

Diciembre 2023 • e-ISSN: 2448-5365

SahuarUS

Revista electrónica de Matemáticas

Vol. 7
Número 2



UNIVERSIDAD DE SONORA

Sahuarus. Revista Electrónica del Departamento de Matemáticas

SAHUARUS. REVISTA ELECTRÓNICA DE MATEMÁTICAS, año 7, número 2, volumen 7, diciembre 2023 - junio 2024, es una publicación semestral, editada por la Universidad de Sonora, a través del Departamento de Matemáticas. Blvd. Luis Encinas y Rosales S/N, colonia Centro, Hermosillo, Sonora, México. C.P. 83000. Tel. (662) 2592155. Página web: sahuarus.unison.mx. Correo electrónico: sahuarus@unison.mx. Editor responsable: Misael Avendaño Camacho. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo No. **04-2023-032214541100-102**, e-ISSN: 2448-5365, ambos otorgados por el Instituto Nacional de Derechos de Autor.

Los artículos publicados por [Sahuarus. Revista Electrónica de Matemáticas](http://Sahuarus.RevistaElectrónicadeMatemáticas) se distribuye bajo una [Licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-SinDerivadas 4.0 Internacional](http://LicenciaCreativeCommonsAtribución-NoComercial-SinDerivadas4.0Internacional), la cual permite la distribución y el uso del material publicado citando la fuente de la que proviene, prohíbe la modificación y el uso con fines comerciales.



Sahuarus. Revista Electrónica del Departamento de Matemáticas

Volumen 7, número 2, Diciembre 2023-Junio 2024



"El saber de mis hijos
hará mi grandeza"

Universidad de Sonora

Rectora

María Rita Plancarte Martínez

Secretario General Académico

Ramón Enrique Robles Zepeda

Coordinador General de la Facultad Interdisciplinaria de Ciencias Exactas y Naturales

Juan Pablo Soto Barrera

Jefe del Departamento de Matemáticas

Jesús Francisco Espinoza Fierro

Editor Responsable

Misael Avendaño Camacho

Comité Editorial

Dr. Manuel Adrian Acuña Zegarra

M.C. Maricela Armenta Castro

Dra. Carolina Espinoza Villalva

Dr. Martín Gildardo García Alvarado

Dra. Carmen Geraldí Higuera Chan

Ing. Aaron Lara Ordoñez

Dr. Jesús Adolfo Minjárez Sosa

Dra. Gloria Angélica Moreno Durazo

Dr. José Crispín Ruíz Pantaleón

Dr. José Luis Soto Munguía

Editores Asociados

Dr. José Luis Cisneros Molina

Instituto de Matemáticas, Unidad Cuernavaca, UNAM

Dr. Xavier Gómez Mont

Centro de Investigaciones en Matemáticas

Dr. Juan Carlos Hernández Gómez

Facultad de Matemáticas, Universidad Autónoma de Guerrero, Acapulco, Guerrero

Dr. Fernando Antonio Hitt Espinoza

Universidad de Quebec, Montreal, Canada

Dra. Roxana López Cruz

Facultad de Matemáticas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

Dr. Humberto Madrid de la Vega

Centro de Investigación en Matemáticas Aplicadas, Universidad Autónoma de Coahuila

Dr. Pedro Miramontes Vidal

Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México

Dr. Carlos Gabriel Pacheco González

Centro de Investigación y de Estudios Avanzados

Dr. Sandra Evely Parada Rico

Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Dr. José Antonio Vallejo Rodríguez

Universidad Autónoma de San Luis Potosí

ÍNDICE

ARTÍCULOS

- Estudios de poblaciones con un enfoque de campo medio
Carmen G. Higuera-Chan, Gabriel Miranda-Gómez, Nadia Ramos-Valenzuela 1-13
- Códigos cíclicos para desarrollar algoritmos de ADN
Nayeli Adriana González Martínez, Adolfo Maceda Méndez 14-28
- Aspectos analíticos y geométricos de un modelo epidemiológico con dinámica de población
Rey Alexis Salas-Vega, Jaime Burgos-García. 29-51

Estudio de poblaciones con un enfoque de campo medio

Carmen G. Higuera-Chan¹, Gabriel Miranda-Gámez² y Nadia Ramos-Valenzuela³

Departamento de Matemáticas, Universidad de Sonora.

¹carmen.higuera@unison.mx, ²gabriel-mirandag@outlook.com, ³n4d14rsv@gmail.com

Resumen

En este trabajo se estudia el comportamiento de una población de gran tamaño que evoluciona en tiempo discreto hasta un horizonte finito. El análisis se realiza a través de la propuesta de un modelo estocástico determinado por el tamaño y clasificación de la población y de su relación con un modelo, llamado modelo de campo medio, que resulta ser aproximante a la propuesta estocástica.

Palabras Clave: Modelos Markovianos en tiempo discreto; Poblaciones; Teoría de campo medio; Sistemas de interacción de objetos.

DOI: 110.36788/sah.v7i2.143

Recibido: 24 de agosto del 2023.

Aceptado: 6 de diciembre del 2023.

1. Introducción

El estudio de poblaciones conformadas por seres vivos, partículas, agentes o cualquier tipo de objetos de una misma naturaleza, es un problema de interés y usualmente difícil de modelar en la mayoría de los casos por la complejidad en predecir el comportamiento de quienes componen tal población. En este trabajo se tiene como objetivo presentar de una manera accesible una propuesta que permita modelar y analizar la evolución una población.

De manera general, el objetivo de la teoría de campo medio consiste en simplificar el análisis de sistemas dinámicos compuestos de un número grande de objetos o agentes que interactúan entre sí. Es claro que analizar de forma individual de cada uno de los objetos del sistema sería prácticamente imposible, es por ello la conveniencia de estudiar el comportamiento de un grupo de objetos del sistema. Tomando como referencia esta la idea, de la cual fue pionero Pierre Weiss en el área de física estadística durante la primera década del siglo XX, el desarrollo de estas ideas se han extendido a diversas áreas dentro de las matemáticas como en la teoría de juegos, siendo [8] un trabajo pionero y que marca el desarrollo de la teoría de campo medio, en particular de los juegos de campo medio o *Mean Field Games* en los últimos 15 años.

Con el fin de comprender y desarrollar algunas ideas básicas de la teoría de campo medio, aunque sin un contexto de control o juegos, como las estudiadas en los artículos [2, 3, 4, 6],

así como de algunas aplicaciones en biología, economía, finanzas en [1, 4, 5, 6, 9], en este trabajo se estudia el comportamiento de una población que evoluciona en tiempo discreto hasta un horizonte T y está compuesta por $N \sim \infty$ objetos haciendo uso de la teoría de campo medio. Esto es, en lugar de analizar cada objeto de la población, la idea es categorizar a la población de acuerdo con sus características y estudiar la proporción de objetos que ocupan cada categoría. De manera que se propondrá un modelo estocástico cuyos estados son precisamente las proporciones de objetos en cada categoría. Así, cuando $N \rightarrow \infty$, se obtendrá un nuevo modelo, al que se denominará modelo de campo medio, cuyos estados resultan ser medidas de probabilidad sobre el conjunto de las categorías y además aproxima al modelo original.

La estructura de este trabajo es la siguiente: en la Sección 2 se presentarán los elementos principales para el modelado de una población de tamaño N cuya dinámica de los objetos entre categorías está dada por medio de un Kernel de transición. En la Sección 3, se motivará la creación de un nuevo proceso, llamado de campo medio, haciendo $N \rightarrow \infty$ y se analizan sus propiedades. Finalmente, en Sección 4, se presenta un resultado que relaciona a ambos modelos, así como un ejemplo que ilustra tal resultado.

Notación

Para un conjunto Z , se denota como $\mathbb{P}(Z)$ al conjunto de medidas de probabilidad en Z . Además, si Z es un conjunto finito, $Z = \{z_1, z_2, \dots, z_n\}$, una medida de probabilidad $p \in \mathbb{P}(Z)$ se identifica con el vector $p := (p(z_1), p(z_2), \dots, p(z_n))$, donde $p(z_i) \geq 0$, $\forall i = 1, 2, \dots, n$ y $\sum_{i=1}^n p(z_i) = 1$. Luego, $\|\cdot\|_\infty$ que denota la correspondiente norma, esto es, para cada vector $p \in \mathbb{P}(Z)$:

$$\|p\|_\infty := \max\{|p(z_1)|, |p(z_2)|, \dots, |p(z_n)|\}.$$

Por último, se denota como I_D a la función indicadora en el conjunto D , $\mathbb{N}_0 = \mathbb{N} \cup \{0\}$, $[N] := \{1, 2, \dots, N\}$ para $N \in \mathbb{N}$.

2. Modelo de una población compuesta por N objetos

Considere una población, compuesta por N objetos, que evoluciona en tiempo discreto hasta un tiempo finito T . Asimismo, en cada tiempo tales objetos pueden ser clasificados de acuerdo con una cantidad finita de categorías. Sea $S = \{c_1, c_2, \dots, c_s\} := \{1, 2, \dots, s\}$ el conjunto de categorías y denotamos por $X_n^N(t)$, $n \in [N]$, $t = 0, \dots, T$, la clase del objeto n al tiempo t , de manera que $X_n^N(t) \in S$.

En cada tiempo $t = 0, \dots, T$, se produce movimiento aleatorio de cada objeto entre categorías; este movimiento está dado por una probabilidad de transición, homogénea en N , de la forma:

$$P(X_n^N(t+1) = j | X_n^N(t) = i) = K_{ij}, \quad (1)$$

es decir, K_{ij} representa la probabilidad de que cualquier objeto pase de la categoría i a la categoría j , y se denota a $K = (K_{ij})$ como la matriz de transición.

Observación 1 *Observe que para cada $n \in [N]$, el proceso $\{X_n^N(t)\}_{t \leq T}$ es una cadena de Markov homogénea en el tiempo, por la transición dada en [7].*

Claramente el hecho que N sea grande es un obstáculo para analizar el comportamiento y evolución de cada objeto de manera individual. En este sentido, asumiendo que los objetos son distinguibles únicamente por la categoría en la que se encuentran, y considerando que K no depende de N , el comportamiento de la población puede ser analizado de una forma global por medio de las proporciones de los objetos en cada categoría. Sea $M_i^N(t)$ sea la proporción de objetos en la categoría $i \in S$ en el tiempo $t \leq T$ definida como:

$$M_i^N(t) := \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N I_{[X_n^N(t)=i]}$$

y $M^N(t)$ es el vector de proporciones

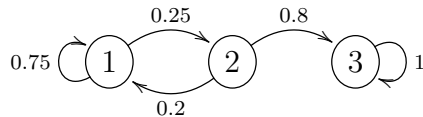
$$M^N(t) = (M_1^N(t), M_2^N(t), \dots, M_s^N(t)),$$

el cual representa el estado de la población o simplemente el estado de la población al tiempo t . Notemos que cada $M^N(t)$ pertenece al conjunto $\mathbb{P}_N := \{p \in \mathbb{P}(S) : Np(i) \in \mathbb{N}_0, \forall i \in S\}$.

Con el fin de comprender mejor la propuesta de este modelo y ubicar cada uno de los elementos presentados hasta el momento, se propone el siguiente ejemplo.

Ejemplo 1 *Considere una población compuesta por $N = 1,000,000$ seres vivos los cuales se pueden clasificar de acuerdo a cierta enfermedad en susceptible, infectado y muerto y donde la evolución de cada individuo está dada en el siguiente diagrama.*

1 := Susceptible 2 := Infectado 3 := Muerto



Observe que $S = \{1, 2, 3\}$ y la correspondiente matriz de transición está dada como:

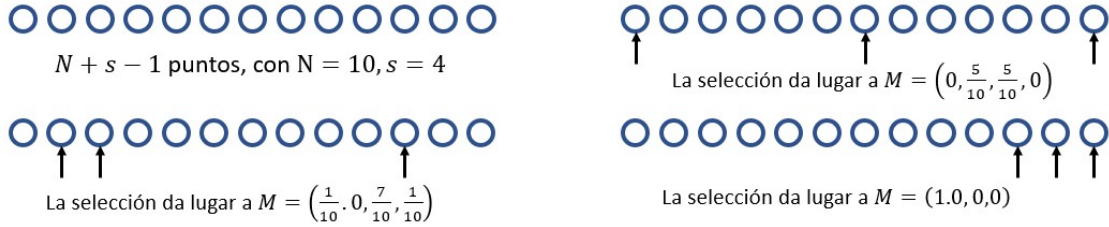
$$K = \begin{pmatrix} 0.75 & 0.25 & 0 \\ 0.2 & 0 & 0.8 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Suponga además que $X_n^N(0) = 1$ para $n = 1, \dots, 900000$ y $X_n^N(0) = 2$ para $n = 900001, \dots, N$, es decir 900000 individuos inician en condición susceptibles y 100000 infectados. De manera que $M_1^N(0) = 0.9$, $M_2^N(0) = 0.1$ y $M_3^N(0) = 0$, dando lugar al vector $M^N(0) = (0.9, 0.1, 0)$.

Observación 2

- La suma de las entradas de $M^N(t) = (M_1^N(t), M_2^N(t), \dots, M_s^N(t)) \in \mathbb{P}_N$ es 1 para cada t por lo tanto $M^N(t)$ es una medida de probabilidad en S .
- El conjunto \mathbb{P}_N es finito y tiene cardinalidad C_{s-1}^{N+s-1} .

Determinar la cardinalidad se puede visualizar de la siguiente manera. Considere una colección de $N + s - 1$ puntos ordenados y observe que cada selección de $s - 1$ define un elemento de \mathbb{P}_N . Esto porque cada selección de $s - 1$ puntos divide al conjunto de N puntos en s grupos y cada uno representa el número de objetos en una categoría, consecuentemente se tiene un elemento de \mathbb{P}_N . Como ejemplo vea la siguiente imagen.



Por lo tanto, el número total de elementos de \mathbb{P}_N es C_{s-1}^{N+s-1} .

Por otra parte, en [2] los autores demuestran que el proceso $\{M^N(t)\}$, $t \leq T$ es una cadena de Markov finita. De hecho, al ser una cadena de Markov finita, existe una función medible $G^N : \mathbb{P}_N \times \mathbb{R}^N \rightarrow \mathbb{P}_N$ tal que

$$M^N(t + 1) = G^N(M^N(t), w_t), \quad t \leq T \tag{2}$$

donde $\{w_t\}$ es un vector aleatorio en \mathbb{R}^N con una distribución común θ .

Aplicando técnicas de simulación de Montecarlo se puede obtener una forma explícita de G^N como se procede a continuación. Considerare s particiones del intervalo $[0, 1]$ dadas por las filas de $K = (K_{ij})$. Para cada $i, j \in S$, sea

$$\Delta_{ij} := [\psi_{ij}, \psi_{ij+1}] \subseteq [0, 1] \tag{3}$$

donde

$$\psi_{ij} := \sum_{l=1}^{j-1} K_{il}. \tag{4}$$

Note que la longitud del intervalo Δ_{ij} representa la probabilidad de que el objeto se mueva de la categoría i a la categoría j .

Ahora, continuando con el procedimiento de simulación, se definen en cada tiempo N variables aleatorias independientes idénticamente distribuidas (i.i.d.) con distribución uniforme en $[0,1]$, las cuales simularán el movimiento de cada objeto entre las categorías. Tales



variables aleatorias deben ser identificadas de acuerdo con la categoría donde un objeto se encuentre actualmente ubicado. Es por ello que, para cada tiempo, se define el vector

$$w_t := (w^1(t), \dots, w^s(t)),$$

con $w^i(t) := (w_i^1(t), \dots, w_{NM_i^N(t)}^i(t))$, $i \in S$ y $w_i^k(t) \sim Unif[0, 1]$. Note que $w^i(t)$ es un vector con tantas entradas como número de objetos que se encuentran en la categoría i al tiempo t . Esta longitud varía de tiempo en tiempo pero no la longitud de w_t , el cual un vector en $[0, 1]^N$.

Una vez ubicado al vector w_t , la proporción de objetos en la categoría j al tiempo $t + 1$ toma la forma:

$$M_j^N(t+1) := \frac{1}{N} \sum_{i=1}^s \sum_{n=1}^{NM_i^N(t)} I_{\Delta_{ij}}(w_n^i(t)), j \in S.$$

Por lo anterior, la función G^N queda definida como

$$G^N(m, w) = (G_1^N(m, w), \dots, G_s^N(m, w)) \quad (5)$$

con $(m, w) \in \mathbb{P}_N \times [0, 1]^N$, donde

$$G_j^N(m, w) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^s \sum_{n=1}^{Nm_i} I_{\Delta_{ij}}(w_n^i), j \in S,$$

para $m = (m_1, m_2, \dots, m_s) \in \mathbb{P}_N$.

De aquí en adelante fijaremos la función G^N en [\(5\)](#) para describir la dinámica del proceso $\{M^N(t)\}$ entre un par de tiempos consecutivos.

La evolución de la población hasta el tiempo T queda de la siguiente forma. Al tiempo t se observa el $m = M^N(t) \in \mathbb{P}_N$ que representa en estado de la población. Después, al tiempo $t + 1$, la población pasa a un nuevo estado $m' = M^N(t + 1)$ dada la siguiente ley de transición.

$$\begin{aligned} Q(D|m) &:= P[M^N(t+1) \in D | M^N(t) = m] \\ &= \theta(\{w : G^N(m, w) \in D\}) \\ &= \int_{[0,1]^N} I_D[G^N(m, w)] \theta(dw), D \in \mathcal{B}(\mathbb{P}_N). \end{aligned} \quad (6)$$

De manera que, dado un estado inicial fijo $m = M^N(0) \in \mathbb{P}_N$, el proceso $\{M^N(t)\}_{t \leq T}$ está definido en el espacio de probabilidad $(\Omega', \mathcal{B}(\Omega'), P_m)$ con $\Omega' = (\mathbb{P}_N)^{T+1}$ y P_m definida de la siguiente manera (ver Subsección 2.1.6 de [\[10\]](#))

$$P_m(m, M^N(1), \dots, M^N(T)) = Q(M^N(1)|m)Q(M^N(2)|M^N(1)) \cdots Q(M^N(T)|M^N(T-1)). \quad (7)$$

Para fines prácticos, la caracterización de G^N en (5) es de gran utilidad para la simulación del sistema.

En el siguiente código se muestra una forma de simulación de la población del Ejemplo 1; se considera que estado inicial es $M^N(0) = (0.9, 0.1, 0)$ (el cual puede modificarse) y para su funcionamiento se solicitan los valores de N , T y el número de simulaciones que se desea. Como salida se obtiene un conjunto de vectores de proporción referente a la trayectoria de cada una de las simulaciones.

```

from functools import reduce
import numpy as np
import math as m
import matplotlib.pyplot as plt

# Definiciones
PROPORCIONES = np.array([0.9, 0.1, 0], dtype = np.float64)
mT = np.array([[0.75,0.25,0],[0.2,0,0.8],[0,0,1]], dtype=np.float64)
rng = np.random.default_rng()

# Funciones
def demo():
    # Entrada de variables y calculos previos
    pN = np.uint64(input("Poblacion total: "))
    Tiempo = np.uint64(input("Tiempo: "))
    n_simulaciones = np.uint16(input("Numero de simulaciones: "))
    arregloP = np.array(PROPORCIONES*pN, dtype = np.uint64)

    # Simulacion de Modelo de poblacion compuesta
    resultados_tipo_1 = []
    for _ in range(n_simulaciones):
        resultados_tipo_1.append(M_simulation(arregloP, Tiempo))
    proporciones_tipo_1 =[resultado/pN for resultado in resultados_tipo_1]

def M_step(poblaciones):
    ps_list = []
    new_poblaciones = np.zeros(3, dtype = np.uint64)
    for tipo, poblacion in enumerate(poblaciones):
        ps_list.append(rng.choice(3, poblacion, p = mT[tipo]))

    # Esta seccion es para evitar errores de cambio de forma del arreglo
    ps = reduce(lambda x,y: np.concatenate((x,y),axis=None),ps_list)
    counts_per_type = np.unique(ps, return_counts = True)
    for i, pob_type in enumerate(counts_per_type[0]):
        new_poblaciones[pob_type] = counts_per_type[1][i]

    return new_poblaciones

def M_simulation(poblaciones, max_steps):
    history = np.empty((max_steps, 3), dtype = np.uint64)
    history = np.vstack((poblaciones, history))
    for t in range(max_steps):
        history[t + 1] = M_step(history[t])

```

```

    return history

# Programa Principal
if __name__ == "__main__":
    demo()

```

3. Modelo de campo medio

Recuerde que $M^N(t) = (M_1^N(t), M_2^N(t), \dots, M_s^N(t))$ es un vector en \mathbb{P}_N cuyos componentes representan la proporción de objetos correspondientes en cada tiempo t . Lo que se busca en esta sección es proponer un modelo para la población que, de cierta manera, simplifique la complejidad del modelo estocástico propuesto anteriormente ya que se involucran dinámicas con integrales del orden $N \sim \infty$, vea (6) y (7).

Como motivación para el modelo que está por definirse, se propone el siguiente resultado.

Proposición 1 *El conjunto $\mathbb{P}(S)$ es un espacio completo bajo la métrica inducida por $\|\cdot\|_\infty$.*

Demostración 1 *Se demostrará que $\mathbb{P}(S)$ tiene un subconjunto denso y numerable D . Sea $D = \bigcup_{N=1}^{\infty} \mathbb{P}_N$, es claro que D es numerable ya que cada conjunto \mathbb{P}_N es finito (vea Observación 2).*

Ahora, falta verificar que D es denso. Sea $p = (p_1, p_2, \dots, p_s) \in \mathbb{P}(S)$ y $\epsilon > 0$, entonces existe un $N' \in \mathbb{N}$ tal que $\frac{1}{N'} < \frac{\epsilon}{s-1}$ y racionales $p_i^{N'}$, $i = 1, 2, \dots, s-1$ tales que

$$|p_i - p_i^{N'}| \leq \frac{1}{N'} < \frac{\epsilon}{s-1} < \epsilon,$$

y para $p_s = 1 - p_1 - \dots - p_{s-1}$ y $p_s^{N'} = 1 - p_1^{N'} - \dots - p_{s-1}^{N'}$ se cumple

$$|p_s - p_s^{N'}| = |1 - p_1 - \dots - p_{s-1} - 1 + p_1^{N'} - \dots + p_{s-1}^{N'}| \leq \frac{s-1}{N'} < \epsilon.$$

Por lo que $p^{N'} = (p_1^{N'}, p_2^{N'}, \dots, 1 - p_1^{N'} - \dots - p_{s-1}^{N'}) \in \mathbb{P}_{N'}$ y $d_\infty(p, p^{N'}) := \|p - p^{N'}\|_\infty < \epsilon$. Es decir para cualquier $p \in \mathbb{P}(S)$ existe un elemento de D lo suficientemente cercano a p . Por lo tanto D es denso.

El considerar poblaciones de tamaño N muy grandes, la proposición anterior nos motiva a considerar estados de la población de la forma $m(t) = (m_1(t), m_2(t), \dots, m_s(t)) \in \mathbb{P}(S)$, donde $m_i(t)$ representa la probabilidad de que un objeto esté en la categoría i al tiempo t . Por tanto, considerando el movimiento de los objetos entre las categorías dadas por la matriz de transición $K = (K_{ij})$ se busca que $m_j(t+1)$ tome la forma

$$m_j(t+1) = \sum_{i=1}^s m_i(t) K_{ij},$$

definiendo así la dinámica de $m(t)$. Formalizamos lo anterior como sigue. Sea $G : \mathbb{P}(S) \rightarrow \mathbb{P}(S)$ la función definida como

$$G(m) := mK \quad (8)$$

donde K es la matriz de transición en [\[1\]](#) y se considera el proceso de estados $m(t) \in \mathbb{P}(S)$ que evoluciona de acuerdo a la ecuación en diferencias

$$m(t+1) = G(m(t)) = m(t)K \quad (9)$$

dadas las condiciones iniciales $m(0) = m \in \mathbb{P}(S)$. Al proceso $\{m(t)\}_{t \leq T}$ se le llama modelo de campo medio.

Del mismo modo que en la sección anterior, con el fin de identificar los elementos y dinámica del modelo de campo medio, se presenta una continuación del Ejemplo [\[1\]](#).

Ejemplo 2 Considerando el Ejemplo 1, donde $S = \{1, 2, 3\}$, la matriz de transición

$$K = \begin{pmatrix} 0.75 & 0.25 & 0 \\ 0.2 & 0 & 0.8 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

y $m(0) = (0.9, 0.1, 0) \in \mathbb{P}(S)$. La evolución del proceso de campo medio $\{m(t)\}_{t \leq T}$ con la dinámica [\[8\]](#) es como sigue:

- $m(0) = (0.9, 0.1, 0) \in \mathbb{P}(S)$.

- $m(1) = m(0)K = (0.9, 0.1, 0) \begin{pmatrix} 0.75 & 0.25 & 0 \\ 0.2 & 0 & 0.8 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} = (0.695, 0.225, 0.08) \in \mathbb{P}(S)$.

- $m(2) = m(1)K = (0.695, 0.225, 0.08) \begin{pmatrix} 0.75 & 0.25 & 0 \\ 0.2 & 0 & 0.8 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} = (0.56625, 0.17375, 0.26)$.

- $m(3) = (0.56625, 0.17375, 0.26) \begin{pmatrix} 0.75 & 0.25 & 0 \\ 0.2 & 0 & 0.8 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} = (0.4594375, 0.1415625, 0.399)$.

- ... y así continua hasta el tiempo T .

Observe que el estado de la población al tiempo $t = 3$ es $(0.4594375, 0.1415625, 0.399)$, es decir la proporción de la población que se encuentra en la categoría 1 es 0.4594375 , la proporción de la población que se encuentra en la categoría 2 es 0.1415625 y la proporción de la población que se encuentra en la categoría 3 es 0.399 . En esta situación, a pesar de haber iniciado la población con 0 “Muertos”, se puede ver que en 3 tiempos ya se tiene un incremento muy grande.

El siguiente código es una opción para automatizar los cálculos hechos en Ejemplo [\[2\]](#) para obtener $m(1), m(2), \dots$ hasta el tiempo T .

```

from functools import reduce
import numpy as np
import math as m
import matplotlib.pyplot as plt

# Definiciones
PROPORCIONES = np.array([0.9, 0.1, 0], dtype = np.float64)
mT = np.array([[0.75, 0.25, 0], [0.2, 0, 0.8], [0, 0, 1]], dtype=np.float64)

# Funciones
def demo():
    # Entrada de variables y calculos previos
    pN = np.uint64(input("Poblacion total: "))
    Tiempo = np.uint64(input("Tiempo: "))
    arregloP = np.array(PROPORCIONES*pN, dtype = np.uint64)
    # Simulacion de Modelo de campo medio
    resultados_tipo_2 = markov_calculation(arregloP, Tiempo)
    proporciones_tipo_2 = resultados_tipo_2/pN

def markov_calculation(poblaciones, max_steps):
    history = np.empty((max_steps, 3), dtype = np.uint64)
    history = np.vstack((poblaciones, history))
    for t in range(max_steps):
        history[t+1]=np.dot(poblaciones, np.linalg.matrix_power(mT, t+1))

    return history

# Programa Principal
if __name__ == "__main__":
    demo()

```

A pesar de que este es un modelo con espacio de estados $\mathbb{P}(S)$ que ya no es finito, parte de las bondades es que este modelo es determinista. Es decir una vez identificados los elementos necesarios y las condiciones iniciales la trayectoria del proceso está completamente determinada.

4. Relación entre los procesos de la N -población y el de campo medio

Finalmente se tienen las condiciones de enunciar el resultado que indica la relación entre los procesos $\{M^N(t)\} \in \mathbb{P}_N$ y $\{m(t)\} \in \mathbb{P}(S)$.

Teorema 1 *Suponga que $M^N(0) = m \in \mathbb{P}_N$ y $m(0) = m' \in \mathbb{P}(S)$ y defina $\delta := \|m - m'\|_\infty$, entonces existe una función $\mu_T(\epsilon, \delta)$, donde $\mu_T(\epsilon, \delta) \rightarrow 0$ cuando $\epsilon \rightarrow 0^+$ y $\delta \rightarrow 0$, tal que:*

(a) Para cualquier $\epsilon > 0$,

$$P_m \left\{ \sup_{0 \leq t \leq T} \|M^N(t) - m(t)\|_\infty > \mu_T(\epsilon, \delta) \right\} \leq 2Te^{-2N\epsilon^2} \quad (10)$$

(b) Además, para cada $m \in \mathbb{P}_N$ y $\epsilon > 0$

$$E_m \left[\sup_{0 \leq t \leq T} \|M^N(t) - m(t)\|_\infty \right] \leq 2Te^{-2N\epsilon^2} + \mu_T(\epsilon, \delta) \tag{11}$$

donde P_m es la medida de probabilidad definida en (7) y E_m el respectivo operador esperanza.

El Teorema 1 muestra que para una población lo suficientemente grande, el proceso $\{m(t)\}$ resulta ser una buena aproximación para el proceso estocástico $\{M^N(t)\}$. Para la demostración de este resultado se tomará como referencia lo realizado en [3, 4, 6] en donde el resultado considera el mismo estado inicial pero para situaciones de control estocástico y teoría de juegos.

En las siguientes figuras se pueden comparar los vectores de proporción de ambos modelos cuando $M^N(0) = m(0) = (0.9, 0.1, 0)$ durante los tiempos $t = 1, 2, 3$ de los Ejemplos 1 y 2, usando los códigos correspondientes a cada modelo que fueron presentados en secciones previas.

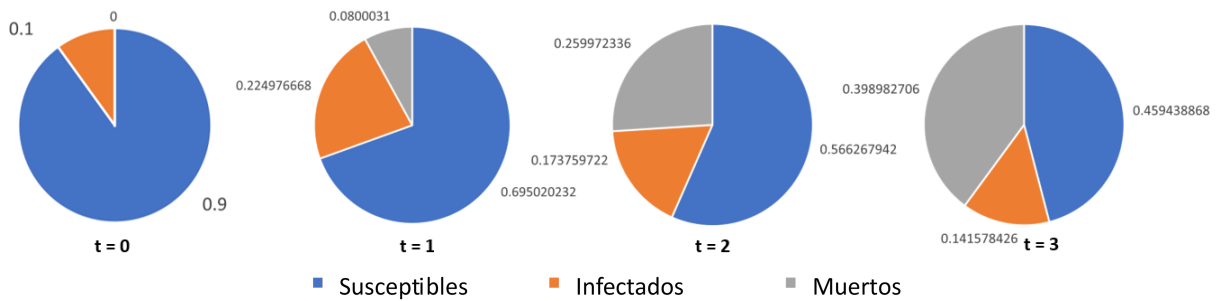


Figura 1: Simulación de la población

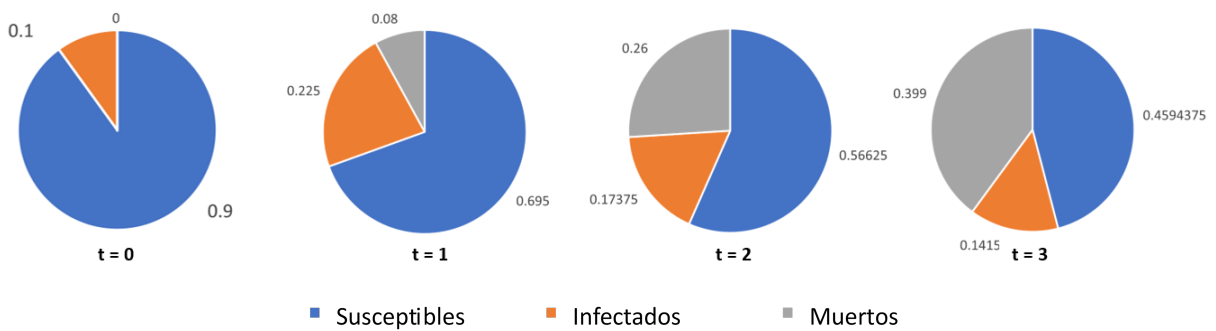


Figura 2: Evolución de la población con el modelos de campo medio



5. Prueba del Teorema 1

Sea $M^N(0) = m \in \mathbb{P}_N$ y $m(0) = m' \in \mathbb{P}(S)$ las condiciones iniciales. Definimos $\gamma_0 := \|m - m'\|_\infty$ t una colección de N variables aleatorias

$$B_{inj}^N(t) := I_{\Delta_{ij}}(w_n^i), i, j \in S, n \in \mathbb{N}$$

donde w_n^i son variables aleatorias i.i.d. con distribución uniforme en $[0,1]$. Por tanto, para cada $t \leq T$, $\{B_{inj}^N\}_{inj}$ es una familia de variables aleatorias independientes con distribución *Bernoulli*(K_{ij}) y con media

$$E_m [B_{inj}^N(t)] = K_{ij}.$$

De la desigualdad de Hoeffding (ver ecuación (2.6) en [7]), para una $\epsilon > 0$ fija, se tiene que para cada $t \leq T, i, j \in S$,

$$P_m \left[\left| \sum_{n=1}^{NM_i^N(t)} B_{inj}^N(t) K_{ij} - NM_i^N(t) \right| < N\epsilon \right] > 1 - 2e^{-2N\epsilon^2}. \quad (12)$$

Por otra parte, sea

$$\bar{\Omega} = \left\{ w \in \Omega' : \left| \sum_{n=1}^{NM_i^N(t)} B_{inj}^N(t) K_{ij} - NM_i^N(t) \right| < N\epsilon \right\}.$$

Observe que por (12), $P_m(\bar{\Omega}) \rightarrow 1$ cuando $N \rightarrow \infty$.

Ahora se demostrará que en el conjunto $\bar{\Omega}$ se satisface

$$\|M^N(t) - m(t)\|_\infty \leq \mu_t(\epsilon, \gamma_0) \quad t \leq T,$$

con $\{\mu_t(\epsilon, \gamma_0)\}_{t \leq T}$ una familia de funciones definida como sigue

$$\mu_0(\epsilon, \gamma_0) = \gamma_0; \quad \mu_t(\epsilon, \gamma_0) = s\epsilon \sum_{l=0}^{t-1} s^l + \gamma_0 s^t.$$

Note que la sucesión de funciones $\{\mu_t\}$ satisface las condiciones del teorema y además es creciente en t .

Se procederá por inducción.

Para $t=0$, se tiene $\|M^N(0) - m(0)\| = \gamma_0$. Ahora suponga que

$$\|M^N(k) - m(k)\|_\infty \leq \mu_k(\epsilon)$$

para algún $k \leq T$. Así, para cada $j \in S$

$$\begin{aligned}
|M_j^N(k+1) - m_j(k+1)| &= \left| \sum_{i=1}^s \frac{1}{N} \left[\sum_{n=1}^{NM_i^N(k)} B_{inj}^N(k) - Nm_i(k) - Nm_i(k)K_{ij} \right] \right| \\
&\leq \sum_{i=1}^s \frac{1}{N} \left| \sum_{n=1}^{NM_i^N(k)} B_{inj}^N(k) - Nm_i(k) - Nm_i(k)K_{ij} \right| \\
&\leq \sum_{i=1}^s \frac{1}{N} \left| \sum_{n=1}^{NM_i^N(k)} B_{inj}^N(k) - NM_i^N(k)K_{ij} \right| \\
&\quad + \sum_{i=1}^s |M_i^N(k) - m_i(k)|K_{ij} \\
&\leq s\epsilon + s\mu_k(\epsilon, \gamma_0) = s\epsilon + s^2\epsilon \sum_{l=0}^{k-1} s^l + s^{k+1}\gamma_0 = s\epsilon \sum_{l=0}^k s^l + s^{k+1}\gamma_0 = \mu_{k+1}(\epsilon).
\end{aligned}$$

Entonces, $|M_j^N(k+1) - m_j(k+1)| \leq \mu_{k+1}(\epsilon)$ en $\bar{\Omega}$. Así, mediante un proceso inductivo sobre T y por (12), se tiene

$$P_m \left[\sup_{0 \leq t \leq T} \|M^N(t) - m(t)\|_\infty < \mu_T(\epsilon, \gamma_0) \right] \geq 1 - 2Te^{-2N\epsilon^2}.$$

(b) Se denota por $M_T := \sup_{0 \leq t \leq T} \|M^N(t) - m(t)\|_\infty$. Para cada $m \in \mathbb{P}_N, T \in \mathbb{N}$ y $\epsilon > 0, \gamma_0 > 0$, ya que $M_T \leq 1$ se tiene

$$\begin{aligned}
E_m[M_T] &= E_m[M_T I_{[M_T > \mu_T(\epsilon, \gamma_0)]} + M_T I_{(Y_T \leq \mu_T(\epsilon, \gamma_0))}] \\
&\leq P_m(M_T > \mu_T(\epsilon, \gamma_0)) + \mu_T(\epsilon, \gamma_0) P_m(M_T \leq \mu_T(\epsilon)).
\end{aligned}$$

Por lo tanto $E_m[M_T] \leq 2Te^{-2N\epsilon^2} + \mu_T(\epsilon, \gamma_0)$. ■

6. Conclusiones

En este trabajo los autores han propuesto un modelo para estudiar el comportamiento de una población compuesta por una gran cantidad de objetos que evoluciona en un tiempo discreto hasta un horizonte finito T . También se ha construido un modelo de campo medio que resulta ser un modelo aproximante en un sentido asintótico, según lo establecido en el Teorema 1.

Los resultados de los trabajos [3, 4, 6] fueron base para la adaptación, bajo el escenario propuesto, de la demostración del Teorema 1, así como una mejora al incluir la posibilidad de que ambos procesos inicien en estados diferentes. Además como otra aportación se realiza una simulación del proceso estocástico mediante la programación de la función G^N y se compara con el modelo de campo medio con el fin de visualizar y comprobar los resultados esperados en el ejemplo analizado a lo largo del trabajo.

Referencias

- [1] J. Doncel, N. Gast, and B. Gaujal, "Vaccination in a large population: Mean field equilibrium versus social optimum," in *Network Games, Control and Optimization: 10th International Conference, NetGCooP 2020, France, September 22–24, 2021, Proceedings 10*. Springer, 2021. DOI: 10.1007/978-3-030-87473-5_6 pp. 51–59.
- [2] N. Gast and B. Gaujal, "A mean field approach for optimization in discrete time," *Discrete Event Dynamic Systems*, vol. 21, no. 1, pp. 63–101, 2011. DOI: 10.1007/s10626-010-0094-3
- [3] C. G. Higuera-Chan, "Approximation and mean field control of systems of large populations," in *Advances in Probability and Mathematical Statistics: CLAPEM 2019, Mérida, Mexico*. Springer, 2021, pp. 103–122.
- [4] C. G. Higuera-Chan, H. Jasso-Fuentes, and J. A. Minjárez-Sosa, "Discrete-time control for systems of interacting objects with unknown random disturbance distributions: a mean field approach," *Applied Mathematics & Optimization*, vol. 74, no. 1, pp. 197–227, 2016. DOI: 10.1007/s00245-015-9312-6
- [5] C. G. Higuera-Chan, L. R. Laura-Guarachi, and J. A. Minjárez-Sosa, "Stochastic mitrawan forestry models analyzed as a mean field optimal control problem," *Mathematical Methods of Operations Research*, vol. 98, no. 2, pp. 169–203, 2023. DOI: 10.1007/s00186-023-00832-1
- [6] C. G. Higuera-Chan and J. A. Minjárez-Sosa, "A mean field approach for discounted zero-sum games in a class of systems of interacting objects," *Dynamic Games and Applications*, vol. 11, no. 3, pp. 512–537, 2021. DOI: 10.1007/s13235-021-00377-0
- [7] W. Hoeffding, "Probability inequalities for sums of bounded random variables," *The collected works of Wassily Hoeffding*, pp. 409–426, 1994. DOI: 10.2307/2282952
- [8] J.-M. Lasry and P.-L. Lions, "Mean field games," *Japanese journal of mathematics*, vol. 2, no. 1, pp. 229–260, 2007. DOI: 10.1007/s11537-007-0657-8
- [9] M. E. Martínez Manzanarez, "Modelos de control en sistemas estocásticos de interacción de objetos bajo un enfoque de campo medio," Master's thesis, Departamento de Matemáticas, Universidad de Sonora, 2020. [Online]. Available: <https://posgrado.mat.uson.mx/tesis/maestria/maria.elena.martinez.pdf>
- [10] M. L. Puterman, *Markov decision processes: discrete stochastic dynamic programming*. John Wiley & Sons, 2014.

Como citar este artículo: C. G. Higuera Chan, G. Miranda Gámez, y N. Ramos-Valenzuela, "Estudio de poblaciones con un enfoque de campo medio", *Sahuarus. Revista Electrónica de Matemática*, vol. 7, no. 2, pp. 1–13, 2023. <https://doi.org/110.36788/sah.v7i2.143>

Códigos cíclicos para desarrollar algoritmos de ADN

Nayeli Adriana González Martínez¹ y Adolfo Maceda Méndez²

Universidad Tecnológica de la Mixteca.

¹gonaye06@hotmail.com, ²admm@mixteco.utm.mx

Resumen

La computación del ADN es una forma de computación que usa moléculas de ADN y moléculas biológicas en lugar de las tecnologías informáticas tradicionales basadas en silicio, una de las razones por las que empezó a ser interesante estudiar la computación del ADN es que un sólo gramo de ADN con un volumen de 1 cm^3 puede contener tanta información como un billón de discos compactos, aproximadamente 750 terabytes. Otra característica importante de los procesos del ADN es la capacidad de realizar muchas operaciones en paralelo, lo que es posible gracias a la capacidad de replicación del ADN. Richard Feynman introdujo por primera vez el cálculo molecular a principios de 1960, pero fue hasta 1994 cuando Leonard Adleman, de la Universidad del Sur de California, demostró un uso del ADN para resolver el problema Hamiltoniano de 7 puntos. Después de su trabajo, diversos investigadores han encontrado nuevas aplicaciones para la computación del ADN, y en diversas áreas se ha descubierto la importancia de llevar los cálculos a nivel molecular. El objetivo del artículo es mostrar cómo se utiliza la teoría de campos finitos para construir códigos cíclicos que permiten modelar la estructura del ADN. Esta modelación es importante porque se conocen algoritmos basados en ADN que permiten resolver, mediante procesos químicos, algunos problemas clásicos como el del árbol de expansión mínima y el del coloreado de una gráfica con tres colores. Actualmente, se están desarrollando simulaciones de estos algoritmos mediante computadoras.

Palabras Clave: Códigos aditivos, Códigos lineales, Computación del ADN.

DOI: 10.36788/sah.v7i2.141

Recibido: 21 de junio del 2023.

Aceptado: 27 de noviembre del 2023.

1. Introducción

El ADN es una molécula de gran tamaño que almacena y transmite toda la información necesaria para el desarrollo de todas las funciones biológicas necesarias para un organismo, está formado por una unión paralela de dos cadenas, cada cadena formada por cuatro diferentes nucleótidos: Adenina, Guanina, Timina y Citosina. Su estructura fue dilucidada en 1953 por los científicos Watson y Crick, descubrimiento que años más tarde los haría ganadores del premio Nobel [8].

Una hebra simple de ADN es una sucesión de los cuatro nucleótidos mencionados, cuyos extremos son químicamente polares y son llamados extremos 5' y 3'. El complemento Watson-Crick de una hebra de ADN se obtiene al reemplazar Adenina por Timina y viceversa; cada Guanina con Citosina y viceversa; e intercambiar los extremos 3' y 5'. Una hebra simple se une a su complemento Watson-Crick por medio de un proceso denominado hibridación específica, formando así la estructura conocida como doble hélice de ADN.

La computación del ADN ofrece grandes ventajas a los investigadores debido a la gran capacidad de almacenamiento de información, y a la realización de procesos en paralelo, sin embargo, su potencial se limita precisamente por la composición química del ADN. Varios autores han propuesto diferentes técnicas para construir un conjunto de palabras código de ADN que es poco probable que formen enlaces indeseables entre sí por hibridación.

El objetivo de este trabajo es usar la teoría de códigos cíclicos para construir códigos que son adecuados para la computación del ADN, en particular construimos códigos lineales y aditivos sobre $GF(4)$, que son adecuados para esta aplicación, basándonos en el artículo de Abualrub [1].

Este trabajo está estructurado de la siguiente manera: En la sección 2 se explica brevemente qué es la computación del ADN y el proceso de hibridación de las hebras de ADN para entender por qué el interés de construir estas codificaciones, en la sección 3 se exponen algunos conceptos de teoría de códigos que son básicos para entender cómo son los códigos que permitirían implementar los algoritmos de ADN. En la sección 4 se construyen códigos usando campos finitos. En la sección 5, se construyen códigos adecuados para la computación del ADN y finalmente en la sección 6 se construyen códigos aditivos de longitud 7 que mejoran los algoritmos de ADN.

2. La computación del ADN

La computación del ADN inició en 1994 cuando Leonard Adleman resolvió el problema de encontrar un camino Hamiltoniano de 7 puntos dada una gráfica mediante manipulaciones de moléculas de ADN en un tubo de ensayo. Adleman encontró una ruta que pasa por todos los vértices de la gráfica exactamente una vez. Este problema debido a su complejidad pertenece a los denominados problemas NP-completos, los cuales son muy difíciles de resolver, pues no se pueden resolver en tiempo polinomial.

Después del trabajo de Adleman, diversos investigadores han utilizado la computación del ADN como método para resolver problemas complejos de diferentes áreas. Por ejemplo, las codificaciones de ADN han sido utilizadas para resolver diversos problemas como:

- El árbol de expansión mínima ([4]).
- La ruta más corta en una gráfica ([3]).
- El coloreado de una gráfica con tres colores ([3]).
- El problema del conjunto dominante ([3]).

Sin embargo, para poder realizar estos algoritmos mediante la computación del ADN es necesario contar con una codificación del ADN que sea útil y que dé como resultado el mínimo de enlaces indeseables posibles.

La computación del ADN ofrece ciertas ventajas, como la gran capacidad de almacenamiento de las moléculas de ADN, pues un gramo de ADN puede contener alrededor de 750 terabytes. Además, algo que ha llamado la atención de los investigadores es la capacidad del ADN de realizar muchos procesos en paralelo, esto se debe a la capacidad de replicación del ADN, y constituye una importante ventaja pues disminuye el tiempo de respuesta, al hacer simultáneamente varios procesos.

El potencial de la computación del ADN se ve limitado por su estructura química, debido a que el ADN es una doble hélice, formada por una hebra simple de ADN y su complemento Watson-Crick, unidos mediante hibridación específica, pues al formarse la doble hélice pueden ocurrir errores y dar como resultado cadenas de ADN que no funcionan, es decir, se obtienen falsos positivos o falsos negativos. Los falsos positivos resultan cuando se da la hibridación no específica, es decir, se une una hebra de ADN con el complemento Watson-Crick de una hebra diferente. La hibridación no específica también ocurre cuando se une una hebra de ADN con el reverso de una hebra distinta. Un falso negativo ocurre cuando no se da la hibridación entre una hebra y su complemento Watson-Crick.

Diversos autores han propuesto diferentes técnicas para construir conjuntos de cadenas de ADN en los cuales sea poco probable que se den enlaces indeseables por hibridación [2], [7]. En este trabajo se construyen códigos aditivos sobre $GF(4)$. La principal ventaja de utilizar códigos aditivos sobre códigos lineales es que para la misma longitud de código hay más códigos aditivos que lineales, además, es más probable encontrar códigos aditivos que tengan más palabras código que un código lineal con la misma distancia de Hamming [1].

Ejemplo 2.1 Consideremos códigos de longitud 3 y distancia 2 sobre el campo finito \mathbb{Z}_2 :

- $C_1 = \{000, 011, 101, 110\}$
- $C_2 = \{011, 101, 110\}$
- $C_3 = \{000, 101, 110\}$
- $C_4 = \{000, 011, 110\}$
- $C_5 = \{000, 011, 101\}$
- $C_6 = \{000, 011\}$
- $C_7 = \{000, 101\}$
- $C_8 = \{000, 110\}$
- $C_9 = \{011, 101\}$
- $C_{10} = \{011, 110\}$

- $C_{11} = \{101, 110\}$

De los cuales C_1, C_6, C_7 y C_8 son lineales y $C_1, C_2, C_6, C_7,$ y C_8 son aditivos. Es decir, hay más códigos aditivos que lineales, y encontramos que C_2 , el cual es aditivo, tiene más palabras código que C_6, C_7 y C_8 .

3. Conceptos principales de teoría de códigos

La teoría de códigos es una especialidad matemática que trata de las leyes de la codificación de la información. A grandes rasgos, codificar es transformar una información en una señal convenida para su comunicación. Decodificar sería el proceso inverso y complementario del anterior por el cual la señal comunicada es transformada en la información original [10].

Para poder entender un poco acerca de los códigos de los cuales trataremos en este trabajo, necesitamos las siguientes definiciones:

Definición 3.1 *Un alfabeto es un conjunto finito $\mathcal{A} = \{a_1, a_2, \dots, a_q\}$ cuyos elementos son llamados símbolos y q (el número de elementos de \mathcal{A}) es llamado la raíz de \mathcal{A} .*

A partir de los elementos de un alfabeto, se tiene lo siguiente:

Definición 3.2 *Una palabra de longitud n sobre \mathcal{A} es una sucesión de n elementos de \mathcal{A} ; en general, escribiremos las palabras de la siguiente forma:*

$$a = a_{i_1}a_{i_2} \dots a_{i_n}, \quad a_{i_k} \in \mathcal{A}, k = 1, 2, 3, \dots, n.$$

Denotaremos por \mathcal{A}^n a todas las palabras de longitud n y por \mathcal{A}^* , al conjunto que contiene a todas las palabras, es decir,

$$\mathcal{A}^* = \bigcup_{n \in \mathbb{N}} \mathcal{A}^n.$$

Definición 3.3 *Si $\mathcal{A} = \{a_1, a_2, \dots, a_q\}$ es un alfabeto, un código q -ario sobre \mathcal{A} es un subconjunto C de \mathcal{A}^* . Los elementos de C son llamadas palabras código. El número $M = |C|$, el cardinal de C , es llamado tamaño del código.*

Se tienen dos tipos de códigos según la longitud de sus palabras,

- Códigos de bloque: La longitud de todas las palabras es la misma, y se dice que tiene parámetros (n, M) , donde n es la longitud de las palabras y M es el tamaño del código.
- Códigos de longitud variable: Está conformado por palabras de diferente longitud.

En este trabajo sólo utilizaremos palabras de longitud fija, por lo que siempre que nos refiramos a un código, se asumirá que se trata de un código de bloque.

Consideremos una secuencia de información $u_0u_1u_2u_3\dots$ de símbolos de información u_i tomados de un alfabeto \mathcal{A} . Si agrupamos esta secuencia en bloques de longitud k de la siguiente manera:

$$\underbrace{u_0u_1\dots u_{k-1}}_{\text{bloqueo 1}} \underbrace{u_ku_{k+1}\dots u_{2k-1}}_{\text{bloqueo 2}} \underbrace{u_{2k}u_{2k+1}\dots u_{3k-1}}_{\text{bloqueo 3}},$$

cada uno de estos bloques de información forman una palabra, la que llamaremos *palabra de información de longitud k* . Como cada símbolo de una palabra de información puede tomar q valores, se tiene que *el número de palabras código* es $M = q^k$.

Existe un parámetro en los códigos que nos permite saber que tan cerca está una palabra de otra, y es útil para poder detectar y corregir errores dentro de un código.

Definición 3.4 *La distancia de Hamming entre dos palabras código $\mathbf{b} = b_0b_1\dots b_{n-1}$ y $\mathbf{b}' = b'_0b'_1\dots b'_{n-1}$, denotada por $H(\mathbf{b}, \mathbf{b}')$, se define como:*

$$H(\mathbf{b}, \mathbf{b}') = |\{0 \leq i < n : b_i \neq b'_i\}|.$$

Es fácil ver que la Distancia de Hamming es una métrica en el conjunto \mathcal{A}^n , (Vea [6]).

Definición 3.5 *Dado un código C , se define la distancia de C , y se denota por $d(C)$, como la menor distancia no nula entre sus palabras código, es decir,*

$$d(C) = \min\{H(x, y) : x, y \in C, x \neq y\}.$$

Esta definición es importante pues ayuda a saber cuántos errores puede detectar y corregir un código, mediante el siguiente resultado.

Teorema 3.6 *Un código C con distancia $d(C)$ puede detectar $d(C) - 1$ errores, y puede corregir $\lfloor \frac{d(C)-1}{2} \rfloor$.*

Sin embargo, no ahondaremos en este tema en el desarrollo de este trabajo, el lector interesado en este tema puede consultar [6].

4. Construcción de códigos usando campos finitos

Para codificar y decodificar de manera más práctica y eficiente, es útil dotar al alfabeto \mathcal{A} de una estructura algebraica. Fijamos al alfabeto $\mathcal{A} = \mathbb{F}_q$, el campo finito de q elementos. El conjunto de cadenas de longitud n , es decir el conjunto \mathcal{A}^n es un espacio vectorial sobre \mathbb{F}_q , de dimensión n , el cual puede ser identificado como:

$$\mathbb{F}_q^n = \{(x_0, x_1, \dots, x_{n-1}) : x_i \in \mathbb{F}_q, 0 \leq i \leq n-1\},$$

mediante la asignación $x_0x_1\dots x_{n-1} \mapsto (x_0, x_1, \dots, x_{n-1})$, con la cual definimos la suma de las palabras $a_0a_1\dots a_{n-1}$ y $b_0b_1\dots b_{n-1}$ como

$$a_0a_1\dots a_{n-1} + b_0b_1\dots b_{n-1} = (a_0, a_1, \dots, a_{n-1}) + (b_0, b_1, \dots, b_{n-1}),$$

y la multiplicación por escalar $\alpha(a_0a_1\dots a_{n-1})$, con $\alpha \in \mathbb{F}_q$, como

$$\alpha(a_0a_1\dots a_{n-1}) = \alpha(a_0, a_1, \dots, a_{n-1}).$$

Con esto podemos definir los códigos aditivos y los códigos cíclicos como sigue:

Definición 4.1 *Un código aditivo C sobre el campo finito \mathbb{F}_q , es un subgrupo aditivo de \mathbb{F}_q^n . Es decir, para cada par de palabras código $a_0a_1 \dots a_{n-1}$, y $b_0b_1 \dots b_{n-1} \in C$, su suma es una palabra código de C .*

Definición 4.2 *Un código C es lineal si es un subespacio de \mathbb{F}_q^n . Un código lineal de longitud n , dimensión k , y distancia d es llamado un $[n, k, d]$ código.*

Ejemplo 4.3 *Sea $C = \{011, 101, 000, 110\}$. Considerado como un código sobre \mathbb{Z}_3 , este código no es lineal, puesto que $2(011) = 022$ no está en C , sin embargo, visto como un código sobre \mathbb{Z}_2 , sí es aditivo.*

En este trabajo serán de suma importancia los códigos cíclicos, pues se espera que mejoren los algoritmos de ADN, y cuya definición es la siguiente:

Definición 4.4 *Un código C es cíclico si siempre que la palabra $c_0c_1 \dots c_{n-1} \in C$, entonces $c_{n-1}c_0 \dots c_{n-2} \in C$.*

Ejemplo 4.5 *Sea $C_1 = \{011, 101, 110\}$ un código sobre el campo \mathbb{Z}_2 , el cual no es un código aditivo ni lineal, puesto que 000 no está en C_1 , sin embargo, sí es un código cíclico. Y por otro lado, el código $C_2 = \{000000, 000111, 111000, 111111\}$ sobre \mathbb{Z}_2 es un código lineal pero no es cíclico.*

Para poder explotar muchos resultados que se tienen en álgebra, haremos una relación entre un anillo de polinomios y los códigos cíclicos, para ello, notemos lo siguiente.

Nota. *Sea \mathbb{F} un campo, consideremos el anillo $\mathbb{F}[x]/\langle x^n - 1 \rangle$. A este anillo lo denotaremos como $\mathbb{F}^{(n)}[x]$, y a sus elementos los denotaremos simplemente $c(x)$ en lugar de $[c(x)]$.*

Teorema 4.6 *Si \mathbb{K} es un campo e I el ideal principal de $\mathbb{K}[x]$ generado por el polinomio $p(x) = a_0 + a_1x + \dots + a_nx^n$ con $a_n \neq 0$, entonces para cada $[r(x)] \in \mathbb{K}[x]/I$, existe un único polinomio $q(x) = b_0 + b_1x + \dots + b_{n-1}x^{n-1}$ tal que $[r(x)] = [q(x)]$.*

Puede consultar la demostración de este resultado en [\[5\]](#).

Consideremos un elemento $c(x) \in \mathbb{F}^{(n)}[x]$, por el teorema anterior, todo elemento de $\mathbb{F}^{(n)}[x]$ puede ser representado únicamente por un polinomio de grado $n - 1$, por lo tanto, podemos suponer que $c(x)$ es de grado $n - 1$, al multiplicarlo por x , obtenemos:

$$xc(x) = c_0x + c_1x^2 + \dots + c_{n-2}x^{n-1} + c_{n-1}x^n,$$

es decir,

$$xc(x) = c_{n-1} + c_0x + \dots + c_{n-2}x^{n-1},$$

puesto que $x^n = 1$ en $\mathbb{F}^{(n)}[x]$, esto genera lo que se llama **desplazamiento cíclico**.

El anillo $\mathbb{F}^{(n)}[x]$ es también un espacio vectorial sobre \mathbb{F} , y la multiplicación por escalar es como sigue:

Si $a \in \mathbb{F}$ y $c(x) = c_0 + c_1x + \cdots + c_{n-1}x^{n-1} \in \mathbb{F}^{(n)}[x]$, entonces,

$$ac(x) = ac_0 + ac_1x + \cdots + ac_{n-1}x^{n-1}.$$

Ahora construiremos códigos cíclicos lineales a partir de un ideal en el anillo de polinomios, de la siguiente forma:

Los códigos cíclicos lineales pueden definirse a partir de un ideal, para lo cual necesitamos establecer una correspondencia entre los códigos sobre un campo finito y el anillo de polinomios. Consideremos las siguientes funciones:

$$\phi : \mathbb{F}_q^n \rightarrow \mathbb{F}[x],$$

dada por

$$\phi(c_0, \dots, c_{n-1}) = c_0 + c_1x + \cdots + c_{n-1}x^{n-1},$$

y además,

$$\pi : \mathbb{F}[x] \rightarrow \mathbb{F}^{(n)}[x],$$

dada por

$$\pi(p(x)) = [p(x)].$$

Teorema 4.7 *La función $\pi \circ \phi$ es una transformación lineal. Si C es un código cíclico y lineal, $\pi \circ \phi(C)$ es un ideal. Más aún, $\pi \circ \phi|_C : C \rightarrow (\pi \circ \phi)(C)$ es un isomorfismo de espacios vectoriales.*

Por este resultado, podemos trabajar indistintamente con elementos de C o con la correspondiente clase de equivalencia $c(x)$.

Ahora veamos la relación que existe entre los ideales de $\mathbb{F}^{(n)}[x]$ y los códigos cíclicos.

Teorema 4.8 *Sea J un ideal no cero de $\mathbb{F}^{(n)}[x]$. El conjunto*

$$\{(a_0, \dots, a_{n-1}) \in \mathbb{F}^n : [a_0 + a_1x + \cdots + a_{n-1}x^{n-1}] \in J\},$$

es un código cíclico.

Y además,

Teorema 4.9 *Sea J un ideal no cero en $\mathbb{F}^{(n)}[x]$. Existe un único polinomio mónico $g(x) \in \mathbb{F}[x]$ de grado r tal que,*

1. $J = \langle g(x) \rangle / \langle x^n - 1 \rangle$.
2. $g(x)$ divide a $x^n - 1$.

Además, si C es el código cíclico lineal correspondiente a J , entonces la dimensión de C es $n - r$.

Vea las demostraciones en [\[5\]](#).

5. Construcción de códigos para la computación del ADN

En esta sección vamos a construir el campo $GF(4)$, el cual es un campo de Galois o campo finito de 4 elementos. Para ello, tomaremos como base el campo de los números binarios $(GF(2), +, *)$, donde $GF(2) = \{0, 1\}$ es el anillo de los enteros módulo 2, con las operaciones suma “+” y producto “*” usuales en este anillo. Las pruebas de los teoremas que se presentan pueden ser revisadas por los lectores en [5].

Sea $GF(2)[x]$, el anillo de los polinomios en una variable con coeficientes en $GF(2)$. Tomemos el polinomio $p(x) = x^2 + x + 1 \in GF(2)[x]$, el cual sabemos que es irreducible en $GF(2)$, ya que es de grado 2 y que no tiene raíces en el campo. Ahora consideremos el anillo cociente $GF(2)[x]/\langle p(x) \rangle$, que resulta ser un campo, donde $\langle p(x) \rangle$ es el ideal generado por el polinomio $p(x)$. En este caso,

$$GF(2)/\langle p(x) \rangle = \{a(x) + \langle p(x) \rangle : a(x) \in GF(2)[x]\}.$$

Como $GF(2)[x]$ es un anillo euclidiano, usando el algoritmo de la división, se tiene que para cualquier elemento $a(x) \in GF(2)[x]$,

$$a(x) = p(x)q(x) + r(x), \text{ con } 0 \leq \text{grad}(r(x)) \leq 1.$$

Por lo tanto, un representante de la clase de $a(x)$, dada por $[a(x)] = a(x) + \langle p(x) \rangle$ es $a_0 + a_1x$, con $a_0, a_1 \in GF(2)$.

Por consiguiente, los elementos del anillo $GF(2)/\langle p(x) \rangle$ se pueden identificar mediante el conjunto $GF(4)$, además, por el hecho de ser $p(x)$ irreducible, $\langle p(x) \rangle$ es maximal, y por lo tanto $GF(4)$ es un campo.

$$GF(4) = \{a_0 + a_1x : a_0, a_1 \in GF(2)\} = \{0, 1, \omega, 1 + \omega\} = \{0, 1, \omega, \bar{\omega}\},$$

donde $\omega = [x] = x + \langle p(x) \rangle$, y $\bar{\omega} = 1 + \omega$, además $\bar{\omega} = \omega^2$, y $1 + \omega + \omega^2 = 0$.

5.1. Códigos asociados con el ADN

Las cadenas de ADN tienen características muy especiales que resultan importantes para el desarrollo de algoritmos, una de estas características es que cada hebra de ADN se asocia a una hebra complementaria, su complemento Watson-Crick.

Para poder codificar las hebras de ADN y usar la teoría de códigos para su estudio, asociaremos códigos sobre el conjunto $\{A, C, G, T\}$ con códigos sobre $GF(4) = \{0, 1, \omega, \bar{\omega}\}$, es decir, asociaremos 0 con Adenina (A), ω con Citosina(C), $\bar{\omega}$ con Guanina(G) y 1 con Timina(T). Para definir el complemento de una palabra código en $GF(4)$, definiremos primero el complemento de un elemento de $GF(4)$.

Definición 5.1 Sea $a \in GF(4)$, el complemento de a , denotado por a^c , se define como $a^c = a + 1$.

Con esto, definamos:

Definición 5.2 *El complemento de una palabra $\mathbf{u} = u_0 \dots u_{n-1} \in GF(4)$ es $\mathbf{u}^c = u_0^c \dots u_{n-1}^c$, y el reverso de \mathbf{u} es $\mathbf{u}^r = u_{n-1} \dots u_0$.*

Note que si se da una asociación diferente a la propuesta para el conjunto de nucleótidos que forman el ADN con el campo $GF(4)$, no se tienen las definiciones anteriores, puesto que con esta asociación se tiene que el complemento de A es T , y el de C es G .

Ahora definamos códigos que tienen características particulares que resultan importantes para los códigos de ADN.

Definición 5.3 *Un código aditivo C de longitud n sobre $GF(4)$ es llamado reversible si $u^r \in C$ para todo $u \in C$.*

Ejemplo 5.4 *El código $C = \{110, 011, 101, 000\}$ es reversible, pero $C' = \{111, 100, 011, 000\}$ no lo es.*

El reverso de una palabra código tiene su equivalente en el anillo de polinomios, esto es lo que se llama *recíproco de un polinomio*.

Definición 5.5 *Para cada polinomio $p(x) = p_0 + p_1x + \dots + p_r x^r$ con $p_r \neq 0$, definimos el recíproco de $p(x)$ como el polinomio $p^*(x) = x^r p(1/x) = p_r + p_{r-1}x + \dots + p_0 x^r$. Además diremos que un polinomio es auto-recíproco si $p(x) = p^*(x)$.*

Ejemplo 5.6 *Consideremos el polinomio $p(x) = 1 + x + x^2 + x^3 + x^4 + x^5 + x^6$, notemos que $p^*(x) = x^6 p(1/x) = x^6(1 + \frac{1}{x} + \frac{1}{x^2} + \frac{1}{x^3} + \frac{1}{x^4} + \frac{1}{x^5} + \frac{1}{x^6}) = 1 + x + x^2 + x^3 + x^4 + x^5 + x^6 = p(x)$. Por lo tanto $p(x)$ es auto-recíproco.*

Definición 5.7 *Un código aditivo C sobre $GF(4)$ es llamado complemento si $u^c \in C$ para todo $u \in C$.*

Definición 5.8 *Un código aditivo C sobre $GF(4)$ es llamado complemento cíclico reversible si,*

1. C es cíclico.
2. C es reversible.
3. C es complemento.

Recordemos ahora un resultado muy importante en teoría de anillos, llamado *Teorema de Correspondencia*.

Teorema 5.9 Teorema de Correspondencia. *Sea A un anillo e I un ideal de A . Sea $\varphi : A \rightarrow A/I$ la proyección canónica, dada por $\varphi(a) = a + I$. Existe una correspondencia biunívoca entre ideales de A/I e ideales de A que contienen a I .*

En adelante, consideraremos a los elementos de los códigos cíclicos como polinomios, puesto que ya vimos que hay una correspondencia entre ellos y los ideales en $\mathbb{F}^{(n)}[x]$. Así que estudiaremos algunos resultados que sólo se satisfacen en el campo $GF(4)$.

Definición 5.10 *Sea C un código cíclico lineal correspondiente a $J = \langle g(x) \rangle / \langle x^n - 1 \rangle$, un ideal de $GF(4)^{(n)}[x]$, a su vez por el Teorema de Correspondencia a J le corresponde un ideal J' de $GF(4)^{(n)}[x]$, tal que $J = J' / \langle x^n - 1 \rangle$. Como cada elemento de J es una clase de equivalencia, definimos el grado de $[f(x)] \in J$ como el grado del polinomio $f(x) \in J'$.*

Así, el grado de $f(x) \in C$ será el grado de $[f(x)] \in J$, y lo denotaremos como $\text{grad}(f(x))$.

El siguiente teorema muestra un resultado importante sobre el campo $GF(4)$.

Teorema 5.11 *Sea C un $[n, k, d]$ -código cíclico lineal de longitud n sobre $GF(4)$. Entonces $C = \langle g(x) \rangle$, donde $g(x)$ es un polinomio mónico de grado r que divide a $x^n - 1$ sobre $GF(4)$, y $k = n - r$.*

Es importante ahora ver cómo son los generadores de un código cíclico aditivo, para ello, consideremos la función traza,

$$\text{Tr} : GF(4) \rightarrow GF(2), \quad (1)$$

definida por $\text{Tr}(x) = x + x^2$.

En particular, $\text{Tr}(0) = \text{Tr}(1) = 0$, $\text{Tr}(\omega) = \omega + \omega^2 = 1$, puesto que $1 + \omega + \omega^2 = 0$, $\bar{\omega} = \omega + 1$ y $\text{Tr}(\bar{\omega}) = 1$.

Es fácil ver que la función traza es un homomorfismo de grupos aditivos.

El siguiente teorema nos dará una forma de describir un tipo particular de códigos cíclicos aditivos mediante sus polinomios generadores.

Teorema 5.12 *Sea C un $(n, 2^k)$ -código cíclico aditivo de longitud n sobre $GF(4)$. Entonces $C = \langle \omega p(x) + q(x) \rangle$, donde $p(x)$ y $r(x)$ son polinomios binarios que dividen a $x^n - 1 \pmod{2}$, $r(x)$ divide a $\frac{q(x)(x^n - 1)}{p(x)} \pmod{2}$, y $k = 2n - \text{grad}(p(x)) - \text{grad}(r(x))$.*

Observaciones 5.1 *Cuando algún polinomio generador es nulo, se tiene lo siguiente.*

- Si $p(x) = 0$, entonces $k = n - \text{grad}(r(x))$, y si $r(x) = 0$, se tiene que $k = n - \text{grad}(p(x))$.
- Como para cualquier subgrupo se tiene que $\langle a, b \rangle = \langle a, b - q \rangle$, nosotros asumiremos que $\text{grad}(q(x)) < \text{grad}(p(x))$.

Ahora veamos algunos resultados sobre códigos cíclicos reversibles y los polinomios generadores.

Teorema 5.13 *Un código lineal C cíclico $\langle g(x) \rangle$ sobre $GF(4)$ es reversible si y sólo si $g(x)$ es auto-recíproco.*

DEMOSTRACIÓN. Supongamos primero que C es reversible, para ello consideremos el conjunto de polinomios recíprocos de los polinomios de C , $C' = \{f^*(x) : f(x) \in C\}$, veamos que $C' = \langle g^*(x) \rangle$, entonces, tomemos $f^*(x) \in C'$.

$$\begin{aligned} f^*(x) &= x^{n-1}f(x^{-1}) \\ &= x^{n-1}g(x^{-1})j(x^{-1}) \\ &= (x^{n-r-1}j(x^{-1}))(x^r g(x^{-1})) \\ &= j^*(x)g^*(x). \end{aligned}$$

Por lo tanto, $f^*(x) \in \langle g^*(x) \rangle$. La otra inclusión es clara. Así, $C' = \langle g^*(x) \rangle$. Además, como C es reversible, entonces $\langle g(x) \rangle = C = C' = \langle g^*(x) \rangle$.

Así $g^*(x)$ también genera a C y al ser $g(x)$ el polinomio de grado mínimo que genera a C , se tiene que $g(x) = g^*(x)$, es decir, $g(x)$ es auto-recíproco.

Recíprocamente, supongamos que $g(x) = g^*(x) = x^r g(\frac{1}{x})$, donde $r = \text{grad}(g(x))$. Tomemos $p(x) \in C$, con $\text{grad}(p(x)) = m > r$. Debemos mostrar que $p^*(x) \in C$, es decir, $p^*(x)$ es un múltiplo de $g(x)$. Calculemos $p^*(x)$,

$$\begin{aligned} p^*(x) &= x^m p\left(\frac{1}{x}\right) = x^m k\left(\frac{1}{x}\right)g\left(\frac{1}{x}\right) \\ &= x^{r+s} k\left(\frac{1}{x}\right)g\left(\frac{1}{x}\right), \text{ donde } m = r + s, \text{ para algún } s > 0, \\ &= x^s k\left(\frac{1}{x}\right)(x^r g\left(\frac{1}{x}\right)) = x^s k\left(\frac{1}{x}\right)g(x). \end{aligned}$$

Por lo tanto, $p^*(x) \in C$, es decir, es reversible. ■

Es fácil verificar que si $f(x), g(x)$ son dos polinomios en $GF(4)[x]$, con $\text{grad}(f(x)) = m$ y $\text{grad}(g(x)) = k$, con $m \geq k$, entonces,

1. $[f(x)g(x)]^* = f^*(x)g^*(x)$.
2. $[f(x) + g(x)]^* = f^*(x) + x^{m-k}g^*(x)$.

En seguida se enunciarán algunos resultados que relacionan las características de los polinomios generadores de un código con la forma de dicho código y las propiedades que cumple.

Teorema 5.14 *Sea $C = \langle \omega p(x) + q(x) \rangle$ un código cíclico aditivo de longitud n sobre $GF(4)$ con $\text{grad}(p(x)) = r$. Entonces C es reversible si y sólo si $p(x)$ es un polinomio binario auto-recíproco y $C = \langle \omega p(x) \rangle$ ó $C = \langle \bar{\omega} p(x) \rangle$.*

Teorema 5.15 *Sea $C = \langle \omega p(x), r(x) \rangle$ ó $C = \langle \bar{\omega} p(x), r(x) \rangle$, un código cíclico aditivo de longitud n sobre $GF(4)$. El código C es complemento reversible si y sólo si $p(x), r(x)$ son auto-recíprocos y $r(x)$ no es múltiplo de $x - 1$.*

Teorema 5.16 Sea $C = \langle \omega p(x) + q(x), r(x) \rangle$ un código cíclico aditivo de longitud n sobre $GF(4)$, con $q(x) \neq 0$. El código C es un código cíclico aditivo complemento reversible si y sólo si $p(x)$ es auto-recíproco, $r(x)$ es auto-recíproco y no es múltiplo de $x - 1$, y

1. Si $\text{grad}(q(x)) = \text{grad}(p(x))$, entonces $q(x)$ es auto-recíproco.
2. Si $\text{grad}(q(x)) < \text{grad}(p(x))$, entonces $r(x)$ divide a

$$[x^{\text{grad}(p(x)) - \text{grad}(q(x))} q^*(x) + q(x)].$$

3. Si $\text{grad}(q(x)) > \text{grad}(p(x))$, entonces $r(x)$ divide a

$$[x^{\text{grad}(q(x)) - \text{grad}(p(x))} q(x) + q^*(x)].$$

Puede consultar las pruebas de estos resultados en [5].

6. Códigos de longitud 7

En esta última sección usaremos la teoría desarrollada para estudiar códigos aditivos complemento cíclicos reversibles sobre $GF(4)$, es decir, estudiaremos códigos que tienen las características necesarias para codificar cadenas de ADN.

Los códigos complemento cíclicos reversibles cumplen las siguientes restricciones (Vea [1]):

- *Restricción de Hamming:* Para dos diferentes palabras código u y $u' \in C$, $H(u, u') \geq d$, donde d es la distancia del código C . Esta restricción está destinada a limitar la hibridación no específica entre una palabra código y un complemento Watson-Crick de una palabra diferente.
- *Restricción del complemento reverso:* Para algún par de palabras código, u y $u' \in C$, (las cuales pueden ser iguales), $H(u^c, (u')^r) \geq d$. Esta restricción pretende limitar la hibridación no específica entre una palabra código y el reverso de otra palabra código.

Presentamos algunos ejemplos de códigos de longitud 7.

Consideremos el polinomio $x^7 - 1$, sus divisores son:

$$\begin{aligned} p_0(x) &= 1, \\ p_1(x) &= x + 1, \\ p_2(x) &= x^3 + x^2 + 1, \\ p_3(x) &= x^3 + x + 1, \\ p_4(x) &= x^4 + x^3 + x^2 + 1 = (x + 1)(x^3 + x + 1), \\ p_5(x) &= x^4 + x^2 + x + 1 = (x + 1)(x^3 + x^2 + 1), \\ p_6(x) &= x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 = (x^3 + x^2 + 1)(x^3 + x + 1). \end{aligned}$$

Calculemos el recíproco de estos polinomios:

$$\begin{aligned}
p_0^*(x) &= 1, \\
p_1^*(x) &= x + 1, \\
p_2^*(x) &= x^3 + x + 1, \\
p_3^*(x) &= x^3 + x^2 + 1, \\
p_4^*(x) &= x^4 + x^2 + x + 1, \\
p_5^*(x) &= x^4 + x^3 + x^2 + 1, \\
p_6^*(x) &= x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1.
\end{aligned}$$

De ellos notamos que los polinomios p_0, p_1, p_6 son auto-recíprocos. Utilizando estos polinomios para generar códigos aditivos que cumplan las condiciones del Teorema [5.16](#), encontramos que los códigos:

$$\begin{aligned}
C_1 &= \langle \omega + 1, x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_2 &= \langle \omega + (x^4 + x^3), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_3 &= \langle \omega + (x^4 + x^3 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_4 &= \langle \omega + (x^4 + x^2), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_5 &= \langle \omega + (x^5 + x^4 + x^3 + x^2), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_6 &= \langle \omega + (x^5 + x^2 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_7 &= \langle \omega + (x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle.
\end{aligned}$$

Son códigos aditivos complemento cíclicos reversibles, además, analizando sus elementos generadores, se encontró que tienen distancias:

$$\begin{aligned}
d(C_1) &= 1, \\
d(C_2) &= 3, \\
d(C_3) &= 3, \\
d(C_4) &= 3, \\
d(C_5) &= 3, \\
d(C_6) &= 3, \\
d(C_7) &= 3.
\end{aligned}$$

Sin embargo, nos interesan los códigos que tienen mayor distancia, pues ellos permiten identificar e incluso corregir errores, así que no se considerará al código C_1 .

Se llegó a la conclusión de que los códigos

$$\begin{aligned}
C_2 &= \langle \omega + (x^4 + x^3), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_3 &= \langle \omega + (x^4 + x^3 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_4 &= \langle \omega + (x^4 + x^2), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_5 &= \langle \omega + (x^5 + x^4 + x^3 + x^2), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_6 &= \langle \omega + (x^5 + x^2 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle, \\
C_7 &= \langle \omega + (x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + 1), x^6 + x^5 + x^4 + x^3 + x^2 + x + 1 \rangle,
\end{aligned}$$

por el Teorema 5.12, tienen dimensión $2n - \text{grad}(p(x)) - \text{grad}(r(x)) = 2(7) - 0 - 6 = 8$, y por lo tanto, tienen tamaño $M = 2^8 = 256$. Con esto, se puede asegurar que estos códigos, mejoran las codificaciones para los algoritmos de ADN, pues tienen distancia 3 y por lo tanto son capaces de detectar hasta 2 errores, y corregir automáticamente 1 error, de acuerdo con el Teorema 3.6. Las codificaciones que se han usado con esta distancia y longitud han sido de a lo más 180 palabras (Vea [1], [2], [7], [9]), al tener la misma distancia, es mejor utilizar códigos que tienen 256 palabras, pues evita tener hibridaciones no deseables entre las hebras de ADN.

Para poder realizar los algoritmos para las aplicaciones de la computación del ADN que se mencionaron en la sección 2 es necesario contar con una codificación del ADN que sea útil y que dé como resultado el mínimo de enlaces indeseables posibles, esto se logra con las condiciones que se presentan en este trabajo, por lo que se puede concluir que los códigos de longitud 7 que presentamos mejoran las codificaciones que se habían utilizado con anterioridad.

Conclusión

En este artículo se presentaron condiciones para los códigos cíclicos sobre $GF(4)$ que permiten dar una mejor codificación para los algoritmos de ADN, basándonos en el artículo de Abualrub [1], se describieron los elementos básicos que se deben considerar para crear códigos que sean útiles para representar cadenas de ADN y finalmente se presentaron ejemplos de códigos aditivos complemento cíclicos reversibles de longitud 7 y tamaño 256 que son útiles para la computación del ADN, puesto que cumplen con la *Restricción de Hamming* y la *Restricción del complemento reverso*.

Agradecimientos

A los revisores de este escrito, quienes con sus sugerencias contribuyeron a obtener una versión mejorada de nuestro trabajo.

Referencias

- [1] T. Abualrub, A. Ghayeb, and X. N. Zeng, "Construction of cyclic codes over $gf(4)$ for dna computing," *Journal of the Franklin Institute*, vol. 343, no. 4-5, pp. 448–457, 2006. DOI: 10.1016/j.jfranklin.2006.02.009
- [2] R. Deaton, R. C. Murphy, J. Rose, M. Garzon, D. R. Franceschetti, and S. Stevens, "A dna based implementation of an evolutionary search for good encodings for dna computation," in *Proceedings of 1997 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC'97)*. IEEE, 1997. DOI: 10.1109/ICEC.1997.592311 pp. 267–271.
- [3] H. Eghdami and M. Darehmiraqi, "Application of dna computing in graph theory," *Artificial Intelligence Review*, vol. 38, pp. 223–235, 2012. DOI: 10.1007/s10462-011-9247-5
- [4] X. Liu, Y. Li, and J. Xu, "Solving minimum spanning tree problem with dna computing," *Journal of Electronics (China)*, vol. 22, pp. 112–117, 2005. DOI: 10.1007/BF02688136
- [5] N. A. G. Martínez, "Códigos cíclicos basados en campos finitos para desarrollar algoritmos de adn," Ph.D. dissertation, UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE LA MIXTECA, 2019. [Online]. Available: http://jupiter.utm.mx/~tesis_dig/13800.pdf
- [6] A. Neubauer, J. Freudenberger, and V. Kuhn, *Coding theory: algorithms, architectures and applications*. John Wiley & Sons, 2007.
- [7] V. V. Rykov, A. J. Macula, D. C. Torney, and P. White, "Dna sequences and quaternary cyclic codes," in *Proceedings. 2001 IEEE International Symposium on Information Theory (IEEE Cat. No. 01CH37252)*. IEEE, 2001. DOI: 10.1109/ISIT.2001.936111 p. 248.
- [8] Syngenta México. Qué es ADN? [Online]. Available: <https://www.syngenta.com.mx/que-es-adn>
- [9] D. C. Tulpan, H. H. Hoos, and A. E. Condon, "Stochastic local search algorithms for dna word design," in *DNA Computing: 8th International Workshop on DNA-Based Computers, DNA8 Sapporo, Japan, June 10–13, 2002 Revised Papers 8*. Springer, 2003. DOI: 10.1007/3-540-36440-4_20 pp. 229–241.
- [10] Universidad de Granada. Las matemáticas en las comunicaciones. [Online]. Available: <https://www.ugr.es/~anillos/textos/pdf/2010/EXPO-2.Matematicas%20comunicaciones/101.htm>

Como citar este artículo: N. A. González Martínez y A. Maceda Méndez, "Códigos cíclicos para desarrollar algoritmos de ADN", Sahuarus. Revista Electrónica de Matemática, vol. 7, no. 2, pp. 14–28, 2023. <https://doi.org/10.36788/sah.v7i2.141>

Aspectos analíticos y geométricos de un modelo epidemiológico con dinámica de población

Rey A. Salas-Vega¹ y Jaime Burgos-García^{2,*}

¹Facultad de Ciencias Físico Matemáticas, Universidad Autónoma de Coahuila, Unidad Campo Redondo, Edificio A, 25020 Saltillo, Coahuila, México

²Facultad de Ciencias Físico Matemáticas, Universidad Autónoma de Coahuila, Unidad Campo Redondo, Edificio A, 25020 Saltillo, Coahuila, México

¹rey.vega@uadec.edu.mx, ²jburgos@uadec.edu.mx

Resumen

En este trabajo consideramos un sistema de 4 ecuaciones diferenciales ordinarias, dependiente de 6 parámetros, que modela la propagación de una enfermedad infecciosa en una población que suponemos no constante ni en equilibrio, sino que aumenta en el tiempo bajo el modelo de Malthus lo que lleva a un sistema no lineal en 5 dimensiones. A través de un cambio de variable se puede considerar la población total como una cantidad conservada lo que nos permite reducir la dimensión del sistema. Posteriormente, calculamos y analizamos los puntos de equilibrio en términos de los varios parámetros del sistema y establecemos resultados analíticos para la estabilidad haciendo uso de la teoría clásica de polinomios de Hurwitz y teoría de perturbaciones. También implementamos el método de la parametrización para calcular órbitas heteroclínicas asociadas a los puntos de equilibrio haciendo uso de la información de la dinámica local obtenida previamente. Las variedades se parametrizan en términos de series de potencias donde se obtuvieron fórmulas cerradas para los coeficientes para todo orden, lo cual permite estudiar, en particular, la evolución y convergencia de las series en términos de los parámetros del sistema reducido.

Palabras Clave: Ecuaciones diferenciales ordinarias; Puntos de equilibrio; Cálculo de variedades invariantes.

DOI: 10.36788/sah.v7i2.144

Recibido: 3 de octubre de 2023

Aceptado: 12 de diciembre de 2023

1. Introducción

La falta de comprensión de los mecanismos de propagación y evolución de las enfermedades infecciosas que han plagado a la humanidad fue una fuente recurrente de misticismo y superstición a lo largo de los siglos. Hubo que esperar hasta el siglo XVIII y los trabajos pioneros de Daniel Bernoulli para que se comenzara a estudiar el problema de manera científica, al menos desde el punto de vista de la modelación de la propagación en una determinada

* Autor de correspondencia

población. La reciente pandemia mundial de COVID 19 trajo como consecuencia una plétora de modelos, técnicas y trabajos que representan esfuerzos para obtener mejores herramientas para estudiar posibles escenarios de propagación de enfermedades, lo cual sigue siendo un problema, sobre todo, en países en vías de desarrollo. Esto lleva a seguir planteando preguntas como: ¿cuáles serían algunas cantidades óptimas de personas infectadas y susceptibles en una población para las cuales una enfermedad, en la que es inevitable que se propague, tienda a estabilizarse o extinguirse? ó ¿cuán rápido se puede volver a propagar una enfermedad que se creía erradicada o controlada si cesa la vacunación en una población? Desde un punto de vista de sistemas dinámicos deterministas, estas preguntas podrían ser abordadas estudiando las variedades estables e inestables de puntos de equilibrio u órbitas periódicas si, por ejemplo, los efectos de introducir infectados en una población se consideran como una perturbación de éstos últimos objetos. Con esto en mente, en este trabajo nos centramos en realizar un análisis exhaustivo de los puntos de equilibrio y su dinámica local en un sistema SEIRS (siglas para nombrar a los susceptibles, expuestos, infectados y recuperados en una población) para posteriormente, poder extender la información a dominios mayores. Remitimos al lector no experto en estos temas a las referencias [10] y [6] para encontrar buenas exposiciones acerca de objetos invariantes en sistemas no lineales; también consideramos que la referencia [5] es una lectura obligada para comenzar a familiarizarse con el modelado de la propagación de enfermedades infecciosas.

Como motivación adicional, se sabe que dentro del vasto número de modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales, existen modelos donde la dinámica resulta tan diversa que se pueden encontrar bifurcaciones homoclínicas, bifurcaciones de Hopf o del tipo Bogdanov Takens. Se pueden consultar, por ejemplo, las referencias [11], [12], [17], [19], [3] para convencerse de la riqueza de escenarios posibles determinados por dichos modelos. Si bien es cierto que el análisis de un sistema dinámico *a lápiz y papel* ha descubierto maravillas a lo largo de la historia, esto resulta en extremo complicado cuando se trata de estudiar un sistema en dimensiones mayores. En consecuencia, el fusionar herramientas de análisis funcional, análisis numérico y ciencias computacionales produjo una nueva área de estudio denominada *rigorous numerics* que se han aplicado con éxito en diversas áreas como mecánica celeste, dinámica de fluidos, teoría de control, etc. El lector interesado en este tipo de aplicaciones puede consultar las referencias [7], [8], [9] y [1].

Dentro de los métodos del área de *rigorous numerics* existe un método general para aproximar variedades invariantes con orden arbitrario llamado el método de la parametrización, de ahora en adelante abreviado como MP. De manera general, este método se basa en dos ideas fundamentales, la primera es la idea de extender el flujo $\theta(t, \theta_0)$ de un modelo más simple, como el dado por la aproximación lineal, agregando términos de orden superior. La segunda idea es construir una ecuación funcional que pueda resolverse usando técnicas de análisis numérico. Hasta donde sabemos, la implementación de este método no se ha realizado en sistemas epidemiológicos pese a la complejidad de la dinámica de ciertos modelos como ya se mencionó. En consecuencia, creemos que este trabajo representa un primer paso para explorar el desempeño del MP en un sistema epidemiológico con varios parámetros, típicamente pequeños, para posteriormente estudiar otros modelos con variedades de dimensión mayor o igual que dos.

Este trabajo está organizado como sigue: en la siguiente sección consideramos el modelo SEIRS introducido en [16] para poblaciones en equilibrio y discutimos el efecto de extender este modelo agregando dinámica de población. En la sección 3 calculamos los puntos de equilibrio del sistema de manera explícita y analizamos su estabilidad considerando todos los parámetros del sistema. En el siguiente apartado 4 discutimos la implementación del MP y nos centramos en el caso de dimensión uno para poder visualizar de manera más sencilla el decaimiento de los coeficientes y la convergencia de las series que determinan las variedades conforme se modifican los parámetros del sistema. Finalmente, en la sección 5 resumimos los resultados y discutimos perspectivas de trabajo futuro.

2. El modelo SEIRS con dinámica de población

Comenzaremos nuestro estudio considerando el trabajo [16] en donde una población de N individuos donde se propaga una enfermedad infecciosa por contacto directo entre individuos y que en cada instante de tiempo la población está dividida en cuatro compartimentos: susceptibles (S), expuestos (E), infectados (I) y recuperados (R). Si se supone que la población está aislada porque no hay migración de individuos y la mortalidad y la natalidad está balanceada (nace la misma cantidad de individuos mueren), entonces tenemos que la igualdad $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ se cumple siempre. Teniendo en cuenta enfermedades para las cuales los individuos recuperados pierden su inmunidad natural y se vuelven susceptible nuevamente, la evolución de cada grupo de individuos está dada por el conjunto de ecuaciones diferenciales

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \beta \frac{IS}{N} + \omega R - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \sigma E - \mu E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I - (\mu + \alpha)I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \omega R - \mu R,\end{aligned}\tag{1}$$

sujeta a las condiciones iniciales $S(0) = S_0 \geq 0$, $E(0) = E_0 \geq 0$, $I(0) = I_0 \geq 0$ y $R(0) = 0$. En este caso el sistema depende de los siguientes parámetros: β (tasa de contacto), σ (latencia de la enfermedad), γ (tasa de recuperación), ω (periodo medio de inmunidad), α (muerte por infección) y μ (tasa de natalidad y mortalidad por causas naturales). Cabe señalar que este modelo se concibió para poblaciones donde es válido suponer que las muertes y nacimientos están balanceados para todo tiempo lo cual limita su aplicación a situaciones más realistas. Una generalización natural de este modelo resulta al considerar diferentes tasas de mortalidad y natalidad, denotadas d and b respectivamente, en consecuencia, se debe considerar una dinámica de población que modele el comportamiento de la población $N(t)$. Una posible

elección de tal dinámica fue considerada en [14] y está dada por la ecuación diferencial

$$\frac{dN}{dt} = (b - d)N - \alpha I. \quad (2)$$

Si se consideran las variables normalizadas $s := S/N$, $e := E/N$, $i := I/N$, $r := R/N$ entonces sus derivadas son una fácil aplicación de la regla del producto donde se considera la ecuación (2). Al sustituir las derivadas resultantes en las ecuaciones (1) y simplificando términos, se obtiene el sistema

$$\begin{aligned} \frac{ds}{dt} &= b - s \left(\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} \right) - \beta is + \omega r - ds, \\ \frac{de}{dt} &= \beta is - e \left(\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} \right) - \sigma e - de, \\ \frac{di}{dt} &= \sigma e - i \left(\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} \right) - \gamma i - (d + \alpha)i, \\ \frac{dr}{dt} &= \gamma i - r \left(\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} \right) - \omega r - dr, \end{aligned}$$

donde el término $\frac{1}{N} \frac{dN}{dt}$ se convierte en $\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} = b - d - \alpha i$. Por lo tanto, obtenemos

$$\begin{aligned} \frac{ds}{dt} &= b - (b - d)s + \alpha is - \beta is + \omega r - ds, \\ \frac{de}{dt} &= \beta is - (b - d)e + \alpha ie - \sigma e - de, \\ \frac{di}{dt} &= \sigma e - (b - d)i + \alpha i^2 - \gamma i - (d + \alpha)i, \\ \frac{dr}{dt} &= \gamma i - (b - d)r + \alpha ir - \omega r - dr. \end{aligned} \quad (3)$$

En este caso, la relación $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N(t)$ se convierte en $s + e + i + r = 1$ lo cual nos permite prescindir de una variable, conocidas las tres restantes. Si sustituimos la igualdad $r = 1 - s - e - i$ en las primeras tres ecuaciones y simplificando (3) obtenemos el sistema reducido

$$\begin{aligned} \frac{ds}{dt} &= A(1 - s) - \omega e - \omega i - (\alpha - \beta)is, \\ \frac{de}{dt} &= \beta is - Be + \alpha ie, \\ \frac{di}{dt} &= \sigma e - Ci + \alpha i^2, \end{aligned}$$

donde $A := b + \omega$, $B := b + \sigma$, $C := b + \gamma + \alpha$ son constantes positivas. Con una simple evaluación del campo vectorial sobre los planos $s = 0$, $e = 0$, $i = 0$, se puede verificar que el

campo vectorial se dirige hacia primer octante convirtiéndolo en un conjunto invariante, por lo que el sistema está bien definido. En consecuencia, el estudio de la dinámica del sistema puede reducirse al conjunto $\mathcal{D} := \{(s, e, i) \in \mathbb{R}^3, |s \geq 0, e \geq 0, i \geq 0, s + e + i \leq 1\}$.

Vale la pena mencionar que en otros trabajos como [15] o [14] los autores también introducen dinámica de población en otros modelos SEIRS que difieren del nuestro ya que consideran, respectivamente, factores de vacunación y factores de incidencia $\beta i^m s^n$ donde m y n son reales positivos, este último término se puede interpretar como una ponderación de la interacción de los susceptibles con los infectados. El estudio realizado en [14] muestra que el solo estudio de los puntos de equilibrio ya es un problema complejo. Por lo tanto, en aras de la simplicidad limitaremos nuestro estudio al caso $\alpha = 0$, es decir, estudiaremos el sistema

$$\begin{aligned}\frac{ds}{dt} &= A(1 - s) - \omega e - \omega i - \beta is, \\ \frac{de}{dt} &= \beta is - Be, \\ \frac{di}{dt} &= \sigma e - Ci.\end{aligned}\tag{4}$$

3. Puntos de equilibrio y estabilidad

En esta sección proporcionaremos una descripción completa de la geometría local asociada a los puntos de equilibrio del sistema (4) para lo cual debemos estudiar la estabilidad de los mismos en términos de los parámetros del sistema. Dado que el sistema depende de varios parámetros, esta tarea no resulta trivial, no obstante, veremos que el estudio es posible usando la teoría de polinomios de Hurwitz y aritmética de series de potencias.

3.1. Los puntos de equilibrio del sistema

No es difícil verificar por simple sustitución que el campo vectorial del sistema (4) tiene al punto $(1, 0, 0)$ como un punto de equilibrio; como $e = i = 0$ en este caso, este punto será llamado *equilibrio libre de enfermedad* y será denotado como \bar{X}_{DFE} por sus siglas en inglés. Por otra parte, una cuidadosa inspección del mismo campo vectorial nos permite obtener otro punto de equilibrio llamado *equilibrio endémico*, denotado como \bar{X}_{EE} , cuyas coordenadas están dadas por la expresión

$$\bar{X}_{EE} = \left(\frac{BC}{\beta\sigma}, \frac{AC \left(1 - \frac{BC}{\beta\sigma}\right)}{C\omega + \omega\sigma + BC}, \frac{\sigma A \left(1 - \frac{BC}{\beta\sigma}\right)}{C\omega + \omega\sigma + BC} \right).$$

Si definimos el cociente $R_0 := \frac{\beta\sigma}{BC}$, entonces podemos escribir

$$\bar{X}_{EE} = \left(\frac{1}{R_0}, \frac{AC \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)}{C\omega + \omega\sigma + BC}, \frac{\sigma A \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)}{C\omega + \omega\sigma + BC} \right),$$

lo cual nos permite verificar de manera más simple la existencia de una bifurcación entre los puntos \bar{X}_{EE} y \bar{X}_{DFE} cuando $R_0 = 1$. También podemos ver que cuando $R_0 < 1$ el punto \bar{X}_{EE} no se encuentra en \mathcal{D} . Por lo tanto, para nuestros fines solo consideraremos el caso cuando $R_0 \geq 1$.

Observaciones 1.

- De manera estricta, los puntos \bar{X}_{EE} y \bar{X}_{DFE} son puntos de equilibrio relativo, ya que estos puntos evolucionan junto con la solución exponencial de (2) en las variables originales (S, E, I, R) .
- El factor R_0 se puede escribir como

$$R_0 = \left(\frac{\sigma}{\sigma + b} \right) \left(\frac{\beta}{b + \gamma} \right) \quad (5)$$

el cual coincide con el número reproductivo básico del modelo original (1) cuando b es reemplazado con μ y $\alpha = 0$; vea la referencia [16].

3.2. Análisis local de los puntos de equilibrio

Un cálculo directo de la matriz de Jacobi del campo vectorial (4) evaluada en el punto \bar{X}_{DFE} nos muestra que se tiene la expresión

$$J(\bar{X}_{DFE}) = \begin{pmatrix} -A & -\omega & -\omega - \beta \\ 0 & -B & \beta \\ 0 & \sigma & -C \end{pmatrix}$$

y el polinomio característico es un polinomio de grado tres que puede ser escrito como

$$\begin{aligned} P_{DFE}(\lambda) &= \lambda^3 + (A + B + C)\lambda^2 + (A(B + C) + BC - \beta\sigma)\lambda + A(BC - \beta\sigma) \\ &= \lambda^3 + (A + B + C)\lambda^2 + (A(B + C) + \beta\sigma(R_0^{-1} - 1))\lambda + A\beta\sigma(R_0^{-1} - 1). \end{aligned}$$

Como el polinomio depende de los parámetros del sistema, será conveniente definir los coeficientes $a_1 := A + B + C$, $a_2 := A(B + C) + \beta\sigma(R_0^{-1} - 1)$, $a_3 := A\beta\sigma(R_0^{-1} - 1)$. Aplicando el criterio de Routh y Hurwitz tenemos que el punto de equilibrio \bar{X}_{DFE} es asintóticamente estable dado que $a_1 > 0$, $a_3 > 0$ y el producto $a_2a_1 = A\beta\sigma(R_0^{-1} - 1) + A^2(B + C) + (B + C)(A(B + C) + \beta\sigma(R_0^{-1} - 1))$ puede ser escrito como $a_2a_1 = a_3 + A^2(B + C) + (B + C)(A(B + C) + \beta\sigma(R_0^{-1} - 1))$ de donde se ve inmediatamente que $a_2a_1 > a_3$ siempre y cuando $R_0 < 1$. En el caso cuando $R_0 = 1$ el polinomio se simplifica y nos permite calcular las raíces del polinomio de manera exacta. Dichas raíces son $\lambda_1 = 0$, $\lambda_2 = -(B + C)$ y $\lambda_3 = -A$.

Cuando $R_0 > 1$, tenemos que se cumplen las desigualdades $a_1 > 0$ y $a_3 < 0$ y en consecuencia, por la regla de los signos de Descartes, existe al menos una raíz real positiva independientemente del signo de a_2 . Para determinar las posibles raíces negativas, consideremos el polinomio

$$P_{DFE}(-\lambda) = -\lambda^3 + a_1\lambda^2 - a_2\lambda + a_3,$$

donde podemos notar que hay dos cambios de signo, y nuevamente, por la regla de los signos, existen dos raíces negativas o ninguna. No obstante, si observamos que el eje s es un conjunto invariante, entonces la dinámica restringida a este conjunto está determinada por la ecuación

$$\frac{ds}{dt} = A(1 - s), \quad s(0) = s_0,$$

cuya solución general es de la forma $s(t) = 1 - (1 - s_0)e^{-At}$. De esta observación, podemos concluir que $\lambda_1 = -A$ es un eigenvalor negativo asociado al vector propio $v_1 = (1, 0, 0)^T$. Por lo tanto, de la regla de los signos obtenemos que tenemos dos raíces negativas

En la siguiente sección usaremos la información geométrica discutida hasta ahora, por lo que conviene resumirla en la siguiente proposición. La prueba es una aplicación directa de álgebra elemental y lineal por lo que los detalles se pueden consultar en el apéndice [2](#)

Proposición 2. *El punto de equilibrio \bar{X}_{DFE} tiene asociados dos valores propios negativos y un valor positivo para todos los valores de los parámetros. El sistema de vectores y valores propios están dados por las expresiones*

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -A, & v_1 &= (1, 0, 0)^T, \\ \lambda_2 &= \frac{1}{2} \left(-(B + C) + \sqrt{D} \right), & v_2 &= \frac{1}{\sigma} \left(-\frac{\omega(\lambda_2 + C) + \sigma(\omega + \beta)}{A + \lambda_2}, \lambda_2 + C, \sigma \right)^T, \\ \lambda_3 &= -\frac{1}{2} \left(B + C + \sqrt{D} \right), & v_3 &= \frac{1}{\sigma} \left(-\frac{\omega(\lambda_3 + C) + \sigma(\omega + \beta)}{A + \lambda_3}, \lambda_3 + C, \sigma \right)^T, \end{aligned}$$

con $D := (B - C)^2 + 4\beta\sigma$. Más aún, existe una variedad inestable de dimensión uno contenida en \mathcal{D} y una variedad estable de dimensión 2 contenida en \mathcal{D}^c para $R_0 > 1$.

Ahora, para el punto \bar{X}_{EE} la matriz de Jacobi evaluada en ese punto se convierte en

$$J(\bar{X}_{EE}) = \begin{pmatrix} -A \left(1 + \frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) & -\omega & -\omega - \frac{\beta}{R_0} \\ A \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) & -B & \frac{\beta}{R_0} \\ 0 & \sigma & -C \end{pmatrix},$$

con $\Omega = (C\omega + \omega\sigma + BC)/BC$. A través de una manipulación algebraica es posible escribir el polinomio característico como sigue

$$\begin{aligned} P_{EE}(\lambda) &= \lambda^3 + \left[A \left(1 + \frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + B + C \right] \lambda^2 + A \left[B + C + \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (B + C + \omega) \right] \lambda \\ &\quad + AC\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (1 + B) := \lambda^3 + a_1 \lambda^2 + a_2 \lambda + a_3, \end{aligned}$$

el cual nos permitirá establecer el siguiente teorema.

Teorema 3. *Si $\omega < 1$ y $R_0 > 1$ entonces $P_{EE}(\lambda)$ es un polinomio de Hurwitz. En consecuencia, las partes reales de sus raíces son negativas y hay al menos una raíz real negativa.*

Demostración. La existencia de al menos una raíz negativa es una consecuencia directa de la regla de los signos dado que todos los coeficientes de $P_{EE}(\lambda)$ son positivos y por lo tanto $P_{EE}(-\lambda)$ tiene tres cambios de signo.

Ahora procederemos a verificar que $P_{EE}(\lambda)$ es un polinomio de Hurwitz. Solo resta verificar la desigualdad $a_1 a_2 > a_3$. Después de un cálculo tedioso, pero necesario, cuyos detalles se pueden consultar en el apéndice [1](#), obtenemos que la condición $a_1 a_2 > a_3$ es equivalente a verificar que la desigualdad

$$\begin{aligned} & A^2 B + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AB^2 + ABC + A^2 C + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC + AC^2 \\ & + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\ & + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AC^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 \omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\ & + A^2 \omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (1 - \omega) > 0, \end{aligned}$$

se satisface. Pero recordando que las cantidades A , B y C son positivas, $R_0 > 1$ y $(1 - \omega) > 0$, entonces, se concluye que $P_{EE}(\lambda)$ es un polinomio de Hurwitz. \square

El teorema anterior no nos proporciona información acerca de la naturaleza compleja o real de los valores propios. Sin embargo, en el siguiente resultado damos condiciones para las cuales los valores propios son negativos y al mismo tiempo podemos dar expresiones cuando R_0 es suficientemente mayor que uno. Debemos mencionar que, aunque el cálculo de los valores propios se puede realizar fácilmente con algún método numérico para un valor dado de R_0 , dicho enfoque suele ocultar, por así decirlo, relaciones importantes entre los coeficientes. Por si esto fuera poco, debemos mencionar que la construcción de las expresiones del siguiente corolario son un buen *calentamiento* para el lector no experto manipulando series de potencia lo cual será necesario en la siguiente sección. Nuevamente, para una mejor lectura del documento, dejamos los detalles de la demostración en el apéndice [3](#).

Corolario 4. Bajo las condiciones del teorema anterior, si $R_0 = 1 + \epsilon$ y $A - B - C \neq 0$, entonces los valores propios son negativos para ϵ suficientemente pequeño. De manera explícita, si

$$\lambda_i = \sum_{n=0}^{\infty} a_n^i \epsilon^n$$

es un valor propio para $i = 1, 2, 3$, entonces los primeros coeficientes están dados por las expresiones

$$a_0^1 = 0 \qquad a_0^2 = -A \qquad a_0^3 = -(B + C)$$

$$a_1^1 = -\frac{C\omega(1+B)}{\Omega(B+C)}$$

$$a_1^2 = -\Omega^{-1} \left(1 + \omega \left(\frac{C-A+BC}{A-B-C} \right) \right)$$

$$a_1^3 = \frac{A\omega}{\Omega} \left(\frac{B(1-C)}{(B+C)(A-B-C)} \right)$$

$$a_2^i = - \left(\frac{2Aa_0^i\Omega^{-1}a_1^i + A\Omega^{-1}(B+C+\omega)a_1^i + 3a_0^i(a_1^i)^2 + (A+B+C)(a_1^i)^2}{3(a_0^i)^2 + 2a_0^i(A+B+C) + A(B+C)} \right)$$

para $i = 1, 2, 3$.

Observaciones 5.

- Vale la pena mencionar que la condición sobre el número reproductivo básico R_0 sea cercano a uno está relacionada con ciertas enfermedades como el caso de la influenza estacional, vea por ejemplo las referencias [13] y [4].
- La condición $A - B - C \neq 0$ es equivalente a pedir que $\omega \neq \sigma + \gamma + b$ la cual muestra que el cambio del punto de equilibrio endémico de un nodo estable a un nodo espiral estable no solo depende del valor de R_0 sino también del valor del parámetro ω .

El corolario (4) establece que es menos probable tener *olas de infección* para una enfermedad con R_0 cercano a uno, lo cual está acorde a un escenario real. Remitimos al lector nuevamente a las referencias [13] y [4] para más detalles. Es posible proporcionar una medida cualitativa acerca de la cantidad de raíces negativas si consideramos el discriminante del polinomio $P_{EE}(\lambda)$ definido como $D := Q^3 + R^2$, donde $Q = (3a_2 - a_1^2)/9$ y $R = (9a_1a_2 - 27a_3 - 2a_1^3)/54$. Por supuesto, los valores de los parámetros para los cuales los valores propios cambian de reales a imaginarios se determinan al resolver la ecuación $D = 0$. Sin embargo, para nuestros fines es más ilustrativo proporcionar regiones en el espacio de parámetros donde D cambia de valores positivos (lo que nos da dos valores propios complejos) a negativos (valores propios reales). En la figura 1 podemos observar dos vistas de la superficie $D(R_0, \omega)$ considerando valores fijos de los parámetros restantes. Observe que, en particular, conforme el valor del periodo medio de inmunidad (determinado por ω) cambia, para un valor fijo de R_0 , el valor de D tiende a ser positivo o negativo dependiendo de los valores de los parámetros restantes, sobre todo del valor del periodo medio de latencia σ . Esto puede verse de manera más fácil en la figura 2 donde se ofrecen perspectivas de la superficie $D(R_0, \omega)$ en los planos (D, ω) y (D, R_0) respectivamente.

4. Implementación del MP en el sistema SEIRS con dinámica de población

Comencemos por describir de manera general los aspectos más importantes detrás del método de la parametrización para variedades invariantes asociadas a un punto de equilibrio p de un campo vectorial $F : \mathbb{R}^N \rightarrow \mathbb{R}^N$. Si Λ_s y Λ_u son matrices de dimensiones n_s

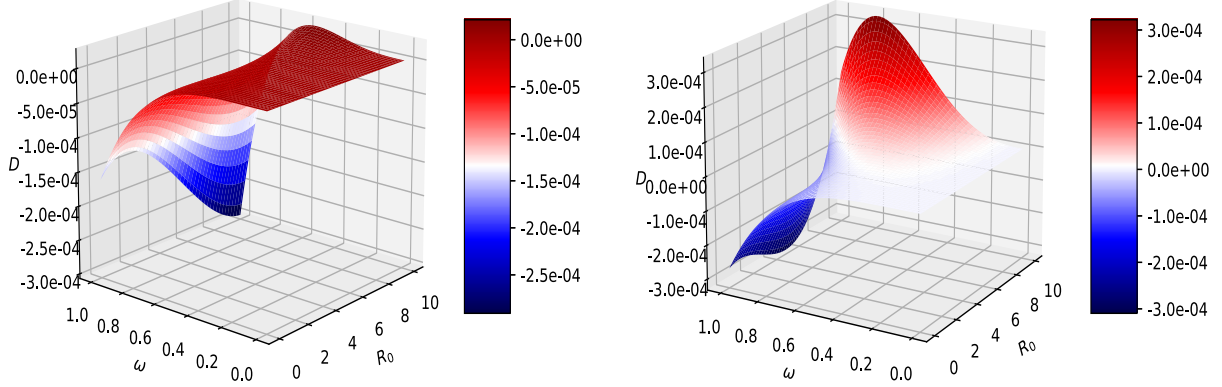


Figura 1: Superficies de D para $(\omega, R_0) \in [0, 1] \times [0, 10]$. Figura de la izquierda. Superficie para $\sigma = 1/14$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$. Figura de la derecha. Superficie para $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$. La escala de tiempo para los parametros está considerada en días. Valores tomados de [16]

y n_u , respectivamente, tales que Λ_s contienen los valores propios con parte real negativa y Λ_u contiene los valores propios con parte real positiva. Para el caso de la variedad local inestable (respectivamente para variedades locales estables), buscamos una parametrización $P_u : B_r(0) \subset \mathbb{R}^{n_u} \rightarrow \mathbb{R}^N$ (respectivamente $P_s : B_r(0) \subset \mathbb{R}^{n_s} \rightarrow \mathbb{R}^N$), con $B_r(0)$ la bola de radio r centrada en el origen de tal forma que $P_u(0) = p$ y $P_u(B_r(0)) = W_{loc}^u(p)$ (respectivamente $P_s(B_r(0)) = W_{loc}^s(p)$). Ambas parametrizaciones se buscan como series de potencias que se construyen de manera similar por lo que restringiremos la discusión para el caso de la variedad inestable. En el caso de la variedad inestable, buscamos una expresión de la forma

$$P(\theta) = \sum_{n=0}^{\infty} P^n(\theta), \quad (6)$$

donde cada $P^n(\theta)$ es un polinomio homogéneo de grado n en $\theta = (\theta_1, \dots, \theta_{n_u})$ variables para el cual $P^0(\theta) = p$ y $P^1(\theta) = (\theta_1, \dots, \theta_{n_u}) \cdot (\xi_1^u, \dots, \xi_{n_u}^u)$ donde cada ξ_i^u es el vector propio correspondiente a cada valor propio contenido en Λ_u para $i = 1, 2, \dots, n_u$. En otras palabras, los elementos $P^0(\theta)$ y $P^1(\theta)$ son conocidos a través de la linealización del campo vectorial. Más aún, el MP toma en cuenta la dinámica interna sobre la respectiva variedad la cual es descrita por un campo vectorial

$$\dot{\theta} = f(\theta), \quad \text{con } f(0) = 0, \quad \text{y } f(\theta) = \sum_{n=1}^{\infty} f^n(\theta),$$

donde $f^n(\theta)$ es un polinomio homogéneo en n_u variables. Dependiendo del problema bajo estudio, se puede escoger de manera distinta la dinámica interna del campo $f(\theta)$. Cuando no

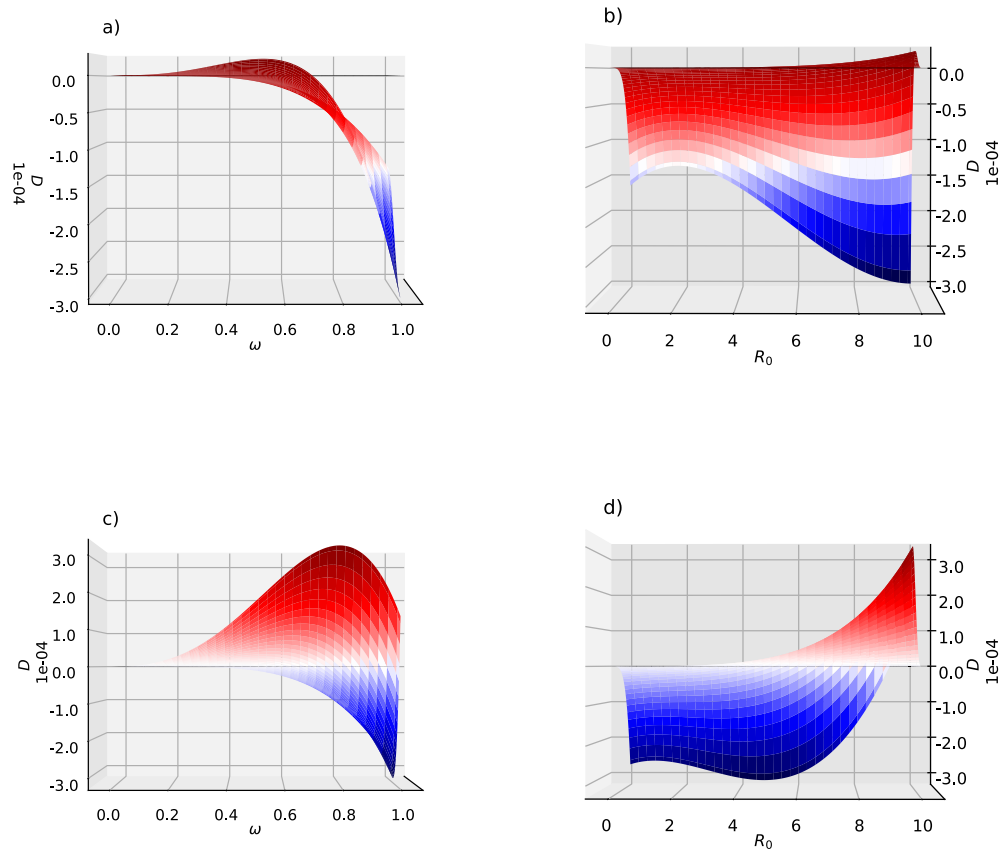


Figura 2: Paneles a) y b). Perspectivas en los planos (D, ω) y (D, R_0) para $\sigma = 1/14$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$. Paneles c) y d). Perspectivas en los planos (D, ω) y (D, R_0) para $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$.

hay resonancias entre los valores propios, la parametrización *estilo forma normal* es apropiada ya que nos permite desacoplar las llamadas *variedades rápidas y lentas* y la dinámica interna es determinada solamente por el campo vectorial lineal $f(\theta) = \Lambda_u \theta$ de donde podemos obtener completamente la dinámica para las variables locales θ . La dinámica de los términos de orden superior en la expresión (6) se obtienen resolviendo una ecuación funcional llamada la *ecuación de invarianza*

$$DP_u(\theta)\Lambda_u\theta = F(P_u(\theta)), \quad (7)$$

donde $DP_u(\theta)$ es la derivada de P_u . Ya que $P_u(\theta)$ está en forma de serie de potencias, la ecuación (7) nos permitirá realizar la clásica estrategia de igualar coeficientes y obtener fórmulas iterativas que pueden ser manipuladas y resueltas pero cuya complejidad depende del campo vectorial F .

Como ya mencionamos anteriormente, nos centraremos en la exploración de la variedad inestable de dimensión uno asociada al punto \bar{X}_{DFE} . Es decir, consideraremos una serie de potencias de la forma

$$P(\theta) = \sum_{n=0}^{\infty} P_n \theta^n, \quad \theta \in \mathbb{R} \quad \text{and} \quad P_n = (p_n^1, p_n^2, p_n^3)^T, \quad (8)$$

donde $P_0 = \bar{X}_{DFE}$, $P_1 = v_2$. Como solo tenemos una variable θ entonces la derivación del lado izquierdo de la ecuación (7) es derivación ordinaria y en consecuencia se obtiene la expresión $\lambda_2 \theta \sum_{n=1}^{\infty} n P_n \theta^{n-1}$, donde no es difícil ver que es equivalente a $\sum_{n=0}^{\infty} n \lambda_2 P_n \theta^n$. Las cantidades λ_2 and v_2 están descritas en la proposición (2). Cabe mencionar que se ha hecho este cambio debido a que luego se deberá igualar coeficientes. La composición $f(P(\theta))$ puede ser manipulada de manera similar como en la prueba del corolario (4) considerando los productos (15). De esta manera, podemos igualar coeficientes con la misma potencia y agrupar los términos con índice n

$$\begin{pmatrix} n\lambda_2 + \beta p_0^3 + A & \omega & \omega + \beta p_0^1 \\ -\beta p_0^3 & n\lambda_2 + B & -\beta p_0^1 \\ 0 & -\sigma & n\lambda_2 + C \end{pmatrix} \begin{pmatrix} p_n^1 \\ p_n^2 \\ p_n^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\beta \sum_{k=1}^{n-1} p_{n-k}^3 p_k^1 \\ \beta \sum_{k=1}^{n-1} p_{n-k}^3 p_k^1 \\ 0 \end{pmatrix} \quad (9)$$

o, de manera equivalente

$$(Df(P_0) - n\lambda_2 I_3) p_n = \beta s_{n-1} (1, -1, 0)^T$$

donde I_3 es la matriz identidad de dimensión 3 y $s_{n-1} := \sum_{k=1}^{n-1} p_{n-k}^3 p_k^1$ para $n \geq 2$.

Observe que se ha construido un sistema lineal que puede ser resuelto para todo $n \geq 2$, ya que, recordando nuevamente la proposición (2), $n\lambda_2$ no es un valor propio del sistema. Dada la naturaleza del campo vectorial (4) y que $P_0 = (1, 0, 0)^T$, es posible resolver el sistema lineal de manera explícita y así obtener expresiones cerradas para los coeficientes de la serie en términos de todos los parámetros del sistema. De esta forma, se puede verificar que la solución de (9) está dada por la expresión

$$\begin{pmatrix} p_n^1 \\ p_n^2 \\ p_n^3 \end{pmatrix} = \beta s_{n-1} \begin{pmatrix} -\frac{n^2 \lambda_2^2 + n\lambda_2(B+C+\omega) + BC + C\omega + \sigma\omega}{(A+n\lambda_2)(n^2 \lambda_2^2 + n\lambda_2(B+C) + R_0^{-1})} \\ \frac{n\lambda_2 + C}{n^2 \lambda_2^2 + n\lambda_2(B+C) + R_0^{-1}} \\ \frac{\sigma}{n^2 \lambda_2^2 + n\lambda_2(B+C) + R_0^{-1}} \end{pmatrix}. \quad (10)$$

n	p_n^1	p_n^2	p_n^3
0	$1.00000000 \times 10^{+00}$	$0.00000000 \times 10^{+00}$	$0.00000000 \times 10^{+00}$
1	$-9.39054422 \times 10^{-01}$	$2.49524982 \times 10^{-01}$	$2.36461574 \times 10^{-01}$
2	$8.98921822 \times 10^{+00}$	$-2.57476531 \times 10^{+00}$	$-2.33146787 \times 10^{+00}$
3	$-8.34152826 \times 10^{+01}$	$2.55484854 \times 10^{+01}$	$2.21493921 \times 10^{+01}$
4	$7.60881343 \times 10^{+02}$	$-2.47514403 \times 10^{+02}$	$-2.05821110 \times 10^{+02}$
5	$-6.86563117 \times 10^{+03}$	$2.35842932 \times 10^{+03}$	$1.88421269 \times 10^{+03}$
6	$6.14919383 \times 10^{+04}$	$-2.21954600 \times 10^{+04}$	$-1.70630969 \times 10^{+04}$

Tabla 1: Coeficientes (10) utilizando el vector propio normalizado $v_2/||v_2||$.

Desde luego, uno de los beneficios principales de obtener expresiones cerradas para los coeficientes es que se puede analizar los decaimientos de los coeficientes en términos de los parámetros del sistema. Por ejemplo, no es difícil realizar las siguientes observaciones

Observaciones 6.

- *Entre mayor sea el valor del parámetro β , mayor será la magnitud de los coeficientes de la serie.*
- *El decaimiento más rápido de los coeficientes sucede para la componente p_n^3 que corresponde a los infectados. Inclusive este decaimiento acelera para valores pequeños de σ .*
- *Conforme el valor de R_0 se incrementa, la distancia entre los puntos de equilibrio se incrementa y el efecto de R_0 tiende a tener menos impacto en el decaimiento de los coeficientes.*
- *El decaimiento de las coordenadas p_n^1 y p_n^2 es similar.*

El decaimiento de los coeficientes puede notarse de mejor manera si realizamos unas pruebas numéricas. Una primera elección obvia para p_1 es considerar el vector normalizado $v_2/||v_2||$ mencionado en la proposición (2); los términos de orden superior se pueden ver en la tabla (1) para $R_0 = 1.1$. Podemos observar que los coeficientes no decrecen, sino por el contrario, éstos aumentan conforme n aumenta.

No obstante, una de las ventajas operativas que tiene el MP es que podemos utilizar cualquier vector en el espacio propio, es decir, podemos cambiar la escala del vector propio sin que esto modifique el método. Por ejemplo, si dividimos cada coeficiente de v_2 por un factor de 30 y repetimos los cálculos, obtenemos los coeficientes de la tabla (2) donde se pueden observar los coeficientes hasta orden 20 los cuales esta vez decaen. Debemos mencionar que hemos detenido los cálculos a este orden debido a que los valores de los coeficientes se aproximan al valor épsilon de maquina en aritmética de doble precisión y no porque aumenten la complejidad de los cálculos conforme el orden avanza. En otras palabras, el grado de los polinomios solo está limitado por la aritmética de punto flotante que se utilice. En la referencia

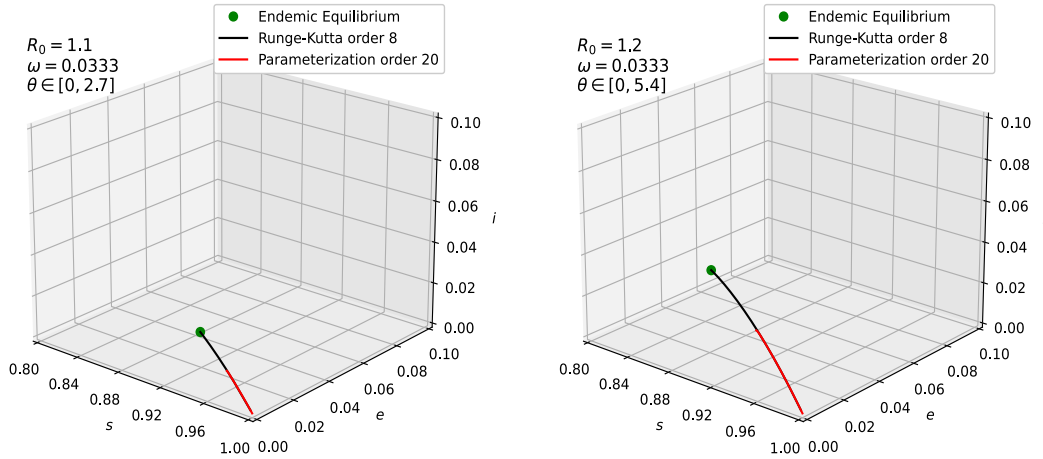


Figura 3: Variedad inestable de dimensión uno (en rojo) calculada con el MP de orden 20 y con valores de los parámetros: $\sigma = 1/14$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$.

[1] el lector puede encontrar cálculos para las variedades del sistema de Lorenz donde se utiliza aritmética extendida y en consecuencia los órdenes utilizados rondan el valor 50.

En la figura [3] podemos ver el comportamiento geométrico de las variedades calculadas para valores $R_0 = 1.1$ y $R_0 = 1.2$ donde solo hay valores propios reales para el equilibrio endémico como fue predicho en el corolario [4]. En la figura [4] se pueden visualizar las parametrizaciones para valores mayores de R_0 y con el mismo factor de escala para el vector propio. Es interesante notar que, debido a que la parametrización es de alto orden, ésta puede describir buena parte (que precisaremos más adelante) de las trayectorias heteroclínicas, las cuales se completaron con integración numérica. Si recordamos que los puntos de equilibrio tienden a alejarse conforme aumentamos el valor de R_0 entonces las respectivas trayectorias heteroclínicas son más extensas, no obstante, la parametrización parece no ser afectada por este hecho. Inclusive, se puede observar que el decaimiento de los coeficientes se acelera conforme R_0 crece.

En este punto es importante precisar lo que significa que la parametrización cubra buena parte de las trayectorias heteroclínicas. Recuerde que la parametrización se busca en forma de series de potencia lo que implica que tiene un radio de convergencia para su variable θ , dicho radio de convergencia determina el denominado *dominio fundamental* donde la parametrización aproxima una variedad con una tolerancia dada. Si bien es cierto que dicho radio de convergencia puede ser estimado analizando los coeficientes de las series, preferimos ofrecer una medida cualitativa del dominio fundamental considerando los valores máximos de θ donde la variedad comienza a *separarse* de la trayectoria heteroclínica aproximada numéricamente. De hecho, para variedades de dimensiones mayores esta estrategia de medir la máxima separación entre la parametrización y las trayectorias integradas numéricamente con un método de alto orden proporciona una medida del dominio fundamental. El lector interesado puede consultar el libro [1] para una discusión más detallada. Cabe mencionar

n	p_n^1	p_n^2	p_n^3
0	$1.00000000 \times 10^{+00}$	$0.00000000 \times 10^{+00}$	$0.00000000 \times 10^{+00}$
1	$-3.13018141 \times 10^{-02}$	$8.31749941 \times 10^{-03}$	$7.88205247 \times 10^{-03}$
2	$9.98802024 \times 10^{-03}$	$-2.86085034 \times 10^{-03}$	$-2.59051985 \times 10^{-03}$
3	$-3.08945491 \times 10^{-03}$	$9.46240200 \times 10^{-04}$	$8.20347856 \times 10^{-04}$
4	$9.39359683 \times 10^{-04}$	$-3.05573337 \times 10^{-04}$	$-2.54100136 \times 10^{-04}$
5	$-2.82536262 \times 10^{-04}$	$9.70547043 \times 10^{-05}$	$7.75396170 \times 10^{-05}$
6	$8.43510813 \times 10^{-05}$	$-3.04464472 \times 10^{-05}$	$-2.34061687 \times 10^{-05}$
7	$-2.50477662 \times 10^{-05}$	$9.45907835 \times 10^{-06}$	$7.00726609 \times 10^{-06}$
8	$7.40763686 \times 10^{-06}$	$-2.91581208 \times 10^{-06}$	$-2.08420555 \times 10^{-06}$
9	$-2.18377904 \times 10^{-06}$	$8.93000372 \times 10^{-07}$	$6.16665065 \times 10^{-07}$
10	$6.42137312 \times 10^{-07}$	$-2.71996238 \times 10^{-07}$	$-1.81667412 \times 10^{-07}$
11	$-1.88423530 \times 10^{-07}$	$8.24578491 \times 10^{-08}$	$5.33248978 \times 10^{-08}$
12	$5.51922713 \times 10^{-08}$	$-2.48958734 \times 10^{-08}$	$-1.56044166 \times 10^{-08}$
13	$-1.61424871 \times 10^{-08}$	$7.48972618 \times 10^{-09}$	$4.55428189 \times 10^{-09}$
14	$4.71519876 \times 10^{-09}$	$-2.24608389 \times 10^{-09}$	$-1.32617603 \times 10^{-09}$
15	$-1.37574241 \times 10^{-09}$	$6.71670045 \times 10^{-10}$	$3.85405315 \times 10^{-10}$
16	$4.00994548 \times 10^{-10}$	$-2.00346240 \times 10^{-10}$	$-1.11808394 \times 10^{-10}$
17	$-1.16775149 \times 10^{-10}$	$5.96222439 \times 10^{-11}$	$3.23861518 \times 10^{-11}$
18	$3.39790706 \times 10^{-11}$	$-1.77063516 \times 10^{-11}$	$-9.36800400 \times 10^{-12}$
19	$-9.87993201 \times 10^{-12}$	$5.24835262 \times 10^{-12}$	$2.70645756 \times 10^{-12}$
20	$2.87081497 \times 10^{-12}$	$-1.55295724 \times 10^{-12}$	$-7.81045888 \times 10^{-13}$

Tabla 2: Coeficientes (10) utilizando un vector propio escalado.

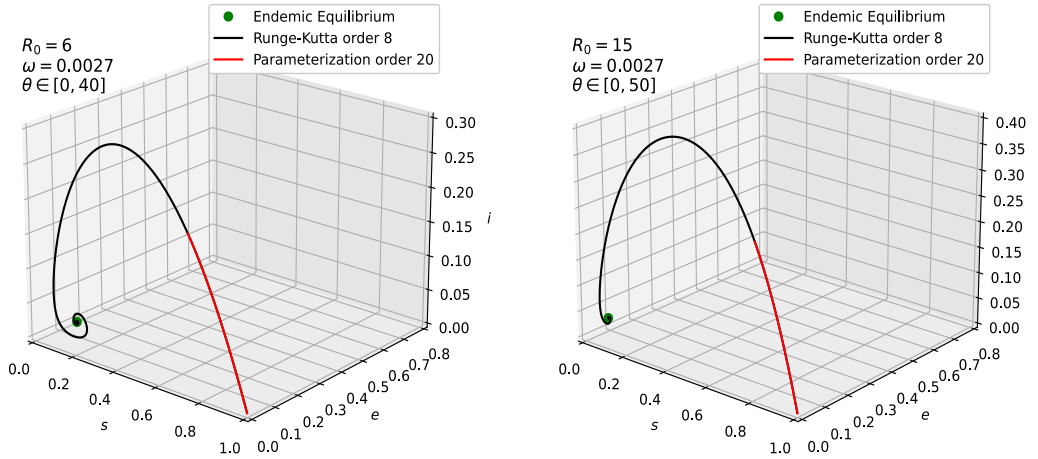


Figura 4: Variedad inestable de dimensión uno (en rojo) calculada con el PM de orden 20 y con valores de los parámetros: $\sigma = 1/14$, $\gamma = 1/14$, and $b = (16/100)/365$.

que en [18] se realizaron implementaciones detalladas del MP en los modelos SIR clásicos que son más sencillos pero, no menos importantes. En la figura 5 mostramos algunas separaciones entre las parametrizaciones y trayectorias numéricas lo cual proporciona una medida cualitativa del radio de convergencia de las series.

5. Conclusiones y perspectivas

Hemos extendido un modelo SEIRS al introducir dinámica de población para considerar escenarios donde los nacimientos y muertes no están en equilibrio. Se realizó un estudio exhaustivo de la estabilidad de los puntos de equilibrio para todos los valores admisibles de los parámetros del sistema y se describió a detalle la geometría local de dichos puntos. Con este análisis demostramos de manera rigurosa que el punto de equilibrio \bar{X}_{DFE} es inestable para todos los valores de los parámetros que satisfagan $R_0 > 1$; además usando el resultado que afirma que el espacio inestable del punto \bar{X}_{DFE} está contenido en la región de interés \mathcal{D} más el resultado que establece que el punto \bar{X}_{EE} es asintóticamente estable para éstos valores de R_0 , tenemos garantizada la existencia de órbitas heteroclínicas que hemos explorado de manera local implementando el MP obteniendo expresiones explícitas para las series de potencias que las describen.

Los estimados cuantitativos y cualitativos acerca de la estabilidad del punto de equilibrio \bar{X}_{EE} proveen regiones para el espacio de parámetros para los cuales aparecen las llamadas *olas de infección* de una enfermedad, como las que estamos experimentando actualmente con la propagación de COVID 19. La obtención de expresiones explícitas para las órbitas heteroclínicas locales podrían ser usadas para el estimado de los parámetros del sistema al considerar datos observados para una enfermedad y técnicas clásicas de estimación de

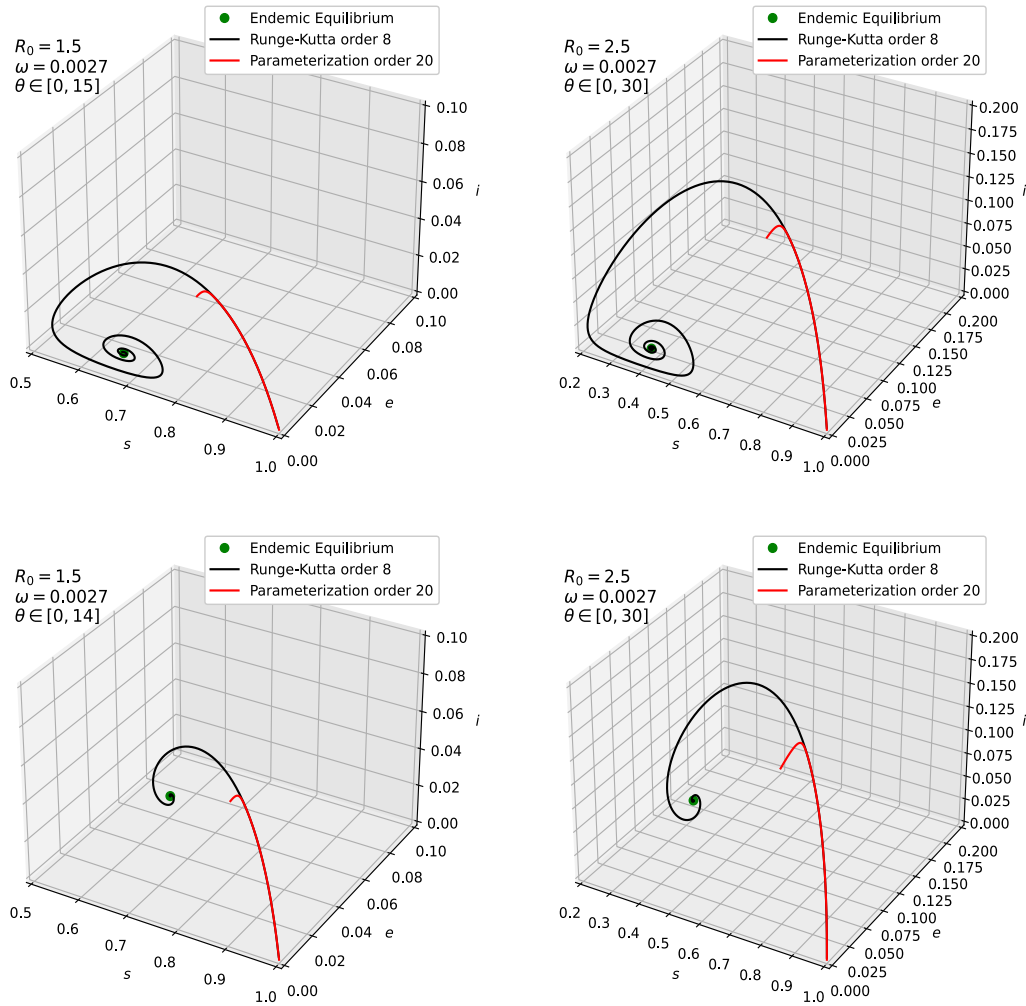


Figura 5: Variedades inestables de dimensión uno (en rojo) calculada con el MP de orden 20 con valores de los parámetros: $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/14$ y $b = (16/100)/365$.



parámetros como mínimos cuadrados o máxima verosimilitud. Creemos que esta motivación práctica junto con la importancia que tienen las variedades invariantes para *separar* las regiones en el espacio fase hacen que implementar el MP en sistemas epidemiológicos con dinámica más complicada sea un siguiente paso que vale la pena dar.

Agradecimientos

Agradecemos al doctor Victor Breña-Medina y a los revisores anónimos por sus valiosos comentarios que ayudaron a mejorar este trabajo. También deseamos agradecer al doctor Pedro Reyes-Pérez por su hospitalidad en la UAM-I donde este trabajo comenzó. Este trabajo fue posible gracias al apoyo del Sistema Nacional de Investigadores (SNI) y la Coordinación de la Unidad Saltillo (CUS) de la Universidad Autónoma de Coahuila.

1. Detalles algebraicos de la prueba del teorema 3

En la prueba del teorema 3 necesitamos verificar la condición $a_1 a_2 > a_3$, o equivalentemente, necesitamos verificar la desigualdad

$$A \left[B + C + \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (B + C + \omega) \right] \left[A \left(1 + \frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + B + C \right] > AC\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (1 + B). \quad (11)$$

Si, por el contrario, suponemos que la desigualdad no se cumple, entonces, expandiendo el lado izquierdo de (11), nos lleva a considerar la desigualdad

$$\begin{aligned} & A^2 B + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AB^2 + ABC + A^2 C + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC + AC^2 \\ & + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\ & + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AC^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\ & + A^2 \omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2 \omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AC\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \leq \\ & AC\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (1 + B), \end{aligned}$$

si ponemos todos los términos de (11) en el lado izquierdo obtenemos

$$\begin{aligned}
& A^2B + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AB^2 + ABC + A^2C + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC + AC^2 \\
& + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\
& + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AC^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\
& + A^2\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) - ABC\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \leq 0.
\end{aligned}$$

Asociando términos de manera conveniente, obtenemos la desigualdad

$$\begin{aligned}
& A^2B + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + AB^2 + ABC + A^2C + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC + AC^2 \\
& + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2B \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\
& + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2C \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AC^2 \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + A^2\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) \\
& + A^2\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right)^2 + AB\omega \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) + ABC \left(\frac{R_0 - 1}{\Omega} \right) (1 - \omega) \leq 0,
\end{aligned}$$

Como todos los parámetros son no negativos tenemos que A , B and C son cantidades positivas; y también $R_0 > 1$ y $(1 - \omega) > 0$ por hipótesis, lo que nos lleva a una contradicción. Por lo tanto, $a_1 a_2 > a_3$ se debe cumplir.

2. Prueba de la proposición 2

Recordemos que $\lambda_1 = -A$ es un valor propio, entonces, por medio de una división de polinomios obtenemos la factorización

$$P_{DFE}(\lambda) = (\lambda + A) (\lambda^2 + (B + C)\lambda + \beta\sigma(R_0^{-1} - 1)),$$

y usando la relación $BC - \beta\sigma = \beta\sigma(R_0^{-1} - 1)$ obtenemos que la raíces restantes son

$$\lambda_2 = \frac{1}{2} \left(-(B + C) + \sqrt{D} \right) \quad \lambda_3 = -\frac{1}{2} \left(B + C + \sqrt{D} \right).$$

Desde luego, $\lambda_3 < 0$ lo que lleva a que λ_2 sea positiva por la regla de los signos de Descartes. Los vectores propios asociados con λ_2 se obtienen al resolver el sistema

$$(J(1, 0, 0) - \lambda_2 I_3) \mathbf{x} = \mathbf{0},$$

donde $\mathbf{x} = (x_1, x_2, x_3)^T$ y $\mathbf{0} = (0, 0, 0)^T$. Un cálculo directo nos muestra que, en particular, debemos resolver el subsistema

$$\begin{aligned} -(B + \lambda_2)x_2 + \beta x_3 &= 0, \\ \sigma x_2 - (C + \lambda_2)x_3 &= 0 \end{aligned} \quad (12)$$

cuyo determinante es cero y en consecuencia tiene infinitas soluciones dadas por las expresiones

$$x_3 = \alpha, \quad x_2 = \frac{1}{\sigma}(C + \lambda_2)\alpha, \quad \alpha \in \mathbb{R}.$$

La componente x_1 se obtiene al resolver la ecuación $-(A + \lambda_2)x_1 - \omega x_2 - (\omega + \beta)x_3 = 0$. Como $\lambda_2 > 0$ y considerando $\alpha > 0$, tenemos que la segunda y tercera componentes de v_2 son positivas y en consecuencia el vector apunta hacia la región \mathcal{D} . Por otro lado, una manipulación análoga muestra que para el vector propio λ_3 obtenemos un subsistema similar a (12). En consecuencia, trabajando con la segunda ecuación de (12) tenemos que si $\lambda_3 + C \geq 0$ entonces $C - B \geq \sqrt{D}$ lo que conduce a la desigualdad $(C - B)^2 \geq D$ la que su vez implica que $0 \geq 4\beta\sigma$, lo que es una contradicción. Por lo tanto, $\lambda_3 + C < 0$ y así la componente x_3 de v_3 apunta hacia el eje e negativo. Recordando que $v_1 = (1, 0, 0)^T$ nos lleva a concluir que el subespacio generado por v_1 y v_3 está contenido en \mathcal{D}^c .

3. Prueba de corolario 4

Definamos el polinomio $P_{EE}(\lambda, \epsilon)$ como una forma perturbativa de $P_{EE}(\lambda)$ dada por la expresión

$$P_{EE}(\lambda, \epsilon) = \lambda^3 + \left(A + B + C + \frac{A}{\Omega}\epsilon\right)\lambda^2 + A\left(B + C + \frac{(B + C + \omega)}{\Omega}\epsilon\right)\lambda + \frac{AC\omega(1 + B)}{\Omega}\epsilon. \quad (13)$$

Es fácil verificar que las raíces para $\epsilon = 0$ son

$$\lambda_0^1 = 0, \quad \lambda_0^2 = -A, \quad \text{and} \quad \lambda_0^3 = -(B + C).$$

Como λ_0^2 y λ_0^3 son negativos, por el teorema de la función implícita será suficiente mostrar que dichas raíces no son puntos críticos del polinomio. Un cálculo directo muestra que las derivadas evaluadas en cada raíz son de la forma

$$P'_{EE}(\lambda_0^2, 0) = A(A - B - C), \quad P'_{EE}(\lambda_0^3, 0) = -(B + C)(A - B - C),$$

que son diferentes de cero por hipótesis. El siguiente paso es calcular los primeros coeficientes de las series para cada λ_i . Para esto, debemos considerar expresiones de la forma

$$\lambda_i = \sum_{n=0}^{\infty} a_n^i \epsilon^n, \quad \lambda_i^2 = \sum_{n=0}^{\infty} b_n^i \epsilon^n, \quad \lambda_i^3 = \sum_{n=0}^{\infty} c_n^i \epsilon^n, \quad (14)$$

con $i = 1, 2, 3$. La parte crucial, desde el punto de vista operativo, es calcular los coeficientes b_n y c_n de manera efectiva a todo orden. Para esto, consideramos el producto de Cauchy para series infinitas. En consecuencia,

$$b_n^i := \sum_{k=0}^n a_{n-k}^i a_k^i, \quad c_n^i := \sum_{k=0}^n a_{n-k}^i b_k^i, \quad (15)$$

donde los primeros coeficientes son: $b_0^i = (a_0^i)^2$, $c_0^i = (a_0^i)^3$, $b_1^i = 2a_1^i a_0^i$ y $c_1^i = a_1^i (b_0^i + 2(a_0^i)^2)$. Sustituyendo las expresiones (14) en (13) e igualando potencias obtenemos para $n = 1$

$$c_1^i + (A + B + C)b_1^i + a_1^i A(B + C) = -\frac{A}{\Omega} (b_0^i + (B + C + \omega)a_0^i + C\omega(1 + B)). \quad (16)$$

Sustituyendo los primeros términos de (15) en esta igualdad nos permite obtener una expresión general para a_1^i

$$a_1^i = -\frac{A}{\Omega} \left(\frac{(a_0^i)^2 + (B + C + \omega)a_0^i + C\omega(1 + B)}{3(a_0^i)^2 + 2a_0^i(A + B + C) + A(B + C)} \right),$$

de donde se puede obtener fácilmente las expresiones que menciona el corolario para cada a_1^i . Ahora, para $n \geq 2$

$$\sum_{n=1}^{\infty} \left(c_n^i + (A + B + C)b_n^i + b_{n-1}^i \frac{A}{\Omega} + a_n^i A(B + C) + \frac{A(B + C + \omega)}{\Omega} a_{n-1}^i \right) \epsilon^n = 0. \quad (17)$$

Poniendo los términos con índice n a la izquierda, y los términos con índice $n - 1$ a la derecha, obtenemos la siguiente expresión

$$a_n^i = -\frac{2A\Omega^{-1}a_0^i a_1^i + A\Omega^{-1}(B + C + \omega)a_1^i + \sum_{k=1}^{n-1} a_{n-k}^i (b_k^i + a_0^i a_k^i) + (A + B + C) \sum_{k=1}^{n-1} a_{n-k}^i a_k^i}{3(a_0^i)^2 + 2a_0^i(A + B + C) + A(B + C)},$$

la cual puede ser simplificada para $n = 2$ y obtener

$$a_2^i = -\left(\frac{2Aa_0^i \Omega^{-1} a_1^i + A\Omega^{-1}(B + C + \omega)a_1^i + 3a_0^i (a_1^i)^2 + (A + B + C)(a_1^i)^2}{3(a_0^i)^2 + 2a_0^i(A + B + C) + A(B + C)} \right).$$

De estas expresiones tenemos que a_1^1 y a_2^1 son negativos. Por lo tanto, λ_1 es negativo para ϵ suficientemente pequeño.

Referencias

- [1] Á. Haro, M. Canadell, J.-Ll. Figueras, A. Luque, J. M. Mondelo, *The Parametrization Method for Invariant Manifolds. From Rigorous Results to Effective Computations*. Applied Mathematical Sciences. Springer, 2016.
- [2] B. Krauskopf, H. M. Osinga, E. J. Doedel, M. E. Henderson, J. Guckenheimer, A. Vladimírsky, M. Dellnitz, and O. Junge, "A survey of methods for computing (un)stable manifolds of vector fields," *International Journal of Bifurcation and Chaos*, vol. 15, no. 03, pp. 763-791, 2005.
- [3] E. Villar-Sepúlveda, P. Aguirre, and V. Breña-Medina, "A case study of multiple wave solutions in a reaction-diffusion system using invariant manifolds and global bifurcations," To appear in *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*. <https://arxiv.org/pdf/2008.05628v4.pdf>
- [4] G. Chowell, M. Miller and C. Viboud, "Seasonal influenza in the United States, France, and Australia: Transmission and prospects for control," *Epidemiology and Infection*, vol. 136, no. 6, pp. 852-864, June 2008 . DOI:10.1017/S0950268807009144.
- [5] H.W. Hethcote, "The Mathematics of Infectious Diseases," *SIAM Review*, vol. 42, no. 4, pp. 599-653, 2000.
- [6] J. Guckenheimer, and P. Holmes. Differential Equations and Dynamical Systems, *Texts in Applied Mathematics*. Springer New York, NY, 2001.
- [7] J. Burgos-García, A. Bengochea, and L. Franco-Pérez., "The spatial Hill four-body problem I. An exploration of basic invariant sets," *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, vol. 108, 106264, 2022.
- [8] J. Burgos-García, J.P. Lessard, and J.D. Mireles James, "Spatial periodic orbits in the equilateral circular restricted four-body problem: computer-assisted proofs of existence," *Celest Mech Dyn Astr.*, vol.131, no. 2, 2019.
- [9] J.B. Van der Berg, and J.P. Lessard, "Rigorous Numerics in Dynamics," in *Proceedings of Symposia in Applied Mathematics*. American Mathematical Society, vol. 74, 2016.
- [10] L. Perko. *Differential Equations and Dynamical Systems*. Texts in Applied Mathematics. Springer New York, 2001.
- [11] L. Wu, and F. Zhilan, "Homoclinic Bifurcation in an SIQR Model for Childhood Diseases," *Journal of Differential Equations*, vol.168, pp. 150-167, 2000.
- [12] M. Erdem, S. Muntaser, and C. Castillo-Chavez, "Mathematical Analysis of an SIQR Influenza Model with Imperfect Quarantine," *Bulletin of Mathematical Biology*, vol. 79, pp. 1612-1636, 2017.

- [13] M. Biggerstaff, S. Cauchemez, C. Reed, M. Gambhir, and L. Finelli, “Estimates of the reproduction number for seasonal, pandemic, and zoonotic influenza: a systematic review of the literature,” *BMC Infect Dis*, vol. 14, 480, 2014.
- [14] M.P. Markakis, and P.S. Douris, “Hopf Bifurcation Analysis of a New SEIRS Epidemic model with Nonlinear Incidence Rate and Nonpermanent Immunity,” *International Journal of Mathematics and Mathematical Sciences*, vol. 2018, Article ID 1467235, 13 pages, 2018.
- [15] M.B. Trawicki, “Deterministic Seirs Epidemic Model for Modeling Vital Dynamics, Vaccinations, and Temporary Immunity,” *Mathematics*, vol. 5, no. 1, 2017.
- [16] O.N. Bjørnstad, K. Shea, M. Krzywinski, and N. Altman, “The SEIRS model for infectious disease dynamics,” *Nat methods*, vol. 17, pp. 557-558, 2020.
- [17] P.S. Douris, and M.P. Markakis, “Global Connecting Orbits of a SEIRS Epidemic model with Nonlinear Incidence Rate and Nonpermanent Immunity,” *Engineering Letters*, vol. 27, no. 4, pp. 1-10, 2019.
- [18] R.A. Salas-Vega, “Aspectos analíticos y geométricos de modelos epidemiológicos con dinámica de población”. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias Físico Matemáticas. UAdeC. Saltillo, Coah. México, abril 2023. <http://dx.doi.org/10.13140/RG.2.2.10224.02564>
- [19] Z. Xiaoguang, C. Shan, Z. Jin, and H. Zhu, “Complex dynamics of epidemic models on adaptive networks,” *Journal of Differential Equations*, vol. 266, no. 1, pp. 803-832, January 2019.

Como citar este artículo: R. A. Salas-Vega y J. Burgos-García, “Aspectos analíticos y geométricos de un modelo epidemiológico con dinámica de población”, *Sahuarus. Revista Electrónica de Matemáticas*, vol. 7, no. 2, pp. 29-51, 2023. <https://doi.org/10.36788/sah.v7i2.144>