

RESÚMENES DE LA XXIV EOBM Y EL XVIII ENBM

Del 9 al 13 de Octubre de 2023

Facultad de Matemáticas U.V.

Índice

CURSOS	4
Miller Orlando Cerón Gómez	5
Adriana Haydeé Contreras Peruyero y Shaddai Guerrero Flores	6
Eugenio M. Azpeitia E. y N. Leticia Fabrica Jacinto	7
CONFERENCIAS INVITADAS	8
Irasema Pedroza Meza	9
Ek del Val de Gortari	10
Cruz Vargas de León	11
Laura Jiménez Jiménez	12
María Fernanda Jiménez Alegría	13
N. Leticia Abrica Jacinto	14
Erika Fabiola Rivero Esquivel	15
Eduardo Ibarguen Mondragón	16
CONFERENCIAS POR SOLICITUD PRESENCIALES	17
Juan José Leal García	18
Itzayana Yisely Madrigal Estrada	19
Ahida Ortiz Santos	20
Tishbe Pilarh Herrera Ramírez	21
Isaac Elías Vázquez Rivera	22
Brenda Zarahi Medina Pérez	23
José Alfredo Zavaleta Viveros	24
Angel Cervantes Pérez	25
Reyes Manuel Peña Noh	26
Wilmer L. Molina	27

Ibrahim García Zárate	34
Uvencio José Giménez Mujica	35
Jorge Velázquez Castro	36
Luis Eduardo López-Montenegro	37
CONFERENCIAS POR SOLICITUD PREGRABADAS	38
Augusto Cabrera Becerril	39
Viviana Rivera	40
Juan Felipe Pacazuca	42
Nicole Martínez-Jeraldo	43
Irvin Omar Herrera Guzmán	45
Paulina R. Martín	46
Luis Andrés Rojas García	47
CARTELES	48
Abril Gallegos Soria	49
Christopher Gómez Kaiser	50
Rodrigo Gonzaga Sierra	52
Joksán Avendaño Caballero	53
Martín Álvarez Uriostegui	54
Andry Alexander Peregrino Rodríguez	55
Adriana Sandoval Ramírez	56
Neith Sofia Girbau Torres y Karen Monserrat Jara Gutiérrez	57
Shamari Eloisa Vázquez Martínez	58
Rafael Cuitláhuac Vázquez Castro	60
Daniela Gómez Guridi	61
Marisol García Hernández	62

<u>Victor Manuel Salcedo Rosero</u>	63
<u>Brenda Beatriz Arce Sánchez</u>	69
<u>Cuauhtémoc Fénix Martínez Sánchez</u>	70
<u>Francisco Martín Torres Fernández</u>	71



CURSOS



XXIV EOBM



XVIII ENBM





Tasas de incidencia no lineales en modelos epidemiológicos

Miller Orlando Cerón Gómez
Universidad de Nariño, Colombia

millemillercg@udenar.edu.co

Resumen

En este curso desarrollaremos el concepto de tasas de incidencia en modelos epidemiológicos, su historia y su evolución. Nos centraremos en explorar las tasas de incidencia no lineales y su significado, así como sus implicaciones en la dinámica de los modelos epidemiológicos.



Aplicaciones de análisis topológico de datos a Pangenómica

Adriana Haydeé Contreras Peruyero y Shaddai Guerrero Flores

Centro de Ciencias Matemáticas, UNAM, Campus Morelia

haydeeperuyero@gmail.com, shaday@matmor.unam.mx

Resumen

En este curso introductorio exploraremos las aplicaciones del análisis topológico de datos (TDA) en el campo de la pangenómica. Resulta fascinante observar que los genomas bacterianos de una misma especie pueden presentar diferencias en su contenido génico. Para estudiar todos los genes de todas las cepas de un mismo clado, se utiliza el concepto de pangenoma en la genómica.

En los últimos años, hemos presenciado un aumento exponencial en el acceso y disponibilidad de grandes bases de datos biológicos. El análisis topológico de datos se presenta como una herramienta fundamental para explorar y comprender estos repositorios. A través del TDA, podemos inferir propiedades de los objetos de estudio al asociarles un espacio topológico.

Durante este curso, adquiriremos conocimientos fundamentales sobre pangenómica y TDA, y nos enfocaremos en la construcción de análisis utilizando el lenguaje de programación Python. No es necesario contar con conocimientos previos en biología o TDA, ya que nos centraremos en abordar el desafiante problema multidisciplinario de describir la evolución de los genomas bacterianos.



Redes tróficas: matrices de interacciones y modelos

Eugenio M. Azpeitia E. y N. Leticia Fabrica Jacinto

Centro de Ciencias Matemáticas, UNAM, Campus Morelia

eazpeitia@matmor.unam.mx , leticia.abrica@gmail.com

Resumen

Los organismos en la naturaleza se encuentran en constante interacción con el ambiente y con otros organismos. Una de las interacciones que mayor relevancia tienen para comprender la dinámica de una comunidad biológica son las interacciones tróficas. Las interacciones tróficas hacen referencia al consumo de una especie por parte de otra. Como resultado, en una interacción trófica entre dos individuos uno se beneficia, mientras que el otro se perjudica (+,-). Es posible describir estas interacciones a través de estructuras matemáticas llamadas multigrafos con los cuales podemos describir la dirección y el flujo de energía en una comunidad biológica. El objetivo de este curso es mostrar cómo construir diversos modelos conocidos en la literatura de ecología matemática que son capaces de reproducir redes tróficas con estructuras y composiciones realistas.



CONFERENCIAS INVITADAS



XXIV EOBM



XVIII ENBM





Modelación de la diaphorina con relación a la temperatura

Irasema Pedroza Meza
Universidad de Sonora

irameza96@hotmail.com

Resumen

El huanglongbing (HLB) es una de las enfermedades más devastadoras que ataca a los cultivos de frutos cítricos. El HLB, es provocado por una bacteria del género **Candidatus Liberibacter**, la cual solo puede sobrevivir dentro de algún huésped, entonces, necesita de los vectores como *diaphorina citri* y *trioza erytrae*. La diaphorina es la responsable de la transmisión del HLB. Por ello, la importancia de conocer las condiciones favorables para la presencia de diaphorina serán un factor en la detección y control del HLB. Con base a lo anterior, en esta plática se abordará cómo las diferentes temperaturas de una localidad durante un periodo de tiempo afectan a la dinámica poblacional de la diaphorina. Al fin de llevar esto a cabo, se propuso un modelo de ecuaciones diferenciales en el cual permita simular la dinámica poblacional de la diaphorina en relación con la temperatura de una localidad determinada. Además, se consideró el cambio de la dinámica de la diaphorina al momento de realizar fumigaciones en diferentes periodos de tiempo.



¿Por qué agroecología?

Ek del Val de Gortari

División de Investigación, Hospital Juárez de México

leoncruz82@yahoo.com.mx

Resumen

La agricultura ha sido uno de los inventos de humanidad que ha permitido el desarrollo de las sociedades como las conocemos hoy en día. La domesticación de los cultivos permitió el crecimiento poblacional y que se constituyeran los asentamientos humanos al generar excedentes. Los principios de esta agricultura implicaron una observación detallada, así como experimentación recurrente para poder seleccionar las variedades vegetales con características deseables, esta información se transmitió entre generaciones y dio lugar a diversas culturas agrícolas adaptadas a los diferentes ambientes y ecosistemas.

Durante el siglo XX sin embargo, se fomentó la revolución verde que implicó en todo el mundo la homogeneización de la agricultura a costa de las tradiciones locales, con el pretexto de aumentar los rendimientos de los cultivos. A partir de esta tendencia, la agroecología se constituye como una ciencia y movimiento que busca implementar los conocimientos de la ecología en sistemas agrícolas, lo cual implica no solo el rescate de las tradiciones locales, sino la utilización de conceptos ecológicos para resolver problemas puntuales y maximizar los rendimientos considerando la importancia de la biodiversidad local.

En esta charla platicaremos acerca de los principios agroecológicos y cómo estamos trabajando con ellos en diferentes sistemas agrícolas desde la universidad.



La integración de datos observacionales/experimentales a modelos biomatemáticos a través de la estadística bayesiana

Cruz Vargas de León

División de Investigación, Hospital Juárez de México

leoncruz82@yahoo.com.mx

Resumen

Tradicionalmente se han usado las ecuaciones diferenciales como modelos dinámicos para describir procesos biológicos desde el nivel molecular hasta el poblacional. Uno de los usos de los modelos es para estimar parámetros cuando dichos parámetros no se pueden medir directamente, siendo indispensable contar con la medida de alguna de las variables de estado del modelo, que podrían obtenerse de datos observacionales (v. gr. epidemiológicos) o de datos de diseños de experimentos. Lo anterior es conocido como la integración de datos a modelos matemáticos ad-hoc. En esta presentación, se mostrarán algunos ejemplos de integración de datos a modelos matemáticos para responder a las siguientes dos preguntas de investigación: ¿Cuál el efecto de la recaída en la enfermedad del Chikungunya? y ¿Cuál es la eficacia del efecto antiviral de IFN en un cultivo celular?



Modelos de nicho ecológico para la identificación de áreas de riesgo por infestación de garrapatas

Laura Jiménez Jiménez

Centro de Modelamiento Matemático, Universidad de Chile

ljimenez@cmm.uchile.cl

Resumen

Las garrapatas de la especie *Rhipicephalus (B.) microplus* son ectoparásitos hematófagos de animales domésticos y silvestres que pueden transmitir anaplasmosis o babesiosis (fiebre del ganado), dos enfermedades que tienen un impacto significativo en la salud de los huéspedes y generan cuantiosas pérdidas económicas en ganadería. Por lo tanto, identificar las regiones que están en riesgo de infestación es una tarea esencial para la prevención de pérdidas de ganado y el manejo de las especies silvestres hospedadas.

Presentaré un estudio donde identificamos áreas propensas a la infestación de garrapatas en el continente americano mediante modelos de nicho ecológico. Mostraré cómo usar estadística bayesiana para estimar el nicho fundamental de una especie cuando se puede suponer que éste tiene una forma elipsoidal.

Tal modelo combina dos tipos de datos: ocurrencias de la especie y límites de tolerancia obtenidos mediante experimentos fisiológicos, los cuales se incluyen en el modelo como información a priori. Por último, mostraré un método para incluir la densidad de hospederos en el modelo de nicho y cómo lo usamos para identificar áreas en riesgo de infestación.



Modelo matemático para el canibalismo en la población *Atractosteus tropicus*

María Fernanda Jiménez Alegría
Instituto Tecnológico Superior de Comalcalco

mfernanda_jimenez@hotmail.com

Resumen

La conducta caníbal en los peces es común y se considera una de las principales causas de mortalidad en la etapa larvaria. Esta conducta se define como un tipo especial de predación que consiste en matar a un coespecífico para consumirlo parcial o totalmente. La acuicultura en el sureste de México ha tenido un crecimiento constante en los últimos años y se han aprovechado las especies nativas para diversificación del mercado regional, esto ha generado la necesidad de estudiar el potencial acuícola de muchas especies endémicas. Una de las especies más estudiadas para su producción en cautiverio es el pejelagarto (*Atractosteus tropicus*), que en estados como Tabasco y Chiapas es muy consumida, teniendo incluso valor cultural. A pesar del desarrollo de su actividad y avances en la investigación sobre su biología, nutrición y fisiología, uno de las principales limitaciones de reproducción es el canibalismo presente en los estados larvarios y juveniles, tanto en el medio natural como en cautiverio. En esta conferencia mostraremos un modelo matemático que simule el comportamiento caníbal en la larva del *Atractosteus tropicus* con la finalidad de poder identificar parámetros que sean de utilidad para minimizar el canibalismo y tener mayor producción para el comercio.



Modelado de la matriz agroecológica

N. Leticia Abrica Jacinto

Centro de Ciencias Matemáticas, UNAM Campus Morelia

leticia.abrica@gmail.com

Resumen

Los sistemas agroecológicos son definidos como el conjunto de especies y procesos ecológicos asociados a un área de cultivo, son ecosistemas que han sido modificados por el ser humano con el objetivo de producir alimentos.

La matriz agroecológica es definida como el territorio, en el sistema agroecológico, con parches de vegetación natural y de cultivo interconectados. Una forma de caracterizar a la matriz agroecológica es por medio de su configuración y sus propiedades.

La configuración nos habla de la forma en la que están distribuidos los parches. Por ejemplo, pequeños parches de cultivo y de conservación mezclados, o amplias extensiones de cultivo separadas de zonas de conservación. Las propiedades de la matriz se refiere a la variedad o tipo de parches (e.g., monocultivos, policultivos y hábitat conservado), a la facilidad con la que especies pueden transitar por ella, entre otras cosas. Se sabe que tanto la configuración como las propiedades de la matriz afectan a los sistemas agroecológicos en cuestiones como la biodiversidad y la productividad asociados a ellos.

En esta charla exponemos la metodología para estudiar las posibles consecuencias que tienen la configuración y la propiedades de la matriz agroecológica en la abundancia y riqueza de las especies. Tal metodología se basa en un modelo matemático y computacional.



Análisis de un modelo para el Problema de Colapso de Colmenas con influencia de un pesticida

Erika Fabiola Rivero Esquivel
Facultad de ciencias, UNAM

erika.rivero@comunidad.unam.mx

Resumen

Las abejas son consideradas los polinizadores más importantes alrededor del globo, por lo que su preservación es un tema que cobra cada vez mayor importancia. Por desgracia, desde el 2006, apicultores de Europa y Norteamérica empezaron a registrar un decaimiento drástico en sus colmenas, y lo peor, sin una explicación definida. A este fenómeno se le llamó Problema de Colapso de Colmenas, o CCD por sus siglas en inglés, y se definió como la “pérdida misteriosa y masiva de las abejas de una colmena”.

Existen modelos matemáticos que intentan explicar el CCD dependiendo de factores externos, tales como como las plagas o la distribución de las flores alrededor de la colmena, sin embargo, la mayoría se centra en la población de “abejas adultas” ignorando que éstas pasan por otros tres estados: huevo, larva y pupa.

En esta plática se presenta un modelo para el CCD con cinco sub-poblaciones (Huevos, Larvas, Pupas, Abejas interiores y Abejas foráneas) que se ven afectadas por el uso de algún pesticida agrícola. Los resultados obtenidas giran alrededor de un valor R_0 que depende, entre otras cosas, de la cantidad de pesticida, y determina cuándo una colmena sobrevive o cuándo colapsa.



Sobre la dinámica del mosquito *Aedes aegypti* infectado con *Wolbachia*

Eduardo Iburguen Mondragón

Departamento de Matemáticas y Estadística, Universidad de Nariño, Colombia.

edbargun@udenar.edu.co

Resumen

Las estrategias tradicionales (larvicidas, insecticidas, eliminación de criaderos e introducción de predadores, repelentes, toldillos) utilizadas para controlar la propagación del *Aedes aegypti*, mosquito transmisor de enfermedades como el Dengue, Zika o Chicunguña cada vez son menos efectivas. Esto ha impulsado el uso de controles biológicos tales como la contaminación de mosquitos silvestres con la bacteria *Wolbachia*, esta bacteria tiene la capacidad de producir infertilidad en los mosquitos hembras, lo cual induce una reducción en la transmisibilidad de las enfermedades causadas por este mosquito. Este método, además de ser prometedor presenta múltiples ventajas con respecto a los métodos químicos tradicionales. Algunos métodos tradicionales de control (larvicidas) se enfocan en controlar la población de mosquitos en su fase acuática, otros (insecticidas) en su fase aérea. En la actualidad, el control con *Wolbachia* se enfoca en liberar mosquitos silvestres infectados con *Wolbachia* dentro de un entorno, para que estos interactúen con los demás mosquitos y de cierta forma se propague la infertilidad, lo cual generará una reacción en cadena que afectará la dinámica poblacional del *A. aegypti*. Con el propósito de analizar la relevancia de la fase acuática del mosquito en la dinámica de transmisión de estas enfermedades. Bajo el supuesto de que se ha implementado el control biológico con *Wolbachia* nosotros hemos formulado y analizado un modelo que incorpora la dinámica de las fases acuática y aérea del mosquito, además de la población de humanos dividida en cuatro compartimentos. Los resultados sugieren que la fase acuática es tan relevante como la fase aérea, y además que una estrategia que combine la contaminación del mosquito en ambas fases podría generar muy buenos resultados.



CONFERENCIAS POR SOLICITUD PRESENCIALES



XXIV EOBM



XVIII ENBM



Xalapa, Veracruz, 2023



Modelo matemático mínimo de transiciones fenotípicas dependiente de memoria en levaduras

Biol. Juan José Leal García
Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM

juanleal@ciencias.unam.mx

Resumen

Saccharomyces cerevisiae es capaz de reproducirse mediante dos mecanismos: mitosis (o reproducción asexual) y meiosis (o reproducción sexual). La decisión fenotípica entre una u otra depende, principalmente, de dos factores, intercelulares; por un lado, Cln2 promueve la mitosis en respuesta al crecimiento celular, por el otro, Far1 induce la meiosis en respuesta a alfa feromonas secretadas por células circundantes.

En este trabajo, buscamos modelar matemáticamente los mecanismos por los cuales *S. cerevisiae* decide entre un fenotipo u otro, en respuesta a diferentes historias de exposición a estos dos estímulos contradictorios.

Para ello, proponemos un modelo mínimo a nivel célula individual de las interacciones bioquímicas entre Far1 y Cln2; este modelo reproduce de manera robusta una propiedad dinámica llamada interruptor biestable con histéresis. Esta propiedad cualitativa corresponde a memoria “intra-generacional” pues se refiere a que el destino final de un individuo puede depender de las condiciones iniciales.

Por otro lado, se ha descrito que, aún cuando el estímulo no ha sido suficiente para adquirir un fenotipo sexual, la célula conserva moléculas de Far1, que hereda a sus descendientes, así éstos precisarán de un estímulo de menor intensidad para evocar un fenotipo sexual, a este tipo de memoria se le llama “inter-generacional”. En un segundo paso, buscamos expandir nuestro modelo mínimo de memoria intra-generacional, para que sea asimismo capaz de reproducir memoria inter-generacional.

Finalmente, al completar satisfactoriamente las tareas asignadas en este trabajo, obtendremos un modelo mínimo multiescala que será capaz de reproducir los dos tipos de memoria (inter-generacional e intra-generacional), así como la respuesta celular ante estímulos históricos variados



Dinámica de un Modelo Epidemiológico con Migración

Itzayana Yisely Madrigal Estrada,

Dr. Gamaliel Blé González(UJAT), Dr. Iván Loreto Hernández(CONAHCYT-UJAT)

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

itzayanamadrigal53@gmail.com

Resumen

Se presenta el análisis de la dinámica de un modelo *SIS* para la dispersión de una infección entre dos regiones considerando que hay migración entre la población susceptibles y restricciones para la población infectada. Se calcula el número reproductivo básico R_0 y se determinan condiciones para la existencia de un equilibrio endémico. Además, se comparan los resultados obtenidos cuando hay migración de infectados y cuando no la hay.



Bifurcaciones en un modelo matemático de describe la interacción entre saltamontes del té verde y ácaros

Ahida Ortiz Santos, Martha Álvarez Ramírez
Universidad Autónoma Metropolitana

ahidaosz@gmail.com

Resumen

En esta charla consideraremos un modelo matemático que describe la dinámica entre el saltamontes del té verde (empoasca onukii) y el ácaro (anystis baccarum) que se ha utilizado como agente para el control de plagas.

El modelo es descrito por un sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias que dependen de cinco parámetros. Particularmente, mostraremos algunas de las bifurcaciones que surgen al hacer variar los parámetros involucrados



DENGUEstim un modelo para describir la dinámica del Dengue en las diferentes Regiones Hidrológicas de la República

Tishbe Pilarh Herrera Ramírez
Instituto de Matemáticas UNAM Unidad Juriquilla
Nodo Multidisciplinario de Matemáticas Aplicadas

tishbe.herrera@im.unam.mx

Resumen

El Dengue es la enfermedad viral transmitida por mosquitos de mayor presencia en América y uno de los principales motivos de consulta médica en las unidades de salud. Para mejorar las medidas de control y prevención es necesario comprender la dinámica de la enfermedad, así como del reporte de los casos. Dado que existe un número de casos que no presenta síntomas y/o que no se reporta al sistema de salud, es de interés distinguir el número de casos reales y el número de casos reportados. El modelo que presentaremos en esta charla toma en cuenta esta idea, y considera además los tiempos de retraso tanto en el registro como en la confirmación de los casos positivos.

El modelo Denguestim es un modelo estocástico que permite estimar la cantidad de casos de las diferentes fases de la enfermedad DNG, DG y Defunciones. Debido a que el Dengue está relacionado con las poblaciones de mosquitos y a su vez con la dinámica ambiental de la región este modelo se estudia con casos reportados por el sistema de salud, pero sectorizado en regiones hidrológicas. Siendo clave el tomar esta segmentación por la similitud en las características ambientales de dichas regiones, situación que no siempre sucede a nivel de estados, que es cómo usualmente se presentan los datos.



Entendimiento y predicción de los mecanismos de interacción de un sistema dinámico microbiota-hospedero a través del modelaje matemático

Isaac Elías Vázquez Rivera

Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM

Isaacvazquez1997@gmail.com

Resumen

La microbiota presente en las mucosas del tejido epitelial intestinal de mamíferos representa un factor clave para el funcionamiento de los sistemas homeostáticos del hospedero. Tal impacto está dado por una intrincada red de comunicación mutua con los distintos componentes de la mucosa que habitan, por lo que entender los mecanismos bajo los cuales se dan estas interacciones, podría ser crucial para la implementación de técnicas de respuesta y prevención de enfermedades asociadas a la microbiota. Una parte fundamental de esta red de comunicación ocurre a nivel de sistema inmune adaptativo, particularmente con las inmunoglobulinas-A-secretoras (SIgAs), quienes son uno de los principales factores en la modificación y establecimiento de la microbiota en el organismo. Parte sustancial de la capacidad de reacción de estas inmunoglobulinas depende de la adición de patrones de glicosilación, una modificación postraduccional que afecta directamente en la actividad funcional de la proteína, influyendo en distintas propiedades de afinidad que según se ha observado, representa un elemento aprovechable por parte de la microbiota. Dado que la microbiota tiene la capacidad de influir en los comportamientos de expresión de las células inmunes del organismo, se ha propuesto que esta tiene la facultad de modificar el “paisaje de glicosilaciones” de las SIgAs en el moco, afectando así, el nicho ecológico que habitan y determinando el establecimiento de una comunidad homeostática o su perturbación, según sea el caso. No obstante, ésta es una de las áreas menos exploradas en esta compleja red de interacciones, por lo que, en este trabajo se propone la construcción de un modelo matemático basado en EDOs, capaz de integrar las interacciones subyacentes de la microbiota y sus mecanismos de remodelación del paisaje de glicosilaciones en el epitelio intestinal de ratones, alimentado y calibrado a partir de datos experimentales.



Diagramas de Voronoi una herramienta en análisis de conducta.

L.M. Brenda Zarahi Medina Pérez, Dra. Martha Lorena Avendaño Garrido,

Dr. Carlos Alberto Hernández Linares
Facultad de Matemáticas, UV

draben236@gmail.com

Resumen

El Análisis de Conducta en psicología es una ciencia que busca comprender el comportamiento de los individuos, para ello se estudia la conducta y su relación con las variables de influencia. Por otra parte, también se busca entender el impacto de los eventos que vienen inmediatamente después de algún cambio de las variables o de algún estímulo. Dentro del Análisis de la Dinámica Espacial del Comportamiento (ADEC), el problema es la visualización entre relaciones cuantitativas, variables espaciales y las variables relevantes, con el diagrama de Voronoi ponderado multiplicativamente, se muestra una alternativa para afrontar el problema mencionado.

Dado un conjunto finito de n puntos a los que llamaremos puntos generadores, los diagramas de Voronoi son una partición del espacio en n -regiones. La división del espacio estará dado por áreas, en donde cada área solo tendrá en su interior un punto generador y contendrá los puntos más cercanos a este. Si al conjunto mencionado se le asigna un peso o valor, entonces se habla de diagramas de Voronoi ponderados, particularmente abordaremos los diagramas de Voronoi ponderados multiplicativamente.

Los experimentos analizados consideran como sujetos de interés a ratas de la especie *Rattus Novergicus*, que fueron sometidos a 22 horas sin agua, solo teniendo acceso permanente a comida bajo diferentes condiciones como entrega de agua constante, entrega de agua variable, entrega de agua se da en el mismo dispensador y entrega de agua se da en diferentes dispensadores. Cada sujeto experimental realizó cincuenta sesiones con alguno de las combinaciones anteriores.

De los experimentos antes descritos, se obtuvieron diagramas de Voronoi ponderados, particionando del espacio experimental, permitiendo observar ciertos patrones de conducta en los individuos.



Simulación de señales electroencefalográficas a partir del modelo de Kuramoto para el estudio de ataques epilépticos

José Alfredo Zavaleta Viveros
 Universidad Veracruzana

pepe_z35@hotmail.com

Resumen

El modelo de Kuramoto fue desarrollado para describir el acoplamiento de osciladores, motivado por fenómenos naturales de sincronización. En el presente trabajo se usa dicho modelo para describir la aparición de crisis epilépticas en ratas, entendiendo dichas crisis como una sincronización de potenciales de acción de un conjunto de neuronas. Proponemos modificar el coeficiente de la fuerza de acoplamiento, K , del modelo de Kuramoto,

$$\dot{\theta}_i = \omega_i + \frac{K}{N} \sum_{j=1}^N \text{sen}(\theta_j - \theta_i),$$

por una función $K(t)$ con crecimiento logístico para simular el nivel de ataque provocado en una rata macho adulta provocado por la administración de litio-pilocarpina. Posteriormente considerando señales EEG, haciendo uso de un algoritmo de selección basado en la Transformada Rápida de Fourier, elegimos algunos representantes de frecuencia y amplitud los cuales usaremos para modelar la señal con el modelo de Kuramoto modificado.



Análisis de un modelo de COVID-19 con vacunación y dosis de refuerzo aplicado a la variante ómicron del SARS-CoV-2

Angel Cervantes Pérez
Universidad Autónoma de Yucatán

agcp26@hotmail.com

Resumen

En esta plática se presentará un modelo epidémico de la COVID-19 con ecuaciones diferenciales ordinarias que incluye a la población asintomática, las hospitalizaciones y la vacunación con dosis de refuerzo. Se analizará la estabilidad local y global del equilibrio libre de enfermedad y las condiciones para la existencia del equilibrio endémico. Además, se mostrarán las predicciones hechas con el modelo utilizando los datos de contagios de la variante ómicron reportados en Estados Unidos, las cuales toman en cuenta el efecto del uso de cubrebocas y la pérdida gradual de la inmunidad contra el SARS-CoV-2.



Análisis de bifurcación de un modelo de doble retardo para la viroterapia oncolítica

Reyes Manuel Peña Noh
Facultad de Matemáticas - UADY

reyes.mpn@gmail.com

Resumen

Existen modelos matemáticos con ecuaciones diferenciales ordinarias, con y sin retardo, para la viroterapia aplicada al cáncer, que representan la interacción entre las células cancerígenas sanas, infectadas y el virus oncolítico. En los modelos matemáticos, la teoría de bifurcación estudia el comportamiento de los sistemas dinámicos asociados y los cambios producidos por la variación de los parámetros involucrados. En esta charla se presenta un modelo matemático con ecuaciones diferenciales ordinarias utilizando dos parámetros de retardo para la viroterapia oncolítica. Se muestran resultados de un análisis analítico sobre diferentes tipos de bifurcación presentados y su comportamiento gráfico, con ambos retardos.



Estudio de estabilidad y bifurcación de Hopf en un sistema de reacción-difusión presa-predador

Wilmer Molina, Aida Patricia Gonzáles, Jhon Jairo Perez
Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

wilimoliny@unicauca.edu.co, apagoni@unicauc.edu.co, jjperez@unicauca.edu.co

Resumen

En los fenómenos de la vida real el tiempo y el espacio son variables inseparables y solo cuando se las considera, se pueden entender muchas situaciones ecológicas con mayor precisión, lo cual es una motivación para abordar problemas con difusión. En esta propuesta se hace un estudio de la estabilidad local bifurcación de Hopf y el coeficiente de estabilidad de Lyapunov para un sistema Reacción-Difusión con respuesta funcional tipo Holling II y efecto Allee aditivo sobre la presa determinado por el siguiente sistema de ecuaciones en derivadas parciales:

$$\begin{aligned} N_t &= d_1 N_{xx} + rN \left(1 - \frac{N}{K}\right) - \frac{mN}{N+b} - \frac{NP}{N+a} & x \in \Omega, t > 0, \\ P_t &= d_2 v_{xx} + sP \left(-\beta + \frac{N}{N+a}\right), & x \in \Omega, t > 0, \end{aligned} \quad (1)$$

con condiciones de Neumann

$$\begin{aligned} N_x(0, t) &= P_x(0, t) = 0 & t > 0, \\ N_x(\pi\ell, t) &= P_x(\pi\ell, t) = 0 & t > 0, \\ N(x, 0) &= N_0(x), & x \in \Omega, \\ P(x, 0) &= P_0(x), & x \in \Omega, \end{aligned}$$

donde $\Omega = (0, \ell\pi)$, $\ell \in \mathbb{R}^+$ es un dominio espacial abierto y acotado de \mathbb{R} con $\ell \in \mathbb{R}^+$; m es el parámetro de bifurcación; $N = N(x, t)$, $P = P(x, t)$ son las densidades de la presa y el predador respectivamente; $t > 0$ es el tiempo y $x \in \Omega$ es una posición espacial; $r > 0$ es la tasa intrínseca de crecimiento o potencial biótico de la presa N , $m, b > 0$ son las constantes del efecto Allee $k > 0$ es la capacidad de carga del medio respecto a la presa, β es la tasa de mortalidad del depredador y s es la concentración de comida. Las constantes no negativas d_1 y d_2 son los coeficientes difusión de $N(t)$ y $P(t)$ respectivamente. Si $m < br$, el efecto Allee es débil; mientras que si $m > br$, el efecto Allee es fuerte. El efecto Allee fuerte introduce un umbral de población y la población debe superar este umbral para crecer. Por el contrario, una población con una efecto Allee débil no tiene un umbral.

Si se considera el sistema general Reacción-Difusión general,

$$\begin{cases} u_t = d_1 u_{xx} + f(m, u, v) \\ v_t = d_2 v_{xx} + g(m, u, v), \end{cases} \quad (2)$$

su linealización en el punto de equilibrio $(0, 0)$ dada por,

$$U_t = L(\lambda) U \Leftrightarrow \begin{cases} u_t = d_1 u_{xx} + f(m, 0, 0) + \nabla f(m, 0, 0)(u, v) + R_1(u, v) \\ v_t = d_2 v_{xx} + g(m, 0, 0) + \nabla g(m, 0, 0)(u, v) + R_2(u, v) \end{cases}$$

donde,

$$L(m) = \begin{pmatrix} d_1 \frac{\partial^2}{\partial x^2} + A(m) & B(m) \\ C(m) & d_2 \frac{\partial^2}{\partial x^2} + D(m) \end{pmatrix},$$

con

$$A(m) = f_N(0, 0, m); B(m) = f_P(0, 0, m); C(m) = g_N(0, 0, m); D(m) = g_P(0, 0, m)$$

y el problema de valor de frontera

$$\begin{cases} -\varphi'' = \mu\varphi; & x \in (0, \ell\pi) \\ \varphi'(0) = \varphi'(\ell\pi) = 0, \end{cases} \quad (3)$$

con ecuación característica $\gamma^2 + \mu = 0$; $\gamma = \pm\sqrt{\mu i}$ y solución no trivial, $\varphi(x) = A \cos \frac{nx}{\ell}$, $\mu = \frac{n^2}{\ell^2}$, donde $\varphi(x) = A \cos \frac{nx}{\ell}$ es la auto-función propia del operador $-\frac{d^2}{dx^2}$ asociado al valor propio $\mu_n = \frac{n^2}{\ell^2}$. Entonces se tiene la siguiente proposición,

Proposición. Sea $\begin{pmatrix} \varphi \\ \psi \end{pmatrix} = \sum_{n=0}^{\infty} \left[\cos \frac{nx}{\ell} \begin{pmatrix} a_n \\ b_n \end{pmatrix} \right]$. Entonces

$$L(m) \begin{pmatrix} \varphi \\ \psi \end{pmatrix} = \beta(m) \begin{pmatrix} \varphi \\ \psi \end{pmatrix}$$

si, y sólo si, para cada $n \in \mathbb{N}_0$

$$L_n(m) \begin{pmatrix} a_n \\ b_n \end{pmatrix} = \beta(m) \begin{pmatrix} a_n \\ b_n \end{pmatrix}$$

donde

$$L_n(m) := \begin{pmatrix} A(m) - \frac{d_1 n^2}{\ell^2} & B(m) \\ C(m) & D(m) - \frac{d_2 n^2}{\ell^2} \end{pmatrix}$$

Los puntos de equilibrio de (1) son $E_0 = (0, 0)$, y $E_1 = \left(\frac{r(K-b) + \sqrt{r^2(K-b)^2 + 4Kr(br-m)}}{2r}, 0 \right)$, los cuales son puntos triviales (silla), y un punto de equilibrio no trivial $E^* = (N^*, P^*)$, con,

$$N^* = \frac{a\beta}{1-\beta}, \quad P^* = \frac{ar(K - K\beta - a\beta)}{K(1-\beta)^2} - \frac{am}{b(1-\beta) + a\beta}.$$



Para el caso de efecto Allee débil ($m < br$), se tiene que si

$$\text{máx} \left\{ b, \frac{a\beta}{1-\beta} \right\} < K < b + \frac{a\beta}{1-\beta}$$

y

$$m < br + \frac{a\beta r[(K-b)(1-\beta) - a\beta]}{K(1-\beta)^2},$$

se garantiza la supervivencia del predador ($P^* > 0$).

Para analizar la ocurrencia de la bifurcación de Hopf alrededor del punto $E^* = (N^*, P^*)$ se hace un cambio de variable

$$N - N^* \mapsto N, P - P^* \mapsto P$$

de tal forma que el sistema (I) toma la forma:

$$N_t - d_1 N_{xx} = r(N + N^*) \left(1 - \frac{N + N^*}{k} \right) - \frac{m(N + N^*)}{N + N^* + b} - \frac{(N + N^*)(P + P^*)}{N + N^* + a}$$

$$P_t - d_2 P_{xx} = s(P + P^*) \left(-\beta + \frac{N + N^*}{N + N^* + a} \right),$$

(4)

con condiciones de Neumann

$$N_x(0, t) = P_x(0, t) = 0, \quad N_x(\pi\ell, t) = P_x(\pi\ell, t) = 0; \quad t > 0,$$

$$N(x, 0) = N_0(x) - N^*, \quad P(x, 0) = P_0(x) - P^*; \quad x \in \Omega.$$

Se define además el espacio de soluciones admisibles

$$X := \left\{ (u, v) \in H^2(0, \pi\ell) \times H^2(0, \pi\ell) : (u_x, v_x)_{x=0, \pi\ell} = \mathbf{0} \right\}.$$

Dado que m es el parámetro de bifurcación, entonces

$$L_n(m) := \begin{pmatrix} A(m) - \frac{d_1 n^2}{\ell^2} & B(m) \\ C(m) & D(m) - \frac{d_2 n^2}{\ell^2} \end{pmatrix}$$

con

$$A(m) = \frac{mN^*}{(N^* + b)^2} + \frac{P^*N^*}{(N^* + a)^2} - \frac{rN^*}{K}; \quad B(m) = -\frac{N^*}{N^* + a}; \quad C(m) = \frac{asP^*}{(N^* + a)^2}; \quad D(m) = 0.$$

y ecuación característica; $\lambda^2 - T_n(m)\lambda + D_n(m) = 0$; $n \in \mathbb{N}_0$, cuya solución viene dada por

$$\lambda = \frac{T_n(m)}{2} \pm \frac{\sqrt{T_n^2(m) - 4D_n(m)}}{2} = \alpha_n(m) \pm i\omega_n(m),$$

donde,



$$T_n(m) = \left(\frac{(a-b)\beta(1-\beta)^2}{(a\beta + b - b\beta)^2} \right) m + \frac{r\beta}{K(1-\beta)} [K(1-\beta) - a(\beta+1)] - (d_1 + d_2) \frac{n^2}{\ell^2}$$

y

$$D_n(m) = \frac{\left(\frac{a^2 s \beta}{1-\beta}\right) \left(\frac{ar(K-K\beta-a\beta)}{K(1-\beta)^2} - \frac{am}{b(1-\beta)+a\beta}\right)}{\left(\left(\frac{a\beta}{1-\beta}\right)+a\right)^3} - \left(\frac{m}{\left(\frac{a\beta}{1-\beta}+b\right)^2} + \frac{\left(\frac{ar(K-K\beta-a\beta)}{K(1-\beta)^2} - \frac{am}{b(1-\beta)+a\beta}\right)}{\left(\frac{a\beta}{1-\beta}+a\right)^2} - \frac{r}{K} \right) \frac{\left(\frac{a\beta d_2 n^2}{1-\beta}\right)}{\ell^2} + \frac{d_1 d_2 n^4}{\ell^4}.$$

Caso $a < b$.

$$T_n(m) = 0 \Leftrightarrow m = \underbrace{\frac{(\alpha\beta + b - b\beta)^2 (d_1 + d_2) n^2}{\beta (a-b) (1-\beta)^2 \ell^2}}_{\text{negativo}} + m_0,$$

donde

$$m_0 = -\frac{r\beta(\alpha\beta + b - b\beta)^2 (K - K\beta - a - a\beta)}{K\beta(a-b)(1-\beta)^3} > 0.$$

Si hacemos

$$m_k = \frac{(\alpha\beta + b - b\beta)^2 (d_1 + d_2) k^2}{\beta (a-b) (1-\beta)^2 \ell^2} + m_0,$$

entonces

$$\dots m_n < \dots < m_1 < m_0 < m_{\text{máx}}.$$

y podemos encontrar un $n \in \mathbb{N}$ y valores de ℓ_k para los cuales $m_k > 0$, $k = 0, 1, 2, \dots, n$, estos son los valores de bifurcación del modelo, m_0 es llamado el valor de bifurcación espacialmente homogéneo.

$$\ell_k = k \sqrt{\frac{(\alpha\beta + b - b\beta)^2 (d_1 + d_2)}{\beta (b-a) (1-\beta)^2 (m_{\text{máx}} - m_0)}},$$

y

$$\ell_1 < \ell_2 < \ell_3 < \dots < \ell_n < \ell.$$

Por otro lado, si consideramos $M^* < 4 \frac{d_1}{d_2} s (b-a) (1-\beta)^2$, donde

$$M^* = \frac{(m_{\text{máx}} - m_0) \beta (b-a) (1-\beta)^2}{(a\beta + b - b\beta)^2},$$

obtenemos $D_n(m) > 0$.

Caso $a > b$. Se obtienen los mismos resultados.



Con los resultados obtenidos y teniendo en cuenta la transversabilidad:

$$\alpha'_k(m_k) = \frac{\beta(a-b)(1-\beta)^2}{(2b\beta - a\beta - b)^2} \neq 0, \quad a \neq b, \quad k = 0, 1, \dots, n,$$

Se concluye que nuestro modelo admite bifurcación de Hopf.

Es claro que el sistema (3) puede escribirse en la forma:

$$\frac{dU}{dt} = L(\hat{m})U + F_0(\hat{m}, U)$$

donde

$$F_0(\hat{m}, U) = \begin{pmatrix} f(\hat{m}, N, P) - A(\hat{m})N - B(\hat{m})P \\ g(\hat{m}, N, P) - C(\hat{m})N - D(\hat{m})P \end{pmatrix}; \quad U = \begin{pmatrix} N \\ P \end{pmatrix}.$$

Con $\hat{m} = m_k$.

El operador adjunto de $L(\hat{m})$ es:

$$L^*(\hat{m}) := \begin{pmatrix} d_1 \frac{\partial^2}{\partial x^2} + A(\hat{m}) & C(\hat{m}) \\ B(\hat{m}) & d_2 \frac{\partial^2}{\partial x^2} + D(\hat{m}) \end{pmatrix}$$

esto es, $\langle U, L(\hat{m})V \rangle = \langle L^*(\hat{m})U, V \rangle; \forall U, V$ en X , donde

$$\langle U, V \rangle = \int_0^{\ell\pi} (\bar{u}_1 v_1 + \bar{u}_2 v_2) dx.$$

Si se tiene en cuenta:

1. $q = \cos \frac{kx}{\ell} \begin{pmatrix} a_k \\ b_k \end{pmatrix}$ es auto-función de $L(\hat{m})$ asociada a $i\omega_k$, $q^* = \cos \frac{kx}{\ell} \begin{pmatrix} a_k^* \\ b_k^* \end{pmatrix}$ es auto-función de $L^*(\hat{m})$ asociada a $-i\omega_k$.
2. $\langle q^*, q \rangle = 1$ y $\langle q^*, \bar{q} \rangle = 0$, con $a_k, a_k^*, b_k, b_k^* \in \mathbb{C}$.
3. $X = X^c \oplus X^s$, es la descomposición de X donde

$$X^c := \{zq + \bar{z}\bar{q} : z \in \mathbb{C}\}; \quad X^s := \{r \in X : \langle q^*, r \rangle = 0\},$$

$$U = zq + \bar{z}\bar{q} + r, \quad \langle q^*, U \rangle = z, \quad r = U - \langle q^*, U \rangle q - \langle \bar{q}^*, U \rangle \bar{q}.$$

Entonces el sistema (4) se transforma en

$$\begin{cases} \frac{dz}{dt} = i\omega_k z + \langle q^*, F_0(U) \rangle \\ \frac{dr}{dt} = L(\hat{m})r + H(z, \bar{z}, r). \end{cases} \quad (5)$$



donde

$$H(z, \bar{z}, r) = F_0(U) - \langle q^*, F_0(U) \rangle q - \langle \bar{q}^*, F_0(U) \rangle \bar{q}$$

y

$$F_0(U) = F_0(zq + \bar{z}\bar{q} + r).$$

Desarrollando todas las expresiones del sistema en series y Taylor y considerando forma multisimétrica de F con respecto a q y q^* se tiene:

$$\begin{aligned} \mathbf{B}_{qq} &= \mathbf{B}(q, q) = \cos^2\left(\frac{kx}{\ell}\right) \begin{pmatrix} c_k \\ d_k \end{pmatrix} \\ \mathbf{B}_{q\bar{q}} &= \mathbf{B}(q, \bar{q}) = \cos^2\left(\frac{kx}{\ell}\right) \begin{pmatrix} e_k \\ f_k \end{pmatrix} \\ \mathbf{C}_{qq\bar{q}} &= \mathbf{C}(q, q, \bar{q}) = \cos^3\left(\frac{nx}{\ell}\right) \begin{pmatrix} g_k \\ h_k \end{pmatrix} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} H_{20} &= \mathbf{B}_{qq} - \langle q^*, \mathbf{B}_{qq} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{qq} \rangle \bar{q}, \\ H_{11} &= \mathbf{B}_{q\bar{q}} - \langle q^*, \mathbf{B}_{q\bar{q}} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{q\bar{q}} \rangle \bar{q}, \\ H_{02} &= \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} - \langle q^*, \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} \rangle \bar{q}, \end{aligned}$$

El sistema (5) posee una variedad central en $\mathbf{0}$:

$$W^c(\mathbf{0}) = \{(z, \bar{z}, r) : r = V(z, \bar{z})\},$$

y teniendo en cuenta la segunda en ecuación (5),

$$\begin{cases} (L(m_0) - 2i\omega_0 I) r_{20} = \mathbf{B}_{qq} - \langle q^*, \mathbf{B}_{qq} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{qq} \rangle \bar{q}. \\ L(m_0) r_{11} = \mathbf{B}_{q\bar{q}} - \langle q^*, \mathbf{B}_{q\bar{q}} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{q\bar{q}} \rangle \bar{q} \\ (L(m_0) + 2i\omega_0 I) r_{02} = \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} - \langle q^*, \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} \rangle q - \langle \bar{q}^*, \mathbf{B}_{\bar{q}\bar{q}} \rangle \bar{q} \end{cases}$$

Del desarrollo de Taylor de la primera ecuación de (5) se calcula el coeficiente que acompaña el término cubico de $z^2\bar{z}$, llamado coeficiente de Liapunov.

$$Re(c_1(m_0)) = - \left(\frac{m_0 b (2N^{*2} - (b-4a)N^* + ab)}{2(N^*+b)^4 N^* (N^*+a)} + \frac{aP^*(2N^*+a)}{2(N^*+a)^4 N^*} + \frac{r(N^*-a)}{2kN^*(N^*+a)} \right). \quad (6)$$

$$\begin{aligned} Re(c_1(m_j)) &= Re \langle p, B_{r_{11}q} \rangle + \frac{1}{2} Re \langle p, B_{r_{11}\bar{q}} \rangle + Re \langle p, C_{qq\bar{q}} \rangle \\ &= \frac{1}{4} \left[f_{NN}(\bar{\xi} + 2\bar{\tau}) + f_{NP}(\bar{\eta} + 2\bar{\chi}) - \frac{d_2 j^2}{\ell^2 B(m_j)} f_{NP}(\bar{\xi} + 2\bar{\tau}) - g_{NP}(\bar{\xi} + 2\bar{\tau}) \right] \\ &\quad + \frac{1}{8} \left[f_{NN}(\xi_R + 2\tau_R) + f_{NP}(\eta_R + 2\chi_R) - g_{NP}(\xi_R + 2\tau_R) + \frac{\omega_0}{B(m_j)} f_{NP}(\xi_R + 2\tau_R) \right] \\ &\quad + \frac{d_2 j^2}{8\omega_0 \ell^2} \left[f_{NN}(\xi_I + 2\tau_I) + f_{NP}(\eta_I + 2\chi_I) - \frac{\omega_0}{B(m_j)} f_{NP}(\xi_R + 2\tau_R) \right] \\ &\quad + \frac{B(m_j)}{8\omega_0} \left[g_{NN}(\xi_I + 2\tau_I) + g_{NP}(\eta_I + 2\chi_I) + \frac{3}{32} \left(f_{NNN} - \frac{d_2 j^2}{B(m_j) \ell^2} f_{NNP} + g_{NNP} \right) \right]. \end{aligned}$$

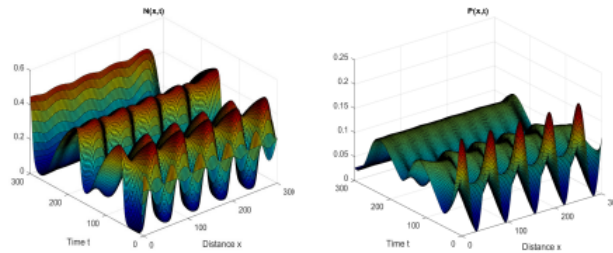


Figura 1: Bifurcación subcrítica al rededor del punto de equilibrio $(0,238, 0,1)$. Simulación hecha con MATCONT e ilustra los resultados obtenidos en este documento, escogiendo los valores de los parámetros: $a = 0,2$, $b = 0,23$, $\beta = 0,52$, $k = 0,7$, $r = 0,9$, $s = 0,1$, $m = 0,17$.

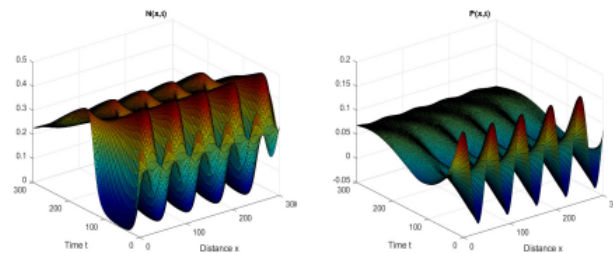


Figura 2: Bifurcación supercrítica al rededor del punto de equilibrio $(0,3, 0,4)$. Simulación hecha con MATCONT e ilustra los resultados obtenidos en este documento, escogiendo los valores de los parámetros: $a = 0,8$, $b = 0,45$, $\beta = 0,25$, $k = 1$, $r = 1$, $s = 0,1$, $m = 0,48$.



Análisis de un modelo matemático de la progresión de la tuberculosis para el desarrollo de nuevos tratamientos

Ibrahim García Zárate, Eliezer Flores Garza
Facultad de Ciencias UNAM

Ibgaza@ciencias.unam.mx

Resumen

La tuberculosis es una enfermedad causada por bacterias del complejo *Mycobacterium tuberculosis* que afecta principalmente a las vías respiratorias. Se encuentra dentro de las 10 mayores causas de muerte a nivel mundial. *M. tuberculosis* es una de las bacterias que mayores cepas multirresistentes a antibióticos ha generado en los últimos años, esto sumado al entendimiento incompleto de los mecanismos detrás de su proceso infeccioso ha resultado en tratamientos ineficientes y de acceso limitado. La biología de sistemas es una disciplina que estudia los fenómenos biológicos de forma holística y ha demostrado su capacidad de analizar los mecanismos que subyacen la progresión de enfermedades infecciosas de formas que la tecnología experimental actual no es capaz. Utilizando herramientas matemáticas, estudiamos exhaustivamente los mecanismos responsables de la progresión de la TB y caracterizamos su rol en el desenlace de la infección. Se analizó un modelo matemático que describe los mecanismos de interacción entre el principal efector de la respuesta inmune, los macrófagos, y el patógeno *M. tuberculosis*, el cual muestra que solo existen dos desenlaces posibles del proceso infeccioso: erradicación de la bacteria por los macrófagos o crecimiento descontrolado de las bacterias y muerte de los macrófagos. Los análisis realizados, de sensibilidad paramétrica y de bifurcaciones, determinaron cuantitativamente el control de los mecanismos del modelo sobre el comportamiento transitorio y estacionario de las variables del modelo. Con nuestros resultados *in silico*, proponemos que la manipulación de la fagocitosis y el reclutamiento de macrófagos son procesos clave que afectan el comportamiento dinámico del sistema; valores altos pueden dar lugar a erradicación de la bacteria. Sin embargo, aumentar el reclutamiento de macrófagos induciría a inflamación crónica, siendo un riesgo para los pacientes. Mientras que, para la muerte natural de macrófagos, la muerte de macrófagos fagocíticos por bacteria libre y el promedio de tuberculosis fagocitada, se deben mantener valores bajos para evitar el crecimiento descontrolado de las bacterias. Los resultados obtenidos permitirán proponer experimentos donde se manipulen clínicamente dichos parámetros para mantenerlos en valores favorables hacia un fenotipo sano. Lo que podría desembocar en el desarrollo de nuevos y mejores tratamientos para contribuir a los esfuerzos por resolver la crisis actual de cepas de *M. tuberculosis* multirresistentes a antibióticos.



Tamaño final de la epidemia para enfermedades infecciosas transmitidas por vectores en redes metapoblacionales

Dr. Uvencio José Giménez Mujica

Centro de Investigación en Matemáticas A.C. CIMAT

uvencioj@gmail.com

Resumen

Este trabajo presentamos una metodología para estimar el tamaño final de una epidemia causada por una enfermedad infecciosa transmitida por vectores, la cual puede generalizarse a modelos metapoblacionales y, por lo tanto, aplicarse a regiones geográficas extendidas. Se presenta la metodología para una enfermedad transmitida por vectores, y luego se muestra el caso de dos regiones geográficas distintas conectadas por la movilidad humana. Se realizaron simulaciones numéricas para comparar la precisión de la aproximación analítica con el resultado de resolver el sistema numéricamente. Se observó que la metodología propuesta proporciona una buena estimación para los dos casos analizados. Esto nos permite tener una medida explícita clásica en la epidemiología matemática que fue escasa para este tipo de modelos que permite estimar el impacto que tiene la enfermedad sobre las poblaciones afectadas, dando así una herramienta que puede ser utilizada para generar estrategias de control guiadas a minimizar las consecuencias de estos brotes infecciosos.



Control de Horizonte Errante en Epidemiología

Jorge Velázquez Castro

Facultad de Ciencias Físico Matemáticas - BUAP

jorge.velazquezcastro@correo.buap.mx

Resumen

En la pandemia COVID-19 se implementaron controles epidemiológicos basados en el distanciamiento social y la reducción de actividades sociales y productivas. Hubo poca estrategia con respecto al escalonamiento y magnitud de dichas medidas, resultando en la práctica en un intento del mayor aislamiento posible mientras las medias estaban activas. Esto trajo un gran costo social y económico con resultados no óptimos. Actualmente es necesario diseñar protocolos de control y distribución de recursos que optimicen el resultado. La teoría de control óptimo es ideal para optimizar recursos basándonos en un modelo que describa completamente la dinámica del sistema. Sin embargo, en epidemiología no es posible conocer todos los factores que darán origen a la propagación de cierta enfermedad. Es por eso, que un control aplicable en la realidad requiere de retroalimentación por medio de mediciones periódicas. El Control de Horizonte Errante emplea las técnicas de control óptimo y correcciones por retroalimentación. En esta trabajo se muestra como el este control por retroalimentación es una alternativa real para guiar de forma práctica las estrategias de control epidemiológico empleando los recursos disponibles para minimizar el número de Infecciones y Muertes. En particular esta técnica se aplica al COVID-19 y se compara el resultado obtenido con la estrategia histórica que se aplicó.



Una bifurcación local no suave en un modelo SI tipo Filippov

Luis Eduardo López-Montenegro* y Ana María Pulecio-Montoya
 Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

* eduardo.lopez@ucaldas.edu.co

Resumen

En este trabajo se presenta el planteamiento y análisis de un modelo matemático SI (Susceptible - Infectado) basado en un sistema dinámico no suave tipo Filippov. Al modelo matemático se le hallan las soluciones de equilibrio (pseudo-equilibrios) dentro del conjunto de interés biológico y, haciendo variar el número reproductivo básico R_0 , se muestra una bifurcación local no suave de codimensión 1 cuando $R_0 > 1$.

El modelo matemático se plantea en base al modelo SI normalizado:

$$\begin{cases} \dot{S} = \mu(1 - S) - \beta SI \\ \dot{I} = \beta SI - (\theta + \mu)I \end{cases} \quad (7)$$

donde μ representa la tasa de crecimiento y muerte, β la tasa de contagio y θ la tasa de recuperación.

Para el planteamiento del sistema no suave se asume que si la proporción de personas infectadas I supera un umbral $\zeta \in (0, 1)$, se aplica una estrategia de control para la enfermedad. Esto hace que I disminuya en un $u \times 100\%$. Así, el sistema no suave queda formulado el modelo:

$$\dot{\mathbf{X}} = \begin{cases} f^{(1)}(\mathbf{X}), & \mathbf{X} \in \mathbf{S}_1 \\ f^{(2)}(\mathbf{X}), & \mathbf{X} \in \mathbf{S}_2 \end{cases} \quad (8)$$

donde,

$$\begin{aligned} S_1 &= \{\mathbf{X} \in \mathbb{R}^2 : I < \zeta\} \\ S_2 &= \{\mathbf{X} \in \mathbb{R}^2 : I > \zeta\} \end{aligned}$$

con $\mathbf{X} = \begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}$.

Al sistema (10) se le hallan los pseudo-equilibrios definidos sobre la región

$$\Sigma = \{b f X \in \mathbb{R}^2 : I = \zeta\},$$

se calcula el R_0 y al variar este parámetro, se halla una bifurcación local no suave de codimensión 1.

Al final se muestran resultados numéricos de las soluciones del sistema (10) donde se comprueba la existencia de dicha bifurcación.



CONFERENCIAS POR SOLICITUD PREGRABADAS



XXIV EOBM



XVIII ENBM



Xalapa, Veracruz, 2023



Modelación multiagentes en ecología y epidemiología

Augusto Cabrera Becerril
Facultad de Ciencias UNAM

acb@ciencias.unam.mx

Resumen

En este trabajo se presentarán modelos multiagente para interacciones biológicas entre distintas especies. Se presentará un modelo para la interacción herbívoro-polinizador-planta, un modelo para el fenómeno de predataxis y un modelo en epidemiología. Se hablará brevemente de la metodología de la modelación basada en agentes y de las matemáticas detrás de estos modelos.



Condiciones para una invasión exitosa de un depredador exótico en un sistema depredador-presa nativo

Viviana Rivera

Universidad Católica del Maule

viviana.rivera@alu.ucm.cl

Resumen

Las invasiones biológicas amenazan la biodiversidad ya que son consideradas una de las principales causas de extinción de especies [1, 2]. Determinar las condiciones bajo las cuales una especie exótica introducida logra el éxito de la invasión proporcionará una comprensión más amplia de las invasiones biológicas y, por lo tanto, generará proyecciones teóricas que respaldarán investigaciones futuras [3]. En esta investigación por medio de un modelo matemático se describe la llegada de un depredador generalista exótico a un sistema depredador-presa en equilibrio, abarcando cuatro escenarios posibles: *I* la población exótica es incapaz de prosperar, *II* la población exótica crece, lo que resulta en la disminución y posible extinción del depredador nativo, *III* la población exótica crece y la presa nativa disminuye hasta la extinción. En consecuencia, el depredador nativo también se extingue y *IV* la población exótica crece, lo que lleva al sistema a establecer un nuevo equilibrio con las tres especies. Se obtendrán hallazgos analíticos generales para cada uno de estos escenarios. A su vez, será posible analizar el efecto de la depredación y la competencia en el éxito de la invasión biológica en un sistema depredador-presa nativo. El modelo estará representado por un sistema de ecuaciones diferenciales con tres variables de estado y varios parámetros ecológicos. El modelo será analizado con teorías matemáticas subyacentes y herramientas computacionales [4, 5, 6] para luego dar interpretaciones a los resultados obtenidos. Esta investigación proporcionará evidencia científica que contribuirá al conocimiento de las invasiones biológicas, lo que servirá de base para futuras medidas de control y manejo de especies introducidas.

Referencias

- [1] CLAVERO, MIGUEL AND GARCÍA-BERTHOU, EMILI, Invasive species are a leading cause of animal extinctions, *Trends in ecology & evolution* 2005, vol. **20**, no 3, p. 110.
- [2] LOCKWOOD, JULIE L.; HOOPES, MARTHA F.; MARCHETTI, MICHAEL P. *Invasion ecology*. John Wiley & Sons, 2013.



- [3] PYSEK, PETR, ET AL. Scientists' warning on invasive alien species. *Biological Reviews*, 2020, vol. **95**, no 6, p. 1511-1534.
- [4] KUZNETSOV, YURI A.; KUZNETSOV, IU A.; KUZNETSOV, Y. Elements of applied bifurcation theory. New York: Springer, 1998.
- [5] DOEDEL, EUSEBIUS J. Lecture notes on numerical analysis of nonlinear equations. Numerical Continuation Methods for Dynamical Systems: Path following and boundary value problems, 2007, p. 1-49.
- [6] GUCKENHEIMER, JOHN; HOLMES, PHILIP. Nonlinear oscillations, dynamical systems, and bifurcations of vector fields. Springer Science & Business Media, 2013.



Adult and Children in the Dynamic of the HIV/AIDS Spread.

Juan Felipe Pacazuca¹ and Cristian Camilo Espitia Morillo²
Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

¹ juan.pacazuca@unillanos.edu.co, ² cristian.espitia@unillanos.edu.co

Resumen

We propose the research that will be part of the degree work that will be presented as a conclusion work to obtain the degree in bachelor in mathematics of Juan Pacazuca, with the objective of obtaining suggestions, comments and constructive criticism that will lead to a better realization of this work. This research focuses on modeling the dynamics of infection by the Human Immunodeficiency Virus and subsequent Acquired Immunodeficiency Syndrome considering children who become adults and participate in sexual infection and needle sharing in injecting drug users under treatment with antiretroviral drugs. Principal references in the construction of this mathematical model were [1, 2].

Referencias

- [1] Espitia C., Mathematical Model of HIV/AIDS Considering Sexual Preferences Under Anti-retroviral Therapy, a Case Study in San Juan de Pasto, Colombia, Journal of Computational Biology (5), 29, 2022, pags: 483 - 493, doi:10.1089/cmb.2021.0323.
- [2] Espitia C. and Meyer J., HIV/AIDS Mathematical Model of Triangle Transmission, Viruses, 14(2022), 2749, doi:10.3390/v14122749.



Modelización matemática para la estimación de la Conductancia Estomática

Nicole Martínez-Jeraldo, Alejandro Rojas-Palma, Marcos Carrasco-Benavides
Universidad Católica del Maule

nicole.m.j05@gmail.com

Resumen

La conductancia estomática es una de las funciones de la planta que le permite regular el intercambio gaseoso (vapor de agua y dióxido de carbono) desde las hojas a su entorno, en el proceso de fotosíntesis y transpiración. Este es un mecanismo relacionado directamente con la capacidad de la planta a adaptarse a los cambios de su entorno, como los provocados por el cambio climático global. El estudio de cómo la conductancia estomática reacciona a diferentes factores ambientales y su modelización es de gran importancia, ya que es de utilidad para caracterizar el estado hídrico de las plantas, para elaborar estrategias de adaptación al cambio climático global. Los valores de la conductancia estomática presentan una alta variabilidad intra-planta producto de diversos factores, lo que obliga a realizar muestreos intensos para obtener un valor representativo de la planta. Mediante la modelización matemática, se propone una alternativa para su estimación. En el presente trabajo se desarrollará un modelo matemático para la estimación de la conductancia estomática incorporando las variables ambientales humedad relativa y temperatura ambiental. Se espera evaluar las interacciones entre estas variables, y cómo estas influyen en una mejor estimación de la conductancia estomática.

Referencias

- [1] DAMOUR, G., SIMONNEAU, T., COCHARD, H., & URBAN, L. (2010). *An overview of models of stomatal conductance at the leaf level*. Plant, cell & environment, 33(9), 1419-1438.
- [2] JARVIS, P. G. (1976). *The interpretation of the variations in leaf water potential and stomatal conductance found in canopies in the field*. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences, 273(927), 593-610.



- [3] MOUALEU-NGANGUE, D. P., CHEN, T.-W., & STUTZEL, H. (2016). *A Modeling Approach to Quantify the Effects of Stomatal Behavior and Mesophyll Conductance on Leaf Water Use Efficiency*. *Frontiers in Plant Science*, 7, 875. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00875>
- [4] VIALET-CHABRAND, S., DREYER, E., & BREDEL, O. (2013). *Performance of a new dynamic model for predicting diurnal time courses of stomatal conductance at the leaf level*. *Plant, Cell & Environment*, 36(8), 1529-1546. <https://doi.org/10.1111/pce.12086>



Modelización del número de infecciones del Covid-19 en el estado de San Luis Potosí empleando un modelo logístico generalizado y funciones de verosimilitud asimétricas

Irvin Omar Herrera Guzmán, Dra. Brenda Tapia Santos (UV),

Dr. Javier Flavio Viguera Gómez (UASLP)
Universidad Autónoma de San Luis Potosí (UASLP)

A275046@alumnos.uaslp.mx

Resumen

Sin duda alguna, la pandemia de Covid-19 trajo consigo múltiples consecuencias negativas en las personas, pero también abrió los ojos de las sociedades a la relevancia de la modelización matemática de situaciones que, muchos pensaban, antes sólo concernían a los trabajadores del sector salud.

En el presente trabajo, nos enfocamos en representar, por medio de un modelo generalizado de la función logística, la denominada “3° ola” del Covid-19 en SLP la cual tuvo lugar del 14 de Julio al 31 de Octubre del 2021. El principal reto de nuestra tarea era que el ruido asociado a las observaciones del número diario de infectados no sigue una distribución probabilística típica; por la forma de adquisición de la información, se presentan asimetrías implícitas e incertidumbres no gaussianas. Es por ello que, los parámetros del modelo se estiman considerando pseudométricas que no necesariamente son simétricas al trabajar con el problema de máxima verosimilitud.

Al analizar dicha ola nos dimos cuenta que era factible que las observaciones pertenecieran a dos modelos logísticos generalizados distintos, con lo cual ganábamos en ajuste pero también el modelo era mucho más complejo.

Analizaremos el caso de que nuestras propuestas de soluciones paramétricas pudiesen ser difícilmente distinguible entre dos modelos de diferente complejidad, específicamente entre funciones de Gompertz y logísticas generalizadas, lo que nos dará pie a aplicar técnicas de selección de modelos para tratar de dar respuesta a esta comparativa.



Un enfoque integrado de estimación de parámetros en Modelos Integrales de Proyección Poblacional

Paulina R. Martín y Edgar J. González
Facultad de Ciencias, UNAM

paulinamartin96@ciencias.unam.mx

Resumen

Dentro de la Ecología de Poblaciones, los modelos integrales de proyección (IPM) describen la dinámica de una población al integrar las tasas vitales (supervivencia, crecimiento y fecundidad) y relacionarlas con los atributos poblacionales (tamaños y estructuras poblacionales). Esta relación se establece mediante un proceso iterativo que genera series de tiempo de atributos poblacionales. Para ello, los IPM utilizan como insumo datos de seguimiento de los individuos de la población para estimar los parámetros asociados a las tasas vitales. Estos datos pueden provenir de diferentes niveles de organización biológica, dando lugar a distintos enfoques de estimación de parámetros. El enfoque directo usa información a nivel individual (tasas vitales) para el ajuste de modelos estadísticos de regresión a cada tasa vital. Por otra parte, el enfoque inverso permite inferir, a partir de información a nivel poblacional (series de tiempo de tamaños y estructuras poblacionales), algunas o todas las tasas vitales. Sin embargo, al utilizar estos enfoques, se tiene una falta de coherencia entre las tasas vitales y atributos poblacionales proyectados y los observados. Por tal motivo, este trabajo planteó, desarrolló, validó e implementó un enfoque de estimación integrada que use información a nivel individual y poblacional para describir y predecir de mejor manera los patrones biológicos en ambos niveles de organización. En particular, debido a que no es posible que las predicciones a nivel individual y poblacional se ajusten perfectamente a la información de los dos niveles, un enfoque integrado busca un balance entre ambos ajustes. La validación del enfoque de estimación se realizó a partir de una simulación *in silico* en la que se generaron datos de la dinámica de una población artificial, mientras que la implementación se hizo con datos de la oveja de Soay (*Ovis aries*). De los datos simulados se encontró que, en un contexto óptimo en cuanto a calidad y cantidad de datos, las predicciones de las tasas vitales y atributos poblacionales generadas a partir del enfoque integrado son un balance entre las obtenidas con los enfoques directo e inverso. No obstante, en un escenario real y no óptimo, como lo fue el estudio de caso, se observó que las predicciones del enfoque integrado no necesariamente deben ser un balance entre las de los enfoques directo e inverso, ya que la falta de información impide que el enfoque inverso rescate satisfactoriamente los patrones a nivel poblacional. Así, se concluye que el enfoque integrado fue validado satisfactoriamente, siendo preferible a los enfoques ya existentes para la construcción de IPM.



Impacto del COVID-19: Un análisis mediante un modelo matemático heterogéneo con estructura de edad para el estado de Querétaro

Luis Andrés Rojas García
Universidad Autónoma de Querétaro

lrojas26@alumnos.uaq.mx

Resumen

En los últimos tres años, hemos presenciado el surgimiento y rápida expansión de la enfermedad conocida como COVID-19, declarada pandemia en marzo del 2020. A raíz de esta problemática, un sinnúmero de estudios se han desarrollado para entender y explicar el desarrollo de esta pandemia. En particular, los modelos matemáticos epidemiológicos son una herramienta importante para prevenir, predecir y controlar brotes epidemiológicos. El uso de modelos heterogéneos permite tener una visión más clara de lo que ocurre en una población estratificada, como la nuestra, donde la dinámica de la infección es diferente por cada sector en una población, como pueden ser de las distintas edades de los individuos. Para este proyecto, se generó un modelo matemático heterogéneo basado en grupos etarios, donde no se contemplaron medidas epidemiológicas de control, para modelar el desarrollo de la epidemia de COVID-19 en el estado de Querétaro. Este es el primer modelo heterogéneo con estructura etaria con parámetros inferidos de los datos de la población mexicana. A partir de este modelo se pudo describir el comportamiento de los casos y su comparativa con los casos reales. Este modelo permitió caracterizar los rangos de edades adecuados para una descripción heterogénea, justificar la estratificación de la población en cuatro grupos etarios, inferir parámetros para cada grupo etario, y observar el escenario que se tendría de no haberse tomado medidas de control.



CARTELES



XXIV EOBM



XVIII ENBM





Un modelo matemático mínimo del cáncer de células escamosas en pacientes con anemia de Fanconi

Abril Gallegos Soria

Universidad Nacional Autónoma de México

abril.gllgs@ciencias.unam.mx

Resumen

La anemia de Fanconi es una enfermedad hereditaria poco común que afecta a 1 de cada 300,000 personas, afecta la médula ósea y provoca una disminución en la producción de células sanguíneas, y puede aumentar el riesgo de desarrollar cáncer de células escamosas.

Se propone un modelo matemático mínimo del cáncer de células escamosas en pacientes con anemia de Fanconi. Es decir, un modelo con las dimensiones más reducidas posibles, lo que permite un análisis simplificado y una comprensión fundamental de los procesos involucrados.

Para construir este modelo, se emplea la metodología de la biología de sistemas (SBML). En primer lugar, se recopilan datos empíricos pertinentes del fenómeno biológico a partir de la literatura y bases de datos. Estos datos se utilizan para establecer una red de regulación. La red se traduce en un sistema dinámico no lineal, formado por un sistema de ecuaciones diferenciales. Se realiza una optimización de los parámetros para garantizar la concordancia con los datos clínicos y experimentales de colaboradores del Instituto Nacional de Pediatría, lo que constituye la formalización y calibración del modelo matemático y se analizarán los efectos de perturbaciones genéticas y ambientales en este sistema a través de análisis de robustez, sensibilidad paramétrica y bifurcaciones.



Análisis de un modelo matemático de la dinámica intra-hospedero de Covid-19 para la estratificación de pacientes

Christopher Gómez Kaiser
Facultad de Ciencias UNAM

chriskaiser@ciencias.unam.mx

Resumen

La COVID-19 (Coronavirus Disease 2019) también conocida como enfermedad por nuevo coronavirus es causada por el coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV2). Tanto el nuevo virus como la enfermedad eran desconocidos antes de que estallara el brote en Wuhan.

Debido al gran número de personas infectadas por SARS-CoV-2 y las muertes ocasionadas por las complicaciones respiratorias y/o multiorgánicas que causa la COVID-19 a nivel mundial, es importante comprender la fisiopatología de la enfermedad y los factores de riesgo para desarrollar estadios graves, para así poder proponer marcadores de progresión de la enfermedad que permitan identificar tempranamente a las personas en riesgo de evolucionar de un estadio no severo a uno severo, que puede conllevar a la muerte.

En ese sentido, es de gran importancia evaluar la dinámica intra-hospedero de la Covid-19 en distintos estadios de la enfermedad y así encontrar variantes de parámetros que juegan un papel importante en la temprana estratificación de pacientes con base en su severidad.

La biología de sistemas es una disciplina que ofrece herramientas para el estudio formal de procesos biológicos. Por medio de la modelación matemática es posible estudiar un fenómeno biológico de formas que superan las capacidades de la tecnología experimental actual. Dentro del abanico de análisis matemáticos que ofrece la biología de sistemas, los análisis de sensibilidad paramétrica y de estabilidad sobresalen como potentes herramientas para evaluar cuantitativamente la influencia que tiene un mecanismo específico del modelo sobre la emergencia de un fenotipo de interés.

El modelo matemático de la dinámica intra-hospedero de la Covid-19 propuesto por Pacheco-López (2022) representa la red de interacciones inmunológicas que ocurren durante la infección por Covid-19 la cual, es descrita mediante un sistema de ecuaciones diferenciales compuesto por 9 variables dinámicas y un conjunto de 41 parámetros cuyos valores nominales fueron obtenidos mediante optimización paramétrica.



A partir de esta red y haciendo uso de herramientas computacionales de biología de sistemas, tales como COPASI y CellDesigner, se realizaron análisis de sensibilidad paramétrica y análisis de estabilidad, con el propósito de vislumbrar de qué manera los parámetros y las condiciones iniciales de las variables dinámicas del modelo afectan a los posibles desenlaces de la infección. El análisis dinámico sugiere la existencia de regiones del espacio fase correspondiente a comportamientos oscilatorios en la dinámica del sistema. Estos resultados se confirmaron con análisis de estabilidad.

El análisis de sensibilidad paramétrica indica que únicamente destacan 33 parámetros del conjunto total de parámetros del sistema los cuales, afectan notablemente la concentración relativa únicamente en 2 variables dinámicas (I y V). Esto sugiere que los mecanismos que interactúan directamente con dichas variables son más sensibles ante perturbaciones en el sistema.

Como conclusión, el modelo matemático de la dinámica intra-hospedero de la Covid-19 calibrado con valores nominales de pacientes, sin tomar en cuenta su estadio clínico, presenta multiestabilidad, esto sugiere que las condiciones iniciales de los pacientes tienen un rol crucial en el desarrollo del estado patológico.



Dinámica del dengue en la Ciudad de Huajuapán de León, Oaxaca

Rodrigo Gonzaga Sierra, Asesor: Dr. Virgilio Vázquez Hipólito
Universidad Tecnológica de la Mixteca

rodrigogonzaga1234@gmail.com

Resumen

En este trabajo se integran los resultados obtenidos del análisis de la propagación del dengue en la Ciudad de Huajuapán de León, Oaxaca, en el cual se realiza el análisis de un modelo matemático epidemiológico mediante técnicas de ecuaciones diferenciales, sistemas dinámicos y métodos numéricos. Además, se muestra algunos escenarios con base a la variación de parámetros de interés.

Palabras clave: *epidemia, dengue, modelación matemática en epidemiología.*



Un modelo matemático para la dinámica evolutiva de la polinización por engaño

Joksan Avendaño Caballero, Asesor: Dr. Virgilio Vázquez Hipólito
Universidad Tecnológica de la Mixteca

aecj010811@gs.utm.mx

Resumen

En este trabajo presentamos un modelo matemático con el fin de responder algunas preguntas evolutivas que surgen en la polinización por engaño. Dicho modelo matemático está constituido por un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias cuya dinámica está regida por el engaño floral y aprendizaje en los polinizadores. Se realiza el análisis de estabilidad del sistema y se presenta el resultado principal de coexistencia.

Palabras clave: *Polinización por engaño, aprendizaje, coexistencia.*



Modelo de Psoriasis

Martín Álvarez Uriostegui y Moisés Antonio Rosas Olivares
Universidad Nacional Autónoma de México

martinu@ciencias.unam.mx, moises.olivares@ciencias.unam.mx

Resumen

La psoriasis es una enfermedad crónica de la piel que se caracteriza en forma de manchas rojas con escamas blanquecinas.

En el cartel se presenta el trabajo encaminado a desarrollar un modelo de psoriasis, para lo cual se extrajeron datos de varios artículos científicos en los cuales se describe la pérdida de la homeostasis epitelial en pacientes con psoriasis (v. gr. "Hoffman, D. R. *et al.* Immediate and extended effects of abrasion on stratum corneum natural moisturizing factor" y "Hoffman, D. R. *et al.* Immediate and extended effects of abrasion on stratum corneum natural moisturizing factor", por mencionar algunos); ello con el fin de construir una base de datos y optimizar parámetros de nuestras ecuaciones mediante diversas técnicas matemáticas *in silico*, para que puedan ajustarse a los datos experimentales extraídos anteriormente de los artículos. Para la optimización primero se ajustaron manualmente los valores para ver el efecto de cada parámetro sobre la dinámica del sistema en nuestra red subyacente a la patogénesis de la psoriasis, y a partir de ello afinar, mediante algoritmos de la paquetería de MATLAB, nuestro sistema de ecuaciones diferenciales. Por último, se hará un escrito reportando los resultados obtenidos.



Simulación numérica de un problema de Poisson en el contexto de electroencefalografía

Andry Alexander Peregrino Rodríguez
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

andry18peregrino8@gmail.com

Resumen

El cerebro humano representa un gran desafío para la ciencia debido a su complejidad y ha sido estudiado desde diferentes perspectivas y con diferentes herramientas como la electroencefalografía, la cual es una técnica de exploración neurofisiológica que registra la actividad bioeléctrica cerebral a partir de electrodos colocados en el cuero cabelludo, un electroencefalograma es el registro obtenido mediante esta técnica.

De esta manera, se considera el Electroencefalograma (EEG) para estudiar anomalías patológicas en el cerebro tales como focos epilépticos, edemas y tumores, ya que su registro corresponde al potencial generado por grandes conglomerados de neuronas que trabajan simultáneamente y son llamados generadores del EEG o fuentes bioeléctricas que pueden ser corticales y subcorticales. En este caso, para establecer correlaciones entre las fuentes y las mediciones, se han utilizado problemas de valores en la frontera. Ya que la región en la que se estudia un problema puede ser no homogéneo, deben considerarse condiciones apropiadas de frontera en la interfaces de separación de las diferentes regiones que componen a dicha región.

En este trabajo se aplica el método del elemento finito (MEF) para resolver los problemas de contorno con los que se modela el problema de identificación de fuentes y anomalías.



Estructura y análisis de una red trófica marina

Adriana Sandoval Ramírez

Universidad del Mar, campus Puerto Ángel

sanramz11@gmail.com

Resumen

Con la finalidad de determinar la resiliencia de la red trófica ante la pérdida de especies y la importancia topológica de cada uno de sus componentes, el objetivo principal del presente estudio fue construir un modelo ecológico con base en las interacciones tróficas que se establecen entre especies de peces de interés comercial en Acapulco, Guerrero. Se construyó una matriz binaria a partir de la información sobre hábitos alimentarios de especies marinas en el área de estudio, con esta información se caracterizó la estructura de la red trófica y se identificaron las especies más importantes de acuerdo con su posición y función dentro de la red. Se determinó la estabilidad de la red bajo dos escenarios alternativos: la eliminación de los tres depredadores con mayores valores de centralidad e importancia topológica (*Lutjanus guttatus*, *Caranx caninus* y *Selar crumenophthalmus*) y la eliminación de las cuatro presas con mayores valores de centralidad e importancia topológica (cangrejos, camarones, estomatópodos y gasterópodos). Además, se propone la utilización de conjuntos dominantes total outer k -independientes para cuantificar el número de extinciones secundarias y el grado de fragmentación de la red trófica. La red alimentaria se conformó de 63 nodos y 173 interacciones tróficas. La eliminación de *L. guttatus*, *C. caninus* y *S. crumenophthalmus* representó la pérdida de los patrones estructurales de la red, esto permitió considerarlos como especies claves en un control ecosistémico de arriba-abajo. Finalmente, la eliminación de 12 elementos en la red trófica causó la desconexión de la red, por lo que se consideró un conjunto importante para la estabilidad del ecosistema.



Elaboración de un polihidroxicanoato con características similares a la de los plásticos derivados del petróleo empleando el alga *Sargassum spp*

Neith Sofia Girbau Torres y Karen Monserrat Jara Gutiérrez
Universidad de Guadalajara

neith.girbau8690@alumnos.udg.mx, Karen.jara2566@alumnos.udg.mx

Resumen

El objetivo de este proyecto consiste en la fabricación de plásticos biodegradables a partir del sargazo (*Sargassum spp.*) y la bacteria *C. necator*. Dónde compuestos extraídos del sargazo son utilizados como sustrato por este microorganismo productor de bioplásticos intracelulares llamados polihidroxicanoatos, generando plásticos que son capaces de reintegrarse al medio ambiente en un plazo aproximado de 2 meses tras haber sido desechado, sin generar microplásticos o contaminantes para el ecosistema.

Palabras claves: *Polihidroxicanoatos, C. necator, plásticos desechables, Sargassum spp, microplásticos, innovación*



Modelo matemático de la interacción dinámica entre alteraciones epigenéticas e inflamación en dermatitis atópica

Vázquez Martínez Shamari Eloisa
Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM

Eloisa.Vaz@ciencias.unam.mx

Resumen

La dermatitis atópica (DA), es una enfermedad crónica cutánea que se caracteriza por la descamación excesiva de la piel, inflamación persistente, mayor sensibilidad a alergias, pérdida excesiva de agua y una barrera cutánea permeable y disfuncional. Es una enfermedad multifactorial, que afecta hasta el 10 % de adultos y niños en países industrializados (Bieber y Leung, 2009).

La etiología de esta enfermedad es multifactorial e involucra interacciones gen-gen y gen-ambiente. Se han identificado más de 79 genes asociados a DA, entre ellos aquellos que involucran mecanismos inmunes innatos y adaptativos, genes de la barrera cutánea, que codifican alarminas, etc. Cada uno de estos genes identificados ayudan a entender a la DA; su origen, desarrollo y persistencia, pero no lo explican por completo, ya que, se han identificado pacientes que presentan mutaciones en estos genes, pero no desarrollan la enfermedad y pacientes sin mutaciones que sí presentan la enfermedad (Nedoszytko et al., 2020).

Es por ello que las modificaciones epigenéticas, como lo es la metilación del ADN y la acetilación de histonas, podrían ayudar a comprender mejor la complejidad de esta enfermedad, ya que, se ha documentado la existencia de diferencias en los perfiles epigenéticos entre pacientes sanos y con DA, principalmente en los procesos inflamatorios, respuesta inmune y de diferenciación de los queratinocitos (células de la epidermis).

Mi proyecto consiste, por lo tanto, en integrar matemáticamente estas marcas epigenéticas a modelos matemáticos que ya describen parte de la DA, como es el caso del primer modelo matemático sobre DA, propuesto por Tanaka et al, 2011, el cual representa el sistema de activación de serinas proteasas denominadas calicreínas (KLK), esta serina se encarga de la escisión de los corneodermosomas que une a los corneocitos, los cuales forman la barrera cutánea.

Este modelo reproduce el efecto de KLK en la barrera cutánea y como esta interacción es modulada por factores genéticos a niveles basales de la expresión de inhibidores de KLK (LEKTI) y el pH, el cual aumenta la capacidad catalítica de KLK. Además, las KLK activadas,



desencadenan una cascada de inflamación por la activación de PAR2 (receptores activados por proteasa tipo 2), útil para capturar la esencia del brote de inflamación por una barrera cutánea defectuosa.

Este primer modelo matemático es útil para estudiar la importancia de KLK en el funcionamiento de la barrera cutánea, y como la red que regula la actividad de las proteasas influyen en el brote, persistencia y agravamiento de la inflamación. Este modelo matemático ha servido como base para estudiar la progresión fitopatológica de DA, diseñar estrategias de tratamiento, etc.

Una limitante en este modelo matemático es que no considera los factores epigenéticos, que también son reguladores en la expresión de, por ejemplo, las KLK y su inhibidor (LEKTI). Es por ello que la identificación de variables adicionales (factores epigenéticos) que afectan la dinámica del modelo y expandir los modelos matemáticos con ecuaciones diferenciales ordinarias nos permite predecir efectos de alteraciones epigenéticas y genéticas, sobre un fenotipo de interés, esto por medio de análisis matemáticos; como lo son los análisis de bifurcaciones. Con la integración matemática de estas nuevas variables pretendo conseguir un modelo matemático de la interacción dinámica entre alteraciones epigenéticas e inflamación en dermatitis atópica y recuperar fenotipos clínicos que previamente no se habían podido reproducir.



Modelling of the interplay between exogenous proteases and barrier function

Elisa Domínguez Hüttinger y Vázquez Castro Rafael Cuitláhuac
Instituto de Investigaciones Biomédicas

elisa.dominguez@iibiomedicas.unam.mx y rafacuikvca@gmail.com

Resumen

La Organización Mundial de Gastroenterología estima que aproximadamente la mitad de la población mundial está infectada con *Helicobacter pylori*, dicha infección provoca diversos padecimientos a la persona, desde úlceras pépticas hasta cáncer gástrico, siendo éste último la segunda causa de muerte de cáncer en todo el mundo. Para ello *H. pylori* libera proteasas de serina y chaperonas de alta temperatura requerida, estas proteínas rompen las uniones entre las células epiteliales, facilitando el acceso a los vasos sanguíneos, donde posteriormente se inyecta proteínas que alteran a las células epiteliales. En condiciones saludables la presencia de *H. pylori* es regulada por la respuesta inmune y la barrera funcional. Por lo que se propone un modelo matemático que describa la interacción entre el patógeno, la respuesta inmune y barrera funcional, mediante el ajuste con datos experimentales.



La homeostasis epitelial emerge del acople dinámico entre el fenotipo celular, la respuesta inmune y el microbioma

Daniela Gómez Guridi
Instituto Tecnológico Autónomo de México

danigomezg98@gmail.com

Resumen

El objetivo es discutir la interacción de competencia entre dos variables las bacterias comensales que llamamos "buenas" (g) y las bacterias antagonistas que llamamos "malas" (b) con un modelo que pretende ser general e independiente de los datos, ya que nos centramos en investigar sus propiedades generales. Así, analizamos las dos primeras ecuaciones del modelo completo utilizando un enfoque sencillo para ilustrar la dinámica de la microbiota, que tiene lugar en la separación de escalas temporales más rápida.

Al tomar en consideración únicamente la escala temporal más rápida, suponemos que los distintos componentes operan independientemente unos de otros y en sus respectivas escalas temporales. La dinámica de la mucosa y de los neutrófilos tiene lugar en la escala temporal lenta.

La adimensionalización del sistema se utilizó como herramienta para simplificar y analizar el comportamiento de las relaciones antagonicas en un entorno, y para identificar los parámetros clave que dirigen la dinámica del sistema. Sirvió para reducir parámetros y eliminar unidades a fin de proceder al análisis estándar. Los estados estacionarios se hallaron analíticamente, así como las trayectorias de fase esquemáticas. Se examinaron cuatro casos posibles. Los dos primeros implicaban una relación no antagonica entre la población de bacterias buenas y la de bacterias malas, mientras que los dos últimos captaban la situación en la que las bacterias buenas y las bacterias malas son antagonicas. Vemos cómo pequeñas variaciones en los valores de los parámetros pueden provocar alteraciones significativas en el comportamiento o la estabilidad del sistema.

También analizamos el efecto de k , así como la interacción de M y N , que modela la dinámica de la mucosa y los neutrófilos. Para el huésped, elegimos parámetros que conduzcan a una coexistencia estable, ya que sólo es posible en el caso de competencia débil, o fijando condiciones iniciales muy específicas en el caso en el que la coexistencia sólo es posible a lo largo de la separatriz.



Análisis de un modelo de la violencia contra la mujer en México

Marisol García Hernández, Laura R. González Ramírez

Escuela Superior de Física y Matemáticas del Instituto Politécnico Nacional

mgarciah1705@alumno.ipn.mx

Resumen

La violencia contra la mujer en México (VcM) es un problema que ha cobrado especial relevancia en los últimos años, las estadísticas de las mujeres que han sufrido algún tipo de violencia o han sido privadas de la vida tienen tendencia creciente, por lo que una de las motivaciones principales es poder dimensionar la magnitud del problema y compartir este análisis para crear conciencia.

En este trabajo se propone y analiza un modelo matemático, basado en ecuaciones diferenciales ordinarias, para el estudio de los casos de violencia contra la mujer (VcM) documentados en México entre los años 2006 al 2021. Este fenómeno social se modela como una dinámica poblacional considerando la interacción entre tres subpoblaciones: *agresores*, *susceptibles* y *violentadas*. Este modelo está inspirado en una dinámica depredador-presa y de propagación epidemiológica.

Para estudiar las propiedades del modelo se hace un análisis cualitativo del mismo y se determina la estabilidad local de sus puntos críticos en función de los parámetros del modelo. Posteriormente, se emplea el software de MATLAB para la aproximación numérica de los parámetros del modelo con datos del *Sistema Integrado de estadísticas sobre violencia contra las mujeres* y llamadas de emergencia relacionadas con incidentes de violencia contra la mujer; así mismo se resuelve numéricamente el sistema y finalmente se discuten los resultados obtenidos en comparación con el análisis anterior.



Estrategia de control para un modelo matemático de dengue

Victor Manuel Salcedo-Rosero, Luis Eduardo López-Montenegro, Ana María Pulecio-Montoya
Universidad de Nariño, Universidad de Caldas

victorsalcedorosero@gmail.com, eduardo.lopez@ucaldas.edu.co, ampuleciom@gmail.com

Resumen

El artículo presenta un modelo matemático donde se estudia el crecimiento de mosquitos hembra adultos y se acopla a la dinámica de transmisión del virus del dengue en la población humana, la cual está dividida en tres subpoblaciones: susceptibles, infectados y recuperados. Al modelo se le realiza un análisis de estabilidad local de los puntos de equilibrio con base en el número reproductivo básico de la enfermedad, el cual está dependiendo de un control ε . Se analiza cuándo el valor de dicho control que se aplica al mosquito transmisor será pertinente para hacer que la población de personas infectadas decrezca y desaparezca del medio. Finalmente, se realizan simulaciones numéricas con el software MATLAB para comparar escenarios con control y sin control.

Palabras clave: *modelo matemático, dengue, aedes aegypti*.

Introducción

El principal trasmisor del virus del dengue es el mosquito *Aedes Aegypti*, el cual tiene su hábitat en zonas tropicales y subtropicales, causando en el año entre 100 a 400 millones de infecciones [1]. El virus del dengue es un problema de salud pública, es así que comprender la dinámica de su transmisión en una población donde se permita su proliferación se convierte en un punto ineludible en la salud pública de una sociedad, cuya importancia está en garantizar la salud y vida digna de las personas.

Teniendo en cuenta que los modelos matemáticos epidemiológicos son importantes en la predicción de la dinámica de las epidemias se hace necesario formular y desarrollar análisis de los mismos con el objetivo de aportar conclusiones que evidencien acciones que permitan mitigar el virus del dengue. Los modelos epidemiológicos suaves son ampliamente utilizados para describir la dinámica de las epidemias, entre ellos están, como por ejemplo, los modelos epidemiológicos tipo SIS (Susceptible, Infectado, Susceptible), SIR (Susceptible, Infectado, Recuperado), SEIR (Susceptible, Expuesto, Infectado, Recuperado).



En el presente artículo se ha formulado un modelo matemático que considera las variables correspondientes a las poblaciones de personas susceptibles, infectados y recuperados. Se ha llevado a cabo un análisis de estabilidad local para entender cómo la aplicación de un control puede influir en la dinámica de la transmisión del virus y permitir la eliminación de las personas infectadas en la población.

Planteamiento del modelo

Para el planteamiento del modelo matemático en primer lugar, no se tiene en cuenta la transmisión vertical del virus del dengue ni en los mosquitos ni en los humanos. Además, no se considera la muerte causada por la enfermedad y se asume que solo circula un serotipo del virus del dengue. La tasa de mortalidad natural μ se considera igual sin importar el estado de la persona (susceptible, infectada o recuperada).

Para el planteamiento del modelo se consideran las variables y parámetros presentados en la Tabla 1 y se inicia con analizar cómo aumenta el número de mosquitos adultos de la especie *Aedes aegypti*. Suponemos que existe un flujo de entrada constante a la población Δ_m y presentan una tasa de muerte natural τ , luego la ecuación diferencial

$$\frac{dM}{dt} = \Delta_m - \tau M, \quad (9)$$

representa el crecimiento poblacional de los mosquitos adultos. Nótese que para $M(0) = M_0$, con el paso del tiempo, el número promedio de mosquitos adultos crece al equilibrio $\Lambda = \frac{\Delta_m}{\tau}$. Así, teniendo en cuenta el comportamiento del virus del dengue, como los supuestos mencionados anteriormente, se divide la población en tres grupos: susceptibles, infectados y recuperados. Además, suponiendo una tasa de entrada constante en la población susceptible, se puede plantear un conjunto de ecuaciones diferenciales para representar la transmisión del virus del dengue en la población humana, que se presenta a continuación

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Delta_h - \beta_m \frac{I}{N} \psi(1 - \varepsilon) \Lambda \beta_h S - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta_m \frac{I}{N} \psi(1 - \varepsilon) \Lambda \beta_h S - (\theta + \mu) I \\ \frac{dR}{dt} &= \theta I - \mu R, \end{aligned} \quad (10)$$

definido en el conjunto de interés biológico

$$\Omega = \left\{ (S, I, R) \in \mathbb{R}^3 : S \geq 0, I \geq 0, R \geq 0, 0 < S + I + R \leq \frac{\Delta_h}{\mu} \right\}.$$



Parámetro Variable	Descripción
$S(t)$	Número promedio de personas susceptibles en un tiempo t .
$I(t)$	Número promedio de personas infectadas en un tiempo t .
$R(t)$	Número promedio de personas recuperadas en un tiempo t .
$M(t)$	Número promedio de mosquitos adultos en un tiempo t .
β_m	Probabilidad de transmisión del virus de humano a mosquito.
β_h	Tasa de transmisión del virus de mosquito a humano ($m^{-1} dia^{-1}$).
μ	Tasa de muerte natural de $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ (dia^{-1}).
θ	Tasa de recuperación (dia^{-1}).
Δ_h	Razón constante de personas que ingresan a la población susceptible.
Δ_m	Número promedio de mosquitos inmaduros que pasan a ser maduros por día.
τ	Tasa de muerte natural de la población de mosquitos (dia^{-1}).
ψ	Fracción de mosquitos hembras en un tiempo t .
ε	Fracción de mosquitos que mueren a causa de la aplicación del control.
$N = S + I + R$	Población total.

Cuadro 1: Parámetros y variables del modelo.

Los puntos de equilibrio del sistema (10) son:

$$\mathbf{E}_0 = \left(\frac{\Delta_h}{\mu}, 0, 0 \right) \quad \text{y} \quad \mathbf{E}_1 = \left(\frac{\Delta_h}{\mu} \frac{1}{R_0(\varepsilon)}, \frac{\Delta_h}{(\theta + \mu)} \frac{R_0(\varepsilon) - 1}{R_0(\varepsilon)}, \frac{\theta \Delta_h}{\mu(\theta + \mu)} \frac{R_0(\varepsilon) - 1}{R_0(\varepsilon)} \right),$$

donde

$$R_0(\varepsilon) = \frac{\beta_m \psi (1 - \varepsilon) \Lambda \beta_h}{\mu + \theta},$$

representa el *número reproductivo básico de la enfermedad*. La estabilidad local del sistema está representada por el siguiente resultado:

Teorema 1

- (i) Si $R_0(\varepsilon) < 1$, \mathbf{E}_0 es local y asintóticamente estable.
- (ii) Si $R_0(\varepsilon) > 1$, \mathbf{E}_1 es local y asintóticamente estable y \mathbf{E}_0 es inestable.

Donde \mathbf{E}_0 es el equilibrio libre de la enfermedad y el punto \mathbf{E}_1 el equilibrio endémico.

Resultados

El número reproductivo básico de la enfermedad se puede expresar como una función que depende del control $\varepsilon \in (0, 1]$ de manera lineal como se observa en la Figura 3. Es así, que si

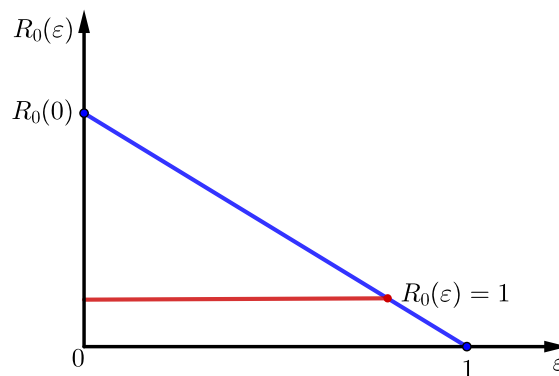


Figura 3: Comportamiento de $R_0(\varepsilon)$

se aplica un control ε^* debe ser tal que: si $R_0(0) > 1$, entonces $R_0(\varepsilon^*) < 1$, con el fin de que dicho control logre eliminar la enfermedad del medio, como se demostró en el Teorema 1. Para que suceda esto, ε^* debe satisfacer la siguiente desigualdad:

$$\varepsilon^* > 1 - \frac{\mu + \theta}{\beta_m \psi \Lambda \beta_h} \quad (11)$$

Para llevar a cabo el análisis y la visualización de estos resultados, se han utilizado simulaciones numéricas realizadas con el software Matlab. Se han considerado valores hipotéticos para los parámetros, los cuales se encuentran detallados en la Tabla 2 donde además se presenta el valor de $R_0(0)$ y una opción adecuada para el control ε^* .

Los resultados numéricos presentados en la Figura 4 evidencian la importancia de aplicar el control ε^* y la relevancia de cumplir con la desigualdad (11) para obtener un control adecuado para eliminar la enfermedad del medio. La comparación entre las subfiguras (a) y (b) con valores $\varepsilon^* = 0,85$ y $\varepsilon^* = 0,6$, respectivamente, muestra que el valor pertinente según (11) es $\varepsilon^* = 0,85$ ($\varepsilon^* > 0,8125$), lo cual se refleja en una significativa disminución de la población de personas infectadas y su desaparición en el ambiente. Por otro lado, las subfiguras (c) y (d) presentan el comportamiento de la población total bajo un control adecuado y sin control, respectivamente. Se puede observar que el control permite la eliminación de la población de personas infectadas en pocos días, mientras que sin aplicar un control, las personas infectadas persisten en el medio. Además, el control asegura la estabilización de la población susceptible y la desaparición de las personas recuperadas, lo que representa el escenario adecuado.

Parámetro	Valor	Control / $R_0(\varepsilon)$	Valor
β_m	0.6	$R_0(0)$	5.33
β_h	0.1	$\varepsilon >$	0.8125
μ	0.1	ε^*	0.85
θ	0.14	$R_0(\varepsilon^*)$	0.8
Δ_h	5		
Δ_m	8		
τ	0.15		
ψ	0.4		
Λ	53.33		

Cuadro 2: Simulación

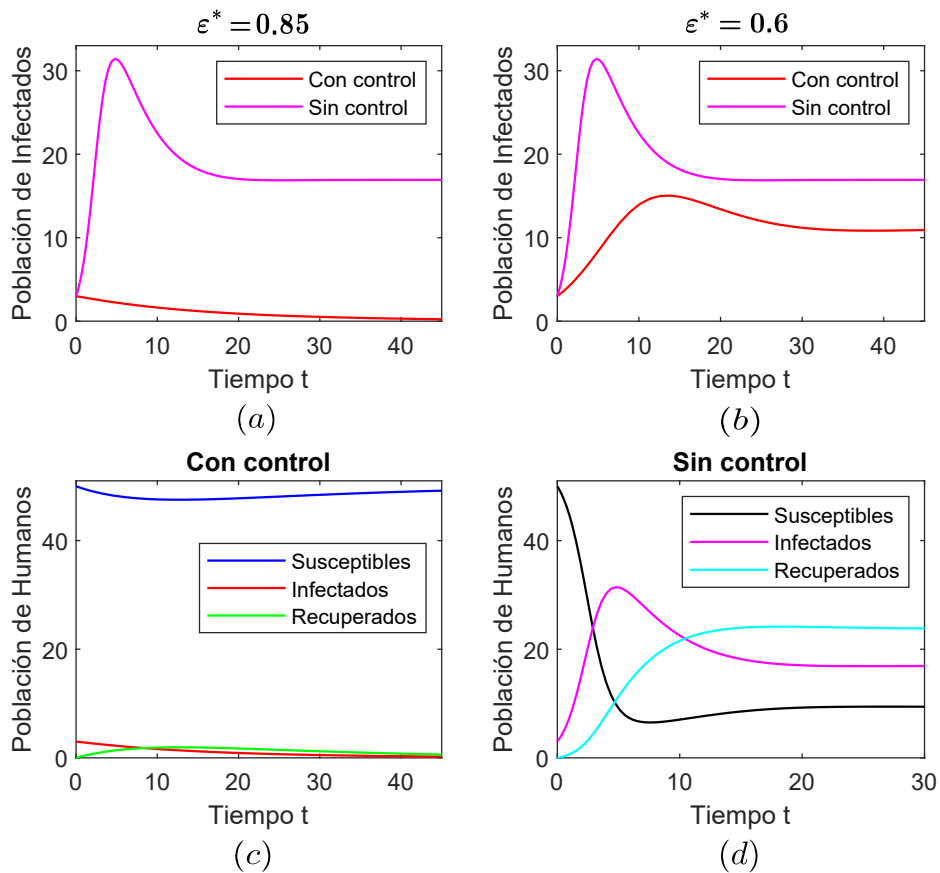


Figura 4: Simulaciones



Conclusiones

Los resultados indican que si el número reproductivo básico de la enfermedad $R_0(\varepsilon)$ es menor que uno, entonces el número de personas infectadas tiende a desaparecer con el tiempo. En cambio, si $R_0(\varepsilon)$ es mayor a uno, el número de personas infectadas se estabiliza en la segunda componente de E_1 . Cabe destacar que este valor se reduce cuando se aplica una estrategia de control ε^* a la población de mosquitos transmisores. Los resultados identifican las condiciones que debe cumplir el control ε^* para que $R_0(\varepsilon^*)$ sea menor a uno y lograr así la eliminación de la enfermedad. De esta manera, el modelo matemático propuesto se acerca más a la realidad al considerar la dinámica de transmisión del virus y al incorporar un control que bajo unas condiciones posibilita la erradicación de la enfermedad.

Agradecimientos

A la Universidad de Nariño, en particular a su Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, en especial al Departamento de Matemáticas y Estadística. También un agradecimiento especial a la Universidad de Caldas, por su valiosa colaboración durante nuestro proceso para participar en el XXIV Escuela de Otoño (EOBM) y XVII Encuentro Nacional (ENBM) de Biología Matemática.

Referencias

- [1] KULKARNI, M.A., DUGUAY, C. AND OST, K., *Charting the evidence for climate change impacts on the global spread of malaria and dengue and adaptive responses: a scoping review of reviews*, Global Health, 18(1), (2022) pp 1-18. doi:10.1186/s12992-021-00793-2
- [2] FILIPPOV, A.F., *Differential equations with discontinuous righthand sides: control systems*, Volume 18, Springer Science & Business Media, 2013.



El Modelo Epidemiológico SIRS

Brenda Beatriz Arce Sánchez

Resumen

En matemáticas existen diversos modelos para describir el comportamiento de enfermedades infecciosas, así cada vez son más utilizados modelos como el SIR o una de sus variantes el modelo SIRS. Los modelos matemáticos no sólo permiten analizar o describir una enfermedad, también son de ayuda para predecir el impacto que dicha enfermedad tendrá en los sistemas económicos o de salud pública así como en la ayuda de toma de decisiones. A lo largo del presente trabajo se estudiará el modelo SIRS, el cual considera que los individuos recuperados de alguna enfermedad infecciosa solo gozan de inmunidad temporal. Se encontrarán los puntos de equilibrios de dicho sistema para analizar su estabilidad, dando una interpretación de los resultados. Finalmente se realizarán simulaciones sobre la evolución del COVID-19 en la población del municipio de Ecatepec de Morelos.

Palabras clave: *Modelo SIRS, enfermedad infecciosa, puntos de equilibrio, estabilidad.*



Un acercamiento a los sistemas nerviosos desde la teoría de gráficas

Cuauhtémoc Fénix Martínez Sánchez

Facultad de Ciencias, UNAM

uranga_railway@ciencias.unam.mx

Resumen

Amplia y diversa es la literatura que ha intentado explicar el funcionamiento de los sistemas nerviosos. La literatura médica y sus conexas tienen toneladas de información que explican el funcionamiento de los distintos componentes y procesos del sistema nervioso: neuronas de distintos tipos, conexiones sinápticas con o sin mielinizar, etc. Desde la última mitad del siglo XX, ha habido un esfuerzo por explicar estos componentes y procesos con las herramientas de la matemática y la física.

El cartel “Un acercamiento a los sistemas nerviosos desde la teoría de gráficas” pretende ofrecer una visión panorámica de los aspectos más relevantes de esta literatura, para lo cual se enlistan características fundamentales en los sistemas nerviosos con distintos grados de complejidad y que son ampliamente aceptadas como un hecho por la comunidad científica.

Como fruto de esta investigación, el cartel también propone una serie de fórmulas para medir cualitativamente distintos aspectos cuantitativos de los sistemas nerviosos, tales como los coeficientes de conectividad y de integración, así como una nomenclatura modesta basada en la teoría de grafos para la identificación de los distintos componentes del sistema nervioso en sus dimensiones locales y regionales.



Modelacion y simulación del control en un modelo SEIR con ayuda del Principio del Maximo de Pontryagin

Francisco Martín Torres Fernández, Evodio Munoz Aguirre
Universidad Veracruzana

martintorresfernandez772@gmail.com

Resumen

En este cartel se expondra cómo utilizar el Principio del Máximo de Pontryagin derivado de la teoría de control optimo a un modelo matemático de una enfermedad infecciosa micro-parasitaria (virus, bacteria u hongo), cuyo propósito es encontrar el calendario de vacunación que minimice el número de individuos infecciosos y el costo total de la vacunación durante un tiempo fijo. Se considera el caso cuando los suministros de vacunacion son limitados y se encontrará el programa de vacunación óptimo de modo que, solo se vacune a un número determinado de personas. La evolucion de la enfermedad está determinada por el sistema de ecuaciones (12) que representa a un modelo SEIR que actúa como una tasa de vacunación y se formula un problema de control optimo para incluir una restricción isoperimétrica en el suministro de vacunas, en este modelo, la población huésped se divide en clases susceptibles, expuestas, infectadas e inmunes (recuperadas o vacunadas) y está dada de la forma

$$\begin{aligned}
 S'(t) &= bN(t) - dS(t) - cS(t)I(t) - u(t)S(t) \\
 E'(t) &= cS(t)I(t) - (e + d)E(t) \\
 I'(t) &= eE(t) - (g + a + d)I(t) \\
 R'(t) &= gI(t) - dR(t) + u(t)S(t) \\
 N'(t) &= (b - d)N(t) - aI(t)
 \end{aligned}
 \tag{12}$$

El modelo matemático es retomado del artículo *An introduction to optimal control with an application in disease modeling* de los autores Rachael Miller N. y Suzanne Lenhart. Debido a la complejidad del modelo, el análisis se realizará numéricamente ilustrando cómo dicha restricción altera el calendario óptimo de vacunación y su efecto en la población.