid on;
49     legend show;
end
```

Código 4: Código aproximación numérica para el modelo SIR

```
1 % f = @(x) [1 - x(1)*x(3) + x(4) - x(1);
2 %           x(1)*x(3) - 2*x(2);
3 %           x(2) - 2*x(3);
4 %           x(3) - 2*x(4)];
5 f = @(x) [2 - x(1)*x(3) + x(4) - 0.5*x(1);
6 %         x(1)*x(3) - x(2) - 0.5*x(2);
7 %         x(2) - x(3) - 0.5*x(3);
8 %         x(3) - x(4) - 0.5*x(4)];
9
10 t0 = 0;
11 tf = 5;
12 h = 0.1;
13 t = t0:h:tf;
14 N = length(t);
15
16 % Condiciones iniciales (cada fila es una: [x1, x2, x3])
17 X0 = [1, 1, 1, 1;
18 %     0.5, 1.5, 2, 0.5;
19 %     2, 0.5, 1, 1;
20 %     4, 0, 0, 0;
21 %     3, 0.2, 0.2, 0.2];
22
23 M = size(X0, 1);
24
25 for m = 1:M
26     x0 = X0(m, :);
27     x = zeros(4, N);
28     x(:,1) = x0;
29
30     for n = 1:N-1
31         k1 = f(x(:,n));
32         k2 = f(x(:,n) + h/3 * k1);
33         k3 = f(x(:,n) + h*(2/3) * k2);
34         x(:,n+1) = x(:,n) + (h/4) * (k1 + 3*k3);
35     end
36 end
```

```

37 % Graficas de cada componente por separado
38 figure(1);
39 plot(t, x(1,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
40 title('Evolucion_individuos_susceptibles');
41 xlabel('t'); ylabel('S(t)'); ylim([-0.1 4.1]); grid on;
42     legend show;
43
44 figure(2);
45 plot(t, x(2,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
46 title('Evolucion_individuos_expuestos');
47 xlabel('t'); ylabel('R(t)'); ylim([-0.1 1.6]); grid on;
48     legend show;
49
50 figure(3);
51 plot(t, x(3,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
52 title('Evolucion_individuos_infectados');
53 xlabel('t'); ylabel('I(t)'); ylim([-0.1 2.1]); grid on;
54     legend show;
55
56 figure(4);
57 plot(t, x(4,:), 'DisplayName', ['CI_', num2str(m)]); hold on;
58 title('Evolucion_individuos_recuperados');
59 xlabel('t'); ylabel('R(t)'); ylim([-0.1 1.2]); grid on;
60     legend show;
61 end

```

Código 5: Código aproximación numérica para el modelo SEIR

```

1 f = @(y) [2*y(1) - y(1)*y(2); -y(2) + 3*y(1)*y(2)];
2 F = @(x) 3*x(1)-log(x(1)) + x(2)-2*log(x(2));
3
4 % f = @(y) [y(1) - 3*y(1)*y(2); -2*y(2) + 3*y(1)*y(2)];
5 % F = @(x) 3*x(1)-2*log(x(1)) + 3*x(2)-log(x(2));
6
7 y0 = [0.5, 0.5;
8       0.6, 3;
9       0.8, 3];
10 h = 0.001;
11
12 t0 = 0;
13 tf = 20;
14 t = t0:h:tf;
15 N = length(t);
16
17 [u1,v1] = meshgrid(0:0.1:1.4, 0:0.5:6);
18 u2 = 2*u1 - u1.*v1;

```

```

19 v2 = -v1 + 3*u1.*v1;
20 norma = sqrt(u2.^2 + v2.^2);
21 u2 = u2 ./ norma;
22 v2 = v2 ./ norma;
23
24 figure(1);
25 quiver(u1, v1, u2, v2, 0.2); hold on;
26
27 for i=1:length(y0)
28     Y = zeros(N, length(y0(i,:)));
29     Y(1,:) = y0(i,:);
30     val(1) = F(y0(i,:));
31
32     for n = 1:N-1
33         tn = t(n);
34         yn = Y(n,:);
35
36         k1 = f(yn);
37         k2 = f(yn + h * k1);
38
39         Y(n+1,:) = (yn + h/2 * (k1 + k2));
40         val(n+1) = F(Y(n+1,:));
41     end
42
43     plot(Y(:,1), Y(:,2), 'b')
44     hold on
45 end
46
47 xlabel('x(t)'); ylabel('y(t)');
48 xlim([0 1.3]); ylim([0 6]);
49 title('Diagrama de fases modelo Lotka-Volterra');
50
51 figure(2);
52 plot(t, Y(:,1), 'r', t, Y(:,2), 'b');
53 legend('x(t)', 'y(t)');
54 xlabel('t');
55 ylabel('Solucion');
56 title('Modelo Lotka-Volterra');
57
58 figure(3);
59 plot(t, val - val(1), 'k');
60 xlabel('t');
61 ylabel('F(y(t)) - F(y_0)');
62 title('Diferencia valores estimados respecto del inicial');

```

Código 6: Código aproximación numérica para el modelo Lotka-Volterra

```
1 %f = @(t, y) [y(1)*(2 - y(2) - y(1)); y(2)*(-1 + y(1) - y(2))];
2 f = @(t, y) [y(1)*(1 - y(2) - y(1)); y(2)*(-2 + y(1) - y(2))];
3
4 % Lista de condiciones iniciales (columnas: [x0; y0])
5 CI = [2 0.5;
6       1 0.5;
7       1.5 0.75;
8       1.5 0.25;
9       0.5 2;
10      0.25 1.5];
11
12 figure; hold on;
13
14 for i = 1:size(CI, 1)
15     t0 = 0;
16     tf = 8;
17     h = 0.1;
18     t = t0:h:tf;
19     N = length(t);
20
21     Y = zeros(N, length(CI(i,:)));
22     Y(1,:) = CI(i,:);
23
24     for n = 1:N-1
25         tn = t(n);
26         yn = Y(n,:)';
27
28         k1 = f(tn, yn);
29         k2 = f(tn + h, yn + h * k1);
30
31         Y(n+1,:) = (yn + h/2 * (k1 + k2))';
32     end
33
34     plot(t, Y(:,1), '- ', 'DisplayName', sprintf('x(t), CI_%d', i));
35     plot(t, Y(:,2), '-- ', 'DisplayName', sprintf('y(t), CI_%d', i));
36 end
37
38 legend();
39 xlabel('t');
40 ylabel('Solucion');
41 title('Depredador-presa con competencia');
```

Código 7: Código aproximación numérica para el modelo depredador-presa con competencia

```

1 % f = @(t, y) [y(1)*(2 - y(2) - y(1)); y(2)*(-1 + y(1) - y(2))];
2 f = @(t, y) [y(1)*(1 - y(2) - y(1)); y(2)*(-2 + y(1) - y(2))];
3
4 % Lista de condiciones iniciales (columnas: [x0; y0])
5 CI = [1 2;
6       0.5 2;
7       0.25 2;
8       1.8 2;
9       2 1.4;
10      2 0.75;
11      2 0.25];
12
13 [u1,v1] = meshgrid(0:0.2:2, 0:0.2:2);
14 u2 = u1.*(2 - v1 - u1);
15 v2 = v1.*(-1 + u1 - v1);
16 norma = sqrt(u2.^2 + v2.^2);
17 u2 = u2 ./ norma;
18 v2 = v2 ./ norma;
19
20 % [u1,v1] = meshgrid(0:0.2:2, 0:0.2:2);
21 % u2 = u1.*(1 - v1 - u1);
22 % v2 = v1.*(-2 + u1 - v1);
23 % norma = sqrt(u2.^2 + v2.^2);
24 % u2 = u2 ./ norma;
25 % v2 = v2 ./ norma;
26
27 figure(1);
28 quiver(u1, v1, u2, v2, 0.2); hold on;
29
30 for i = 1:size(CI, 1)
31     t0 = 0;
32     tf = 8;
33     h = 0.1;
34     t = t0:h:tf;
35     N = length(t);
36
37     Y = zeros(N, length(CI(i,:)));
38     Y(1,:) = CI(i,:);
39
40     for n = 1:N-1
41         tn = t(n);
42         yn = Y(n,:)';
43
44         k1 = f(tn, yn);
45         k2 = f(tn + h, yn + h * k1);

```

```
46         Y(n+1,:) = (yn + h/2 * (k1 + k2))';
47     end
48
49
50     figure(1);
51     plot(Y(:,1), Y(:,2), 'b')
52     hold on;
53
54     figure(2);
55     plot(t, Y(:,1), '-', 'DisplayName', sprintf('x(t), CI%d', i
56         ));
57     plot(t, Y(:,2), '--', 'DisplayName', sprintf('y(t), CI%d',
58         i));
59     hold on;
60 end
61
62 legend();
63 xlabel('t');
64 ylabel('Solucion');
65 title('Depredador-presaconcompetencia');
66
67 figure(1);
68 xlabel('x(t)'); ylabel('y(t)');
69 title('Diagramade fasesmodelo poblacionalconcompetencia')
70 xlim([0 2]); ylim([0 2]);
```

Código 8: Ampliación código aproximación numérica para el modelo depredador-presa con competencia