



UNIVERSIDAD DEL PAPALOAPAN

Campus Loma Bonita

LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS APLICADAS

**GRÁFICAS EN BIOLOGÍA: ESTRUCTURA Y DINÁMICA
DE CICLOS DE VIDA DE MACROPARÁSITOS**

Tesis

Que para obtener el título de

Licenciado en Matemáticas Aplicadas

PRESENTA:

JERONIMO HERNANDEZ MENDOZA

ASESOR

DR. JORGE X. VELASCO HERNÁNDEZ

CO-ASESORA

DRA. BEATRIZ CARELY LUNA OLIVERA

*Dedicado a
mi familia*

Dedicado de manera especial a mis padres y hermanos, por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos, sus valores, por la motivación constante que me ha permitido ser una persona de bien, pero más que nada, por el cariño y la confianza en mí depositados.

Agradecimientos

Me gustaría que estas líneas sirvieran para expresar mi más profundo y sincero agradecimiento a todas aquellas personas que estuvieron conmigo a lo largo de mi carrera profesional, significó mucho para mí sus consejos, su apoyo, así como todas las experiencias que en su momento viví con ellos.

En especial a la Dra. Beatriz Carely, co-directora de este trabajo, por la orientación, el seguimiento y la supervisión continúa de la misma, pero sobre todo por la motivación y el apoyo recibido a lo largo de estos años.

Especial reconocimiento merece el Dr. Jorge X. Velasco, director de este trabajo, por permitirme realizar la tesis bajo su dirección, por sus sugerencias y seguimiento, así como la confianza en mí depositada.

Quisiera hacer extensiva mi gratitud a mis compañeros de la Lic. en Matemáticas Aplicadas por su amistad y apoyo en los momentos de desánimo.

A todos ellos, muchas gracias.

Resumen

En un ecosistema muchas especies necesitan establecer diferentes tipos de interacciones con otras especies, algunas a corto y otras a largo plazo. Una de estas interacciones es el parasitismo, proceso por el cual una especie amplía su capacidad de supervivencia utilizando a otras especies para que cubran sus necesidades básicas y vitales. La relación entre las poblaciones de los hospedadores y sus parasitoides ha atraído mucha atención por parte de los ecólogos, biólogos y matemáticos. Una gran variedad de modelos matemáticos se han construido para estudiar las asociaciones entre especies y sus propiedades, con el fin de comprender mejor la naturaleza y predecir el futuro de estas interacciones. Este trabajo se centra en un análisis topológico y dinámico de las relaciones entre el humano y dos de los macroparásitos más comunes en la región de la cuenca del Papaloapan, *T. solium* y *T. saginata*. El análisis topológico se hace en términos de eigenvalores, eigenvectores, conectividad, centralidad, intermediación y otras métricas usadas en el estudio de redes complejas. Para la dinámica se proponen dos modelos en tiempo discreto, uno lineal y otro no lineal, para la transmisión humano-cerdo-huevos de *T. solium*.

Palabras clave: parásitos, ciclo de vida, topología de una red, dinámica discreta.

Abstract

Many species in an ecosystem need to establish different types of interactions with other species, some short and some long term. One of these interactions is parasitism, the process by which a species expands its ability to survive using other species to cover their basic living needs. The relationship between the populations of hosts and parasites has attracted much attention from ecologists, biologists and mathematicians. A variety of mathematical models were built to study the associations between species and their properties, in order to better understand the nature and predict the future of these interactions. This work focuses on a topological and dynamic analysis of the relationships between human and two of the most common macroparasites in the Papaloapan Region, *T. solium* and *T. saginata*. The topological analysis is done in terms of eigenvalues, eigenvectors, connectivity, centrality and other metrics used in the study of complex networks. Two models for dynamic discrete-time, linear, and other non-linear, for human-pig-transmission of *T. solium* eggs are proposed.

keywords: parasites, life cycle, network topology, discret dynamics.

Índice general

Agradecimientos	II
Lista de figuras	VII
Lista de tablas	VIII
1. Introducción	1
2. Preliminares	3
2.1. Gráficas	3
2.2. Matriz de adyacencia y laplaciana	4
2.3. Medidas invariantes	4
2.3.1. Distribución de grados	4
2.3.2. Conectividad	5
2.3.3. Distancia	5
2.3.4. Índice de emparejamiento	6
2.3.5. Coeficiente de clusterización	6
2.3.6. Centralidad	7
2.3.7. Intermediación	8
2.4. Sistemas dinámicos discretos	8
2.4.1. ¿Qué es un sistema dinámico?	8
2.4.2. Dinámica en la naturaleza	8
2.4.3. Ejemplos de modelos discretos aplicados a parásitos	9
2.4.4. Conceptos básicos	10
3. Análisis topológico	13
3.1. Gráficas	13
3.2. Matrices asociadas a las gráficas	14

3.3. Medidas invariantes	17
4. Modelo dinámico discreto	25
4.1. Modelo lineal	25
4.1.1. Análisis del modelo	26
4.1.2. Análisis del espacio de parámetros	28
4.1.3. Ejemplos	31
4.2. Modelo no lineal	34
4.2.1. Análisis del modelo no lineal	35
4.2.2. Análisis del espacio de parámetros	36
4.2.3. Ejemplos	38
5. Conclusiones	41

Índice de figuras

2.1. Representación gráfica de la interacción hospedero-parásito	9
3.1. Macroparásitos más comunes en la región	13
3.2. Redes abordadas	14
3.3. Distribución de grados de entrada y de salida de MAD1 y MAD2	18
3.4. Distribución de grados de entrada y de salida de MAD3 y MAD4	19
3.5. Coeficiente de distribución por grado de las 4 redes	22
4.1. Regiones de estabilidad modelo lineal, caso 1	29
4.2. Regiones de estabilidad modelo lineal, caso 2	30
4.3. Dinámica del caso 1	31
4.4. Dinámica del caso $2a$	32
4.5. Dinámica del caso $2b$	32
4.6. Dinámica del caso $2c$	33
4.7. Dinámica del caso 3	33
4.8. Región de estabilidad modelo no lineal, caso 1	37
4.9. Región de estabilidad modelo no lineal, caso 2	38
4.10. Dinámica, ejemplo 1	39
4.11. Dinámica, ejemplo 2	39
4.12. Dinámica, ejemplo 3	40

Índice de cuadros

3.1. Matrices de adyacencia no dirigidas	15
3.2. Matrices de adyacencia dirigidas	15
3.3. Matrices laplacianas	16
3.4. Eigenvalores	16
3.5. Índices de emparejamiento de MAD1	20
3.6. Índices de emparejamiento de MAD2	20
3.7. Índices de emparejamiento de MAD3	21
3.8. Índices de emparejamiento de MAD4	21
3.9. Centralidades de MAD1	23
3.10. Centralidades de MAD2	23
3.11. Centralidades de MAD3	24
3.12. Centralidades de MAD4	24
4.1. Parámetros caso 1	31
4.2. Parámetros caso $2a$	32
4.3. Parámetros caso $2b$	32
4.4. Parámetros caso $2c$	33
4.5. Parámetros caso 3	33
4.6. Parámetros ejemplo 2	39
4.7. Parámetros ejemplo 3	40

Capítulo 1

Introducción

La explosión de interés en la teoría de historia de vida ha generado conocimientos sobre muchos aspectos estratégicos, como la asignación óptima de los recursos para el crecimiento, la reproducción y el momento de la madurez. Sin embargo, los conocimientos sobre parásitos aún son escasos. Este trabajo se centra en el estudio de la complejidad del ciclo de vida del parásito, específicamente en los macroparásitos con tres hospederos: el inicial en el que los huevos eclosionan, los secundarios donde la larva se desarrolla y los terciarios en el cual se reproduce el parásito.

Los macroparásitos son de particular interés debido a que a menudo tienen varios hospedadores y la transmisión entre la vida silvestre, los animales domésticos y los seres humanos pueden ocurrir, con consecuencias para la conservación, la producción ganadera, el bienestar animal y la salud humana. La predicción del riesgo, la escala e incluso la dirección de dicha transmisión presenta un desafío en su comprensión[1].

Los estudios ecológicos de los sistemas huésped-parásito se han centrado en gran medida en una sola especie de hospedadores infectados por una sola especie de parásito. Hay una escasez relativa de los modelos y los datos empíricos de la dinámica y el impacto de los parásitos que infectan a una gran variedad de especies de hospedadores o de múltiples especies de parásitos que infectan a un único huésped. Las excepciones importantes son: sistemas en los que la transmisión es mediada por un vector, o estudios de parásitos de plantas en las comunidades de hospedadores que, o bien son genéticamente diversas o consisten de varias especies de hospedadores [2].

Los modelos para parásitos de múltiples hospedadores tienen que considerar dos componentes de transmisión: transmisión dentro de las especies y transmisión entre especies. Para facilitar el estudio de la dinámica de transmisión de los macroparásitos, consideramos una red, donde los vértices representan los huéspedes y las aristas representan la interacción entre ellos.

En este trabajo analizaremos las redes, también conocidas como digráficas, que se derivan de estos sistemas, cuyo análisis topológico permitirá caracterizar las diferentes estructuras conocidas, y el análisis dinámico se llevará a cabo formulando modelos de tiempo discreto conocidos como ecuaciones en diferencias. Se pondrá énfasis en algunos parásitos de la región de la Cuenca del Papaloapan como la *Fasciola hepática*, *Taenia saginata*, *Taenia solium*, *Taenia hydatigena* y la *Taenia canina* (*Dipylidium caninum*).

En el capítulo 2 se enlistan las propiedades topológicas de las redes, se definen y se describe su importancia en el análisis de las mismas. También se da una breve introducción a los sistemas dinámicos y se mencionan algunos modelos dinámicos aplicados a macroparásitos.

En el capítulo 3 se presenta la red general de algunos macroparásitos más comunes de la región, se determinan las subredes a trabajar y se muestra el análisis topológico de cada una de ellas.

En el capítulo 4 se desarrollan modelos dinámicos discretos para las dos primeras redes consideraras en el capítulo anterior. Se describen sus parámetros y se analizan sus comportamientos.

Por último, en el capítulo 5 se presentan las conclusiones obtenidas de los capítulos anteriores.

Capítulo 2

Preliminares

Las redes complejas son ampliamente utilizadas como representación de fenómenos biológicos, ecológicos, sociales, etc. Da sustento a las redes la teoría de gráficas, área de las matemáticas iniciada por el matemático Leonhard Euler. Las medidas e invariantes topológicas aplicadas a las redes complejas y una breve introducción a la teoría de gráficas se dan a conocer a continuación.

2.1. Gráficas

Definición 2.1. Una **gráfica dirigida** D o **digráfica** consiste de una colección V de vértices y una colección A de flechas, para los que escribimos $D = (V, A)$. Cada flecha $a = (u, v)$ se dice que une al vértice $u \in V$ a otro vértice v . El vértice u se llama la cola de a , mientras que v es su cabeza. Note que $(u, v) \neq (v, u)$. [3]

Definición 2.2. El número de aristas incidentes con un vértice v se llama el grado de v , denotado como d_v . Los lazos se cuentan dos veces. En las gráficas dirigidas se distinguen dos clases de grados, el **grado de entrada** $d_{in}(v)$ de un vértice v es el número de flechas que llegan al vértice. Mientras que el **grado de salida** $d_{out}(v)$ de un vértice v es el número de flechas que salen de él. [3]

2.2. Matriz de adyacencia y laplaciana

Matriz de adyacencia

Considere una gráfica G con n vértices y m aristas. Su matriz de adyacencia es representada por una tabla A con n filas y n columnas con entrada $A[i, j]$ igual al número de aristas que unen los vértices v_i y v_j . [3]

Matriz laplaciana

La matriz laplaciana para gráficas sin lazos y múltiples aristas se representa por la matriz L , definida de la siguiente forma [4].

$$L(u, v) = \begin{cases} d_v & \text{si } u = v \\ -1 & \text{si } u \text{ y } v \text{ son adyacentes} \\ 0 & \text{otro caso} \end{cases}$$

Eigenvalores y eigenvectores

Los **eigenvalores** de la matriz laplaciana L son los números λ tales que $Ax = \lambda x$ tiene un vector x que es solución a la ecuación y es distinto de cero, x se llama **eigenvector** de L [6].

2.3. Medidas invariantes

2.3.1. Distribución de grados

Mostrar la distribución de los grados de los vértices en muchos casos ofrece una gran cantidad de información. Esta distribución puede ser representada mediante varias técnicas, algunas de ellas son las siguientes:

Por medio de **histogramas**. En este caso, para una gráfica G conexa de n vértices, graficamos los valores $h(d) := \{v \in V(G) | d_v = d\}$. En otras palabras, $h(d)$ es el número

de vértices que tienen grado d . Si para algún valor M tenemos que $h(d) = 0$ para todos los $d > M$ simplemente se descartan aquellas $h(d)$. Obviamente $\sum_d h(d) = n$.

También se puede considerar la fracción de vértices que tienen un cierto grado, es decir, dibujar $\frac{h(d)}{n}$. Esta técnica se utiliza para aproximar la probabilidad que tiene un vértice v de tener grado d , $P[d_v = d]$.

Otra técnica es la de ordenar primero los vértices de acuerdo a su grado, $[d_1, d_2, \dots, d_n]$, y luego graficar el grado de los vértices, es decir, trazar d_k para cada k . [3]

2.3.2. Conectividad

Para definir la conectividad de una digráfica, se necesitan las nociones de caminos.

Definición 2.3. Considere una dígrfica D . Un **camino** dirigido (v_0, v_k) en D es una secuencia alternante $[v_0, a_0, v_1, a_1, \dots, v_{k-1}, a_{k-1}, v_k]$ de vértices y flechas de D con $a_i = (v_i, v_{i+1})$. Un **sendero** dirigido es un camino dirigido en el que todas las flechas son distintas; una **trayectoria** dirigida es un sendero dirigido en el que todos los vértices son también distintos. Un **ciclo** dirigido es una trayectoria dirigida en el que todos los vértices son distintos a excepción de v_0 y v_k [3].

Ahora se define la conectividad de una digráfica de la siguiente manera:

Definición 2.4. Una digráfica D es **fuertemente conexa** si existe un camino no dirigido entre cada par de vértices en la gráfica. Una digráfica es débilmente conexa si su gráfica subyacente (se obtiene de la gráfica dirigida al quitar las direcciones de las flechas, es decir, $(u, v) = (v, u)$) está conectada.

2.3.3. Distancia

La distancia entre dos vértices u y v en una gráfica se expresa en términos de la longitud del camino entre u y v .

Definición 2.5. Sea G una gráfica dirigida o no dirigida, $u, v \in V(G)$. La **distancia** (geodésica) entre u y v , denotada como $d(u, v)$, es la longitud del camino más corto entre los vértices u y v . [3]

Definición 2.6. Considere una gráfica conexa G y sea $d(u, v)$ la distancia entre los vértices u y v . La **excentricidad** $\epsilon(u)$ de un vértice u en G se define como el $\max\{d(u, v) | v \in V(G)\}$. El **radio** $rad(G)$ es igual a $\min\{\epsilon(u) | u \in V(G)\}$. Finalmente, el **diámetro** de G es el camino máximo más corto entre cualquier par de vértices: $diam(G) = \max\{d(u, v) | u, v \in V(G)\}$. [3]

2.3.4. Índice de emparejamiento

El índice de emparejamiento normalizado M_{uv} cuantifica la similitud entre dos vértices basado en el número de vecinos comunes compartidos por dos vértices u y v .

$$M_{uv} = \frac{\sum \text{vecinos comunes}}{\sum \text{número total de vecinos}} = \frac{\sum_{k,l}^n A_{uk}A_{vl}}{d_u + d_v - \sum_{k,l}^n A_{uk}A_{vl}}$$

donde el denominador cuenta sólo el número de vecinos distintos. [19]

2.3.5. Coeficiente de clusterización

Una métrica utilizada a menudo es la que se conoce como el **coeficiente de clusterización** o agrupamiento. La idea detrás de este coeficiente es bastante simple: queremos ver, para un vértice v dado, en qué medida o hasta que punto sus vecinos son también vecinos entre ellos. En otras palabras, en qué medida los vértices adyacentes a v también son adyacentes entre sí.

La importancia de esta métrica reside en que nos permite comparar diferentes redes.

Definición 2.7. Sea D una gráfica simple, dirigida, conexa. Consideraremos un vértice $v \in V(D)$ con el conjunto de vecinos $N(v)$. Sean $n_v = |N(v)|$ y m_v el número de arcos en el subgrafo inducido por $N(v)$, es decir, $m_v = |A(G[N(v)])|$. El coeficiente de clusterización $cc(v)$ para el vértice v con grado $d_v = d_{in}(v) + d_{out}(v)$ se define como

$$cc(v) := \begin{cases} \frac{m_v}{n_v(n_v-1)} & \text{si } d_v > 1 \\ \text{indefinido} & \text{otro caso} \end{cases}$$

[3]

2.3.6. Centralidad

Otra cuestión fundamental para el análisis de redes es decidir si hay algunos vértices más importantes que otros. Este concepto de importancia se conoce como centralidad.

La primera centralidad es inspirada en el conteo del número de aristas conectadas a un vértice.

Definición 2.8. Sea $G = (V, E)$ una gráfica no dirigida. La **centralidad de grado** es definida como:

$$C_d(v) = |e|e \in E \wedge v \in e|$$

Para las redes dirigidas, existen dos centralidades de grado, la centralidad de grado de entrada y la centralidad de grado de salida. La centralidad de grado es una medida de centralidad local: sólo se considera la vecindad inmediata del vértice de interés. El grado se puede calcular para todos los tipos de redes. La red a analizar no tiene que cumplir con requisitos más estrictos como conectividad [19].

Definición 2.9. Considere una gráfica conexa G . El **centro** $C(G)$ de una gráfica G es el conjunto de vértices con la excentricidad mínima, es decir, $C(G) = \{v \in V(G) | \epsilon(v) = \text{rad}(G)\}$. [3]

Intuitivamente, un vértice está en el centro de una gráfica cuando está a una distancia mínima de todos los demás vértices. Usando la excentricidad de un vértice u , podemos entonces definir su centralidad.

Definición 2.10. Considere una gráfica conexa G . La **centralidad por excentricidad** $c_{ec}(u)$ de un vértice $u \in V(G)$ se define como

$$c_{ec}(u) = \frac{1}{\max\{d(u, v) | v \in V(G)\}} = \frac{1}{\epsilon(u)}$$

[19]

Definición 2.11. Sea $G = (V, E)$ una gráfica no dirigida y conexa. La **centralidad por cercanía** está definida como

$$c_c(u) = \frac{1}{\sum_{v \in V(G)} d(u, v)}$$

donde $d(u, v)$ denota la longitud del camino más corto entre u y v . [3]

2.3.7. Intermediación

La intermediación (betweenness centrality) es una medida que cuantifica la frecuencia o el número de veces que un nodo actúa como un puente a lo largo del camino más corto entre otros dos nodos.

Definición 2.12. Sea G una gráfica conexa simple. Sea $S(u, v)$ el conjunto de los caminos más cortos entre dos vértices $u, v \in V(G)$, y $S(u, k, v) \subseteq S(u, v)$ los que pasan por el vértice $k \in V(G)$. La centralidad de **intermediación** $C_B(k)$ del vértice k se define como

$$C_B(k) = \sum_{u \neq v} \frac{|S(u, k, v)|}{|S(u, v)|}$$

Note que como G es conexo, $|S(u, v)| > 0$ para todos los pares de vértices distintos u y v . [3]

2.4. Sistemas dinámicos discretos

2.4.1. ¿Qué es un sistema dinámico?

Los sistemas dinámicos son sistemas que evolucionan con el tiempo, es decir, los estados del sistema cambian. Esta evolución puede modelarse considerando el tiempo continuo o pasos de tiempo discretos. Los sistemas que consideran pasos de tiempo como segundos, días, etc, son llamados sistemas dinámicos discretos.

2.4.2. Dinámica en la naturaleza

En la naturaleza se pueden apreciar infinidad de sistemas que presentan distintas dinámicas, por ejemplo, en algunas especies de árboles las hojas en las ramas están dispuestas

en patrones regulares, esto ocurre regularmente en las familias de los girasoles o las piñas. Otro ejemplo de estos sistemas se presentan en la dinámica de las luciérnagas en Bangkok, que se asientan como una nube de fuego en algunos árboles y, se extienden por todas sus ramas, a veces ocultan su luz de una sola vez, y un momento después lo hacen aparecer de nuevo con regularidad y exactitud. [25]

Una situación análoga es el estudio de los ritmos circadianos, donde los cambios periódicos en nuestro cuerpo (el ciclo del sueño) se sincronizan con las señales externas de día y de noche. [25]

2.4.3. Ejemplos de modelos discretos aplicados a parásitos

La dinámica discreta ha sido utilizada para modelar diversos fenómenos, por ejemplo, el crecimiento incontrolado de la población de conejos en el continente europeo, la regulación de la pesca de langostas en Nueva Inglaterra, etc. [25]

Particularmente, en relación con los parásitos, la dinámica discreta ha sido utilizada para realizar modelos de la interacción hospedero-parásito (Figura 2.1). Algunos de estos modelos se centran en el análisis del efecto de Allee de la interacción hospedero-parásito [12]. Otros se centran en el estudio de la cantidad de parásitos como función del número de hospederos[14].

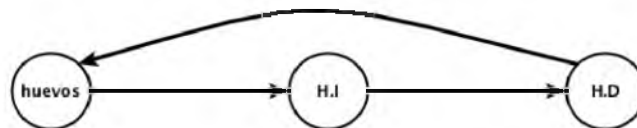


Figura 2.1: Representación gráfica de la interacción hospedero-parásito. El parásito adulto habita en el hospedador definitivo (H.D). Este produce miles de huevos, que se expulsan en la materia fecal. El hospedador intermediario (H.I) es infectado al ingerir estos huevecillos. Aquí se desarrolla una fase larvaria que pasa al H.D por ingesta de un H.I infectado. Finalmente se desarrolla la larva adulta.

También existen modelos que estudian los efectos de la competencia intraespecífica [15], de igual forma se tienen modelos en los que se presentan múltiples parásitos en un solo hospedador y se limitan las tasas de encuentro del hospedador con los huevos [13].

2.4.4. Conceptos básicos

Sea f una función tal que $f : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}^m$. Denotaremos por f^n a la n -ésima iteración de f . Es decir, f^n es n veces la composición de f consigo mismo. En general f representa la población después de n generaciones o después de un tiempo n .

Orbitas

Dada una condición inicial $x_0 \in \mathbb{R}^m$, la **órbita** de x_0 es el conjunto ordenado $\{x_0, x_1, x_2, \dots, x_n\}$ donde: $x_1 = f(x_0), x_2 = f^2(x_0), \dots, x_n = f^n(x_0)$. [8]

Puntos fijos

Un punto x_0 es llamado **punto fijo** si $f(x_0) = x_0$. Obviamente, la órbita de un punto fijo es la secuencia constante x_0, x_0, x_0, \dots . [8]

Puntos periódicos

Sea f una función. El punto x_0 es un punto periódico de f con periodo n si $f^n(x_0) = x_0$. En otras palabras, un punto es un punto periódico de f con periodo n si se trata de un punto fijo de f^n .

El punto periódico x_0 tiene periodo primo k si $f^k(x_0) = x_0$ y $f^n(x_0) \neq x_0$ siempre que $0 < n < k$. Es decir, un punto periódico tiene periodo primo k si regresa a su lugar de partida por primera vez después de exactamente k iteraciones de f . Si x_0 es un punto periódico, entonces él y sus iteraciones se llaman una órbita periódica o un ciclo periódico. [9]

Definición 2.13. Sea p periódico de periodo n . Un punto x es asintótico hacia adelante a p si $\lim_{i \rightarrow \infty} f^{in}(x) = p$. El conjunto estable de p , denotado por $W^s(p)$, consiste de todos los puntos asintóticos hacia adelante a p . [20]

Resultados a utilizar

Para el estudio de sistemas dinámicos en 2 dimensiones consideramos un mapeo $L : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$ que es lineal si $L(\alpha v + \beta w) = \alpha L(v) + \beta L(w)$, donde $\alpha, \beta \in \mathbb{R}$ y $v, w \in \mathbb{R}^2$.

La dinámica en mapeos lineales en dos dimensiones cumple la siguiente proposición [25].

Proposición 2.1. *Un mapeo lineal de \mathbb{R}^2 eventualmente se contrae si y solo si todos sus eigenvalores tienen valor absoluto menor a uno. [20]*

Podemos estudiar la forma en que los puntos se acercan al origen bajo cualquiera de las siguientes contracciones.

1. **Eigenvalores reales distintos.** En el primer caso de dos eigenvalores reales distintos observamos que $B^n \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \lambda^n x \\ \mu^n y \end{pmatrix}$. Supongamos $|\mu| < |\lambda| < 1$, reescribimos $\begin{pmatrix} \lambda^n x \\ \mu^n y \end{pmatrix} = \lambda^n \begin{pmatrix} x \\ (\mu/\lambda)^n y \end{pmatrix}$ para ver que todas las órbitas del eje y se aproximan a cero a una tasa $|\lambda^n|$, el más lento de los dos. De hecho, todas las órbitas de puntos $\begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$ con $x \neq 0$ se mueven a lo largo de curvas preservadas por B , que son tangentes al eje x en cero.
2. **Eigenvalor real único.** En el caso de solo un eigenvalor real λ y $A \neq \lambda Id$, conjugamos A a $B = \begin{pmatrix} \lambda & \lambda \\ 0 & \lambda \end{pmatrix}$. $B^n = \lambda^n \begin{pmatrix} 1 & n \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$. Aquí encontramos que la segunda coordenada de $B^n \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$ es $\lambda^n y$, la cual converge monótonamente a cero, mientras que la primera coordenada $\lambda^n(x + ny)$ también converge a 0 pero no necesariamente de manera monótona.

El caso de no contracción. Consideremos ahora estos mapas en el caso de no contracción, a partir de los casos que surgen cuando los valores propios son reales.

1. **Mapeos que no se expanden.** Si tenemos dos eigenvalores reales distintos entonces podrían ser 1 y -1 , que corresponde a una reflexión, o podría ser uno de valor absoluto 1 o ninguno con valor absoluto 1. Si un eigenvalor λ tiene valor absoluto 1 y el otro eigenvalor μ tiene valor absoluto menor que 1, entonces el eigenespacio para λ consiste de puntos fijos o puntos de periodo 2, y todos los demás puntos se acercan a este eigenespacio a lo largo de líneas paralelas al eigenespacio para μ . Otra forma de expresar esto es decir que en este caso \mathbb{R}^2 se descompone en dos subespacios unidimensionales y en uno de ellos el mapeo A es una contracción lineal; en el otro ni A ni A^{-1} se están contrayendo.
2. **Uno en expansión y uno en dirección neutral.** Si $|\mu| > 1$ entonces todos los otros puntos se alejan de este espacio propio a lo largo de estas líneas y obtenemos una descomposición similar de \mathbb{R}^2 en un subespacio de expansión y uno neutral en este caso.
3. **Casos hiperbólicos.** Si ambos eigenvalores tiene valor absoluto mayor que uno, entonces todas las órbitas divergen al infinito a lo largo de las mismas curvas invariantes descritas para el caso de contracción.

La otra posibilidad es que $|\lambda| > 1$ y $|\mu| < 1$, llamado el caso hiperbólico (silla de montar). Diagonalizando como antes encontramos que los puntos en el eje x divergen lo largo del eje x bajo $B^n = \begin{pmatrix} \lambda^n & 0 \\ 0 & \mu^n \end{pmatrix}$, y todos los puntos del eje y divergen hacia la derecha o hacia la izquierda, mientras que su coordenada y se acerca a 0, es decir, todas las órbitas se aproximan al eje x asintóticamente. Conversamente, bajo B^{-n} todas las órbitas fuera del eje x divergen y tienen el eje y como una asíntota. De nuevo, las órbitas se mueven a lo largo de curvas invariantes $y = Cx^{\log|\mu|/\log|\lambda|}$. Notamos que aquí el exponente es negativo. Esta imagen es llamada una silla de montar. En el caso especial de $\mu = 1/\lambda$ estas curvas son la hipérbola estándar $y = 1/x$, justificando el término hiperbolicidad. Así, en este caso \mathbb{R}^2 se descompone en dos subespacios, uno de contracción y otro de expansión, correspondiente a los eigenespacios de μ y λ , respectivamente.

4. **Eigenvalores complejos.** Finalmente, el caso de eigenvalores complejos es bastante sencillo: Ya sea que ambos eigenvalores se encuentran en el círculo unitario, en cuyo caso el mapeo se puede conjugar a una rotación, o bien los eigenvalores están fuera del círculo unitario, en cuyo caso todas las órbitas se mueven en espiral hacia el exterior.

Test de Jury

Esta es una prueba algebraica, que determina si las raíces de un polinomio de la forma $P(\lambda) = a_n\lambda^n + a_{n-1}\lambda^{n-1} + \dots + a_1\lambda + a_0 = 0$ ($a_n > 0$) se encuentran dentro del círculo unitario. La prueba consta de dos partes:

1. Prueba simple para condiciones necesarias: $P(1) > 0$ y $(-1)^n P(-1) > 0$
2. Prueba de condiciones suficientes:

$$\underbrace{a_n > |a_0|, |b_0| > |b_{n-1}|, |c_0| > |c_{n-2}|, \dots, |p_0| > |p_3|, |q_0| > |q_2|}_{n-1 \text{ condiciones}}$$

Donde:

$$b_k = \begin{vmatrix} a_0 & a_{n-k} \\ a_n & a_k \end{vmatrix} \quad c_k = \begin{vmatrix} b_0 & b_{n-1-k} \\ b_{n-1} & b_k \end{vmatrix} \quad d_k = \begin{vmatrix} c_0 & c_{n-2-k} \\ c_{n-2} & c_k \end{vmatrix}$$

[10]

Capítulo 3

Análisis topológico

3.1. Gráficas

En esta parte se presenta la digráfica (red) construida basándonos en algunos de los parásitos más frecuentes de la región de la cuenca del Papaloapan (Figura 3.1). A partir de esta red se delimitó trabajar solo con la subred de *Taenia solium* (con azul) y *Taenia saginata* (con verde), ya que estos macroparásitos ocasionan infecciones frecuentes en el hombre.

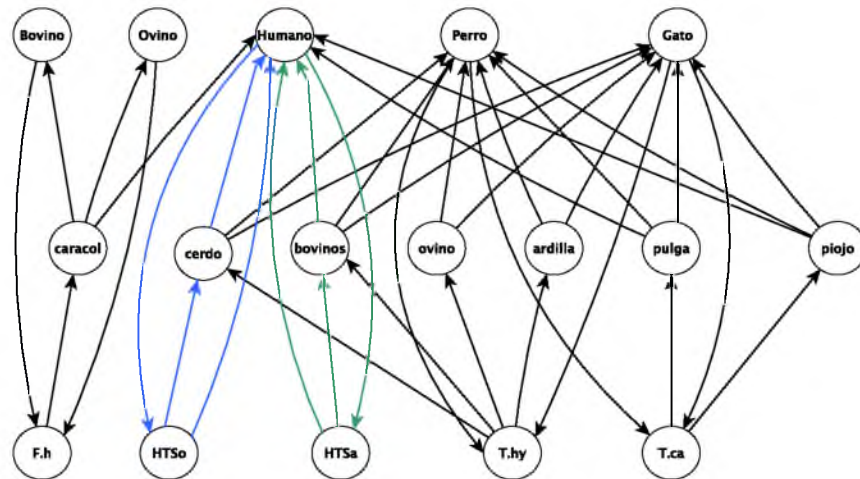


Figura 3.1: Macroparásitos comunes en la región.

La organización de esta red es la siguiente. La primera fila de vértices de abajo hacia arriba corresponde a los huevos dispersos en el ambiente de cada uno de los parásitos. En la

segunda fila se ubican los hospedadores intermediarios de cada parásito y en la última fila el hospedador definitivo. Aquí podemos observar rápidamente que los perros y gatos de la región son los más propensos a ser parasitados debido al alto número de hospedadores intermediarios con los que interactúan.

A continuación se describe la organización estructural de la red (gráfica) que representa la interacción huésped-parásito en el ciclo de vida de *Taenia solium* y *Taenia saginata*. Para ello se han considerado cuatro redes distintas que se han nombrado MAD1, MAD2, MAD3 y MAD4. Las redes consideradas son dirigidas, esto significa que las interacciones entre los vértices tienen dirección.

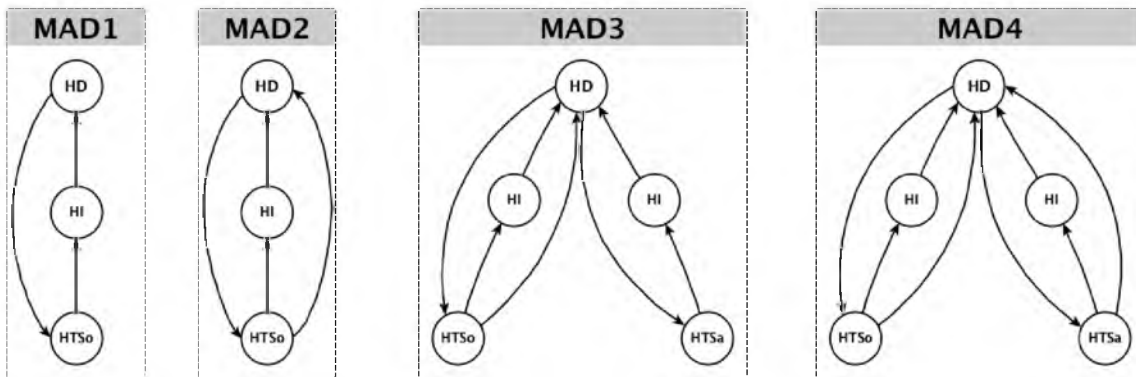


Figura 3.2: HD: hospedador Definitivo, HI: hospedador Intermediario, HTSo: Huevos de *Tenia Solium* y HTSa: Huevos de *Tenia Saginata*. MAD1 representa la interacción huésped-parásito de *Taenia solium* en su forma más simple. En MAD2 se incluye una autoinfección del HD con HTSo. En la siguiente red, MAD3, se anexa un nuevo parásito, *Taenia saginata*, que infecta un HI distinto pero que comparte el mismo HD que la *Taenia solium*. MAD4 incluye una autoinfección del HD con HTSa.

3.2. Matrices asociadas a las gráficas

Entre las matrices asociadas a las gráficas sobresalen las de adyacencia y laplaciana, cada una por su parte da información variada en relación al comportamiento o estructura de las gráficas.

De la matriz de **adyacencia** asociada a una red no dirigida podemos obtener información de los grados de cada vértice que interactúan en la red. La suma de los valores de cada fila de las matrices corresponde al grado de los vértices de la red asociada a ésta (Cuadro 3.1).

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 2 \\ 1 & 0 & 1 \\ 2 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 2 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 2 & 1 & 0 & 1 & 2 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 2 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Cuadro 3.1: Matrices de adyacencia no dirigidas.

Para redes dirigidas, como en este caso, obtenemos información, tanto de los grados de entrada como de los grados de salida de cada vértice. Las matrices de adyacencia asociadas a las redes de la Figura 3.2 son las siguientes. Estas corresponden a MAD1, MAD2, MAD3 y MAD4 respectivamente.

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

Cuadro 3.2: Matrices de adyacencia dirigidas.

Las entradas (i, j) de las matrices indican la relación que existe entre los vértices v_i y v_j . La entrada es 1 si existe una interacción entre ellos y 0 si no. Particularmente para las redes consideradas aquí, estas entradas indican si existe una interacción de origen v_i con dirección a v_j . De esta manera la suma de los valores de cada fila nos da el grado de salida del vértice i , mientras que con la suma de los valores de cada columna obtenemos el grado de entrada.

Por ejemplo, en la matriz correspondiente a la red MAD2 se observa que la suma de los valores de la primera fila es 2 el cual corresponde con el grado de salida del vértice HTSo. La suma de los valores de la segunda fila corresponde al grado de salida del vértice HI y finalmente la tercera fila corresponde con los grados de salida del vértice HD.

En cambio la matriz laplaciana y su espectro (Cuadro 3.3) nos brindan información sobre algunas propiedades de la gráfica. Algunos resultados importantes en esta dirección son mencionados a continuación:

La matriz Laplaciana también muestra los grados de cada vértice de la red en la diagonal de la matriz asociada. Estas matrices corresponden a las redes MAD1, MAD2, MAD3 y MAD4 respectivamente.

$$\begin{bmatrix} 2 & -1 & -1 \\ -1 & 2 & -1 \\ -1 & -1 & 2 \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} 3 & -1 & -2 \\ -1 & 2 & -1 \\ -2 & -1 & 3 \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} 3 & -1 & -2 & 0 & 0 \\ -1 & 2 & -1 & 0 & 0 \\ -2 & -1 & 5 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & -1 & 2 & -1 \\ 0 & 0 & -1 & -1 & 2 \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} 3 & -1 & -2 & 0 & 0 \\ -1 & 2 & -1 & 0 & 0 \\ -2 & -1 & 6 & -1 & -2 \\ 0 & 0 & -1 & 2 & -1 \\ 0 & 0 & -2 & -1 & 3 \end{bmatrix}$$

Cuadro 3.3: Matrices laplacianas.

De estas matrices se han obtenido los siguientes eigenvalores.

Matrices	Eigenvalores				
MAD1	0	3	3		
MAD2	0	3	5		
MAD3	0	1.1566	3	3.3068	6.5366
MAD4	0	1.3820	3.2087	3.6180	7.7913

Cuadro 3.4: Eigenvalores.

La matriz Laplaciana es simétrica y semi definida positiva, lo que implica que todos sus valores propios son no negativos, y al menos uno es 0.

Podemos ordenar los valores propios como:

$$0 = \lambda_n \leq \lambda_{n-1} \leq \dots \leq \lambda_1$$

Ninguno de los valores propios del Laplaciano es una fracción de la forma $\frac{a}{b}$, donde a y b son coprimos y $b > 1$. Solo valores propios e irracionales son posibles. El menor valor propio tiene valor 0, y el mayor esta acotado, según el teorema de Gershgorin por $\lambda_1 \leq 2d_{max}$, donde d_{max} es el grado máximo de los vértices en la red.

Los valores propios de la matriz Laplaciana también proporcionan información adicional, por ejemplo, se sabe que la gráfica G es conexa si y sólo si $\lambda_{n-1} \geq 0$, y que la multiplicidad del valor propio más pequeño $\lambda = 0$ es igual al número de componentes de la gráfica. El segundo valor propio más pequeño tiene muchas propiedades interesantes, y es llamado conectividad algebraica, se sabe que

$$\lambda_{n-1} \leq \frac{n}{n-1} d_{min}$$

donde d_{min} es el grado mínimo de los vertices en la gráfica. Este valor propio es utilizado al realizar el procedimiento espectral, que consiste en dividir una gráfica en dos partes de tamaños específicos.

Además existe relación entre los coeficientes del polinomio característico de la matriz Laplaciana, y el número de árboles generadores en la gráfica.

3.3. Medidas invariantes

Distribución de grados

La distribución de grados da la probabilidad $P(d_v = d)$ de que un vértice v seleccionado tenga grado d . Este valor permite distinguir entre los diferentes tipos de redes, además de que este tipo de distribución posee características bien definidas, por ejemplo, la existencia de hubs (vértices altamente conectados), que están conectados a los vértices con bajo grado.

Como las redes consideradas son dirigidas, se analizan los grados de entrada (d_{in}) y los grados de salida (d_{out}) de los vértices. Para MAD1 se observa que su distribución de grados de entrada es dominada por el grado 1 con una probabilidad alta, ($P(d_v = 1) = 1$), esto representa la existencia de un ciclo simple donde todos los vértices tienen una sola interacción (Figura 3.3). En términos biológicos esto indica que los huevos de *Taenia solium* que son dispersados al medio ambiente únicamente pueden pasar a su etapa larvaria (cisticercos) por una vía, infectando al hospedador intermediario, en otras palabras estos huevecillos representan un riesgo para el hombre que depende exclusivamente del vínculo que este establece con los animales y en particular con el cerdo (principal hospedador intermediario).

Esta es la red más simple que puede plantearse, y que, aunque involucra ya a todos los elementos que participan en el ciclo parasitario, carece todavía de elementos importantes de la realidad, ya que una vez que los huevos tocan el ambiente, estos representan un riesgo para el hospedador definitivo de forma directa (consumiendo verduras que porten estos huevecillos) e indirecta (consumiendo carne de cerdo mal cocida infectada con larvas de tenia).

En la distribución de los grados de MAD2 (Figura 3.3) se puede observar que existe ya una variación en los grados de entrada y de salida, aquí existen vértices que tienen dos interacciones, ya sea de entrada o de salida, se observa además la existencia de dos ciclos, el primero es el ciclo simple mostrado en la red MAD1 y el segundo muestra la interacción directa de los huevos dispersos en el ambiente con el hospedador definitivo, aunque este ciclo realmente no llega a completarse debido a que los huevos que entran al hospedador definitivo solo llegan a alcanzar la segunda etapa de su desarrollo.

Las características de esta red significan biológicamente que los huevos dispersos en el ambiente presentan doble riesgo de infectar al hospedador definitivo y este a su vez se vuelve doblemente susceptible, pues ahora puede infectarse directa e indirectamente. Esto refleja ya un caso realista del ciclo de vida del parásito en cuestión.

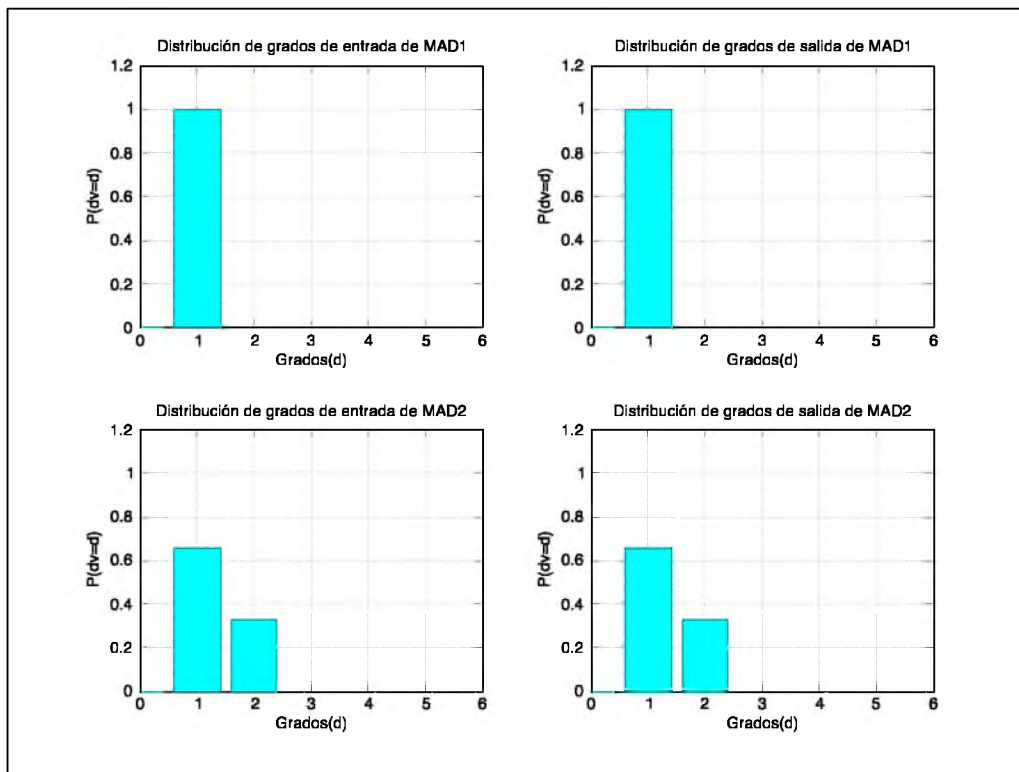


Figura 3.3: *Distribución de grados de entrada y de salida de MAD1 y MAD2.*

La distribución de entrada de MAD3 muestra que no existe ningún vértice con grado de entrada 2, mientras que vértices con grado 1 aún persisten. Por otro lado la probabilidad de que un vértice tenga grado de salida 2 es de 0.4, poco menos que la probabilidad de tener grado 1 de salida que es de 0.6. En esta parte ya se puede observar que en las gráficas de distribuciones, el máximo de los grados existentes con una probabilidad mayor a cero

se corresponde con el número de ciclos que podemos encontrar en las redes. Por ejemplo, en la distribución de grados de entrada de MAD1 solo aparece el grado 1 con probabilidad distinta de cero, lo que corresponde con el hecho de que solo existe un ciclo en esta red. En MAD2 el mayor grado que aparece con probabilidad mayor a cero es 2, que corresponde con dos ciclos en esta red. Por su parte, la distribución de los grados de entrada de MAD3 refleja la existencia de 3 ciclos en la red, los cuales inician y terminan en el hospedador definitivo, esto en términos biológicos indica que este último es triplemente susceptible a ser infectado por los huevos dispersos en el ambiente, en este punto también se dice que el ambiente es triplemente contagioso, mientras que los hospedadores intermediarios son igual de susceptibles de ser contagiados. Además del hecho de que ahora el ambiente recibe una mayor cantidad de huevos, tanto los de *Taenia solium* como los de *Taenia saginata* que son los que interactúan con el hospedador definitivo en esta red.

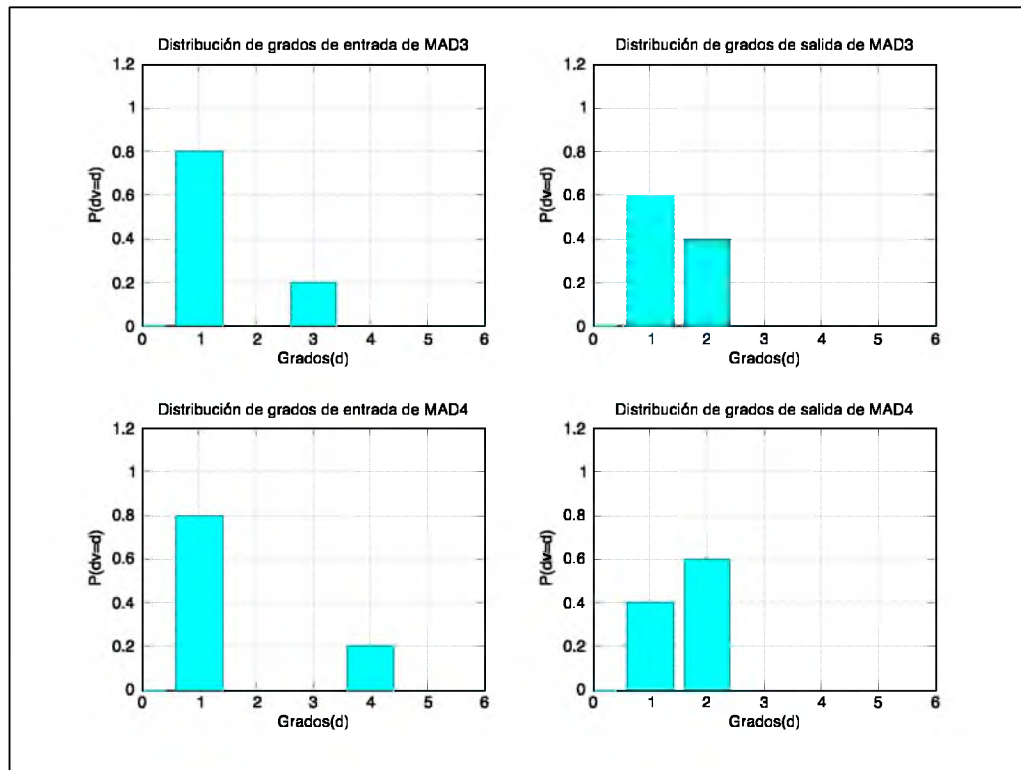


Figura 3.4: *Distribución de grados de entrada y de salida de MAD3 y MAD4.*

Por último la distribución de los grados de entrada de MAD4 presenta un comportamiento similar a la distribución de MAD3, ya que la probabilidad de tener grado de entrada 1 es la misma en ambas redes, $P(d_v = 1) = 0.8$, sin embargo, presentan distintas probabilidades de tener grado de entrada 3 y 4. Para MAD3 estas son: $P(d_v = 3) = 0.2$ y $P(d_v = 4) = 0$,

mientras que para MAD4 se observa lo contrario, $P(d_v = 3) = 0$ y $P(d_v = 4) = 0.2$. Esto también indica que aquí existen 4 ciclos, los cuales podemos observar en las redes de la Figura 3.2 que inician y terminan en el hospedador definitivo.

Índice de emparejamiento

El índice de emparejamiento normalizado M_{ij} cuantifica la similitud entre dos vértices basado en el número de vecinos comunes compartidos por dos vértices v_i y v_j . Para las 4 redes consideradas se calcularon tres índices, el índice de emparejamiento de entrada, y de salida para la red dirigida, y el índice de emparejamiento para la red no dirigida.

$$\begin{array}{l} 1 \\ 2 \\ 3 \end{array} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Cuadro 3.5: Matrices de índices de emparejamiento de MAD1. Índices de entrada, salida e índice de la red no dirigida respectivamente.

$$\begin{array}{l} 1 \\ 2 \\ 3 \end{array} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad \begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Cuadro 3.6: Matrices de índices de emparejamiento MAD2. Índices de entrada, salida e índice de la red no dirigida respectivamente.

Para las primeras dos redes, MAD1 y MAD2, estos presentan los mismos índices para la red no dirigida. Esto es mostrado en las matrices del cuadro 3.6, donde las entradas (i, j) representan el índice de emparejamiento de los vértices v_i y v_j . Por ejemplo, para MAD2 el índice de emparejamiento de HTSo ($i = 1$) y HD ($j = 3$) es 0, es decir, $M_{13} = 0$ en cada uno de los tres tipos de índices, indicando que todos los vértices están conectados con todos.

Mientras que para la red MAD3 se tienen las siguientes matrices de índices de emparejamiento.

$$\begin{matrix}
1 \\
2 \\
3 \\
4 \\
5
\end{matrix}
\begin{pmatrix}
0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\
0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 \\
0 & 0.5 & 0 & 0 & 0 \\
0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
1 & 0 & 0 & 0 & 0
\end{pmatrix}
\begin{pmatrix}
0 & 1 & 0 & 0.5 & 0 \\
1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\
0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
0.5 & 1 & 0 & 0 & 0 \\
0 & 0 & 0 & 0 & 0
\end{pmatrix}
\begin{pmatrix}
0 & 1 & 0.33 & 0.33 & 0.33 \\
1 & 0 & 0.33 & 0.33 & 0.33 \\
0.33 & 0.33 & 0 & 0.33 & 0.33 \\
0.33 & 0.33 & 0.33 & 0 & 1 \\
0.33 & 0.33 & 0.33 & 1 & 0
\end{pmatrix}$$

Cuadro 3.7: Matrices de índices de emparejamiento de MAD3. Índices de entrada, salida e índice de la red no dirigida respectivamente.

Los valores de la primera matriz reflejan que los humanos tienen un efecto sobre el número de huevecillos de ambas especies de parásitos. La segunda matriz muestra que los huevos de *T. solium* y las larvas tipo 1 de la *T. saginata* tienen un efecto sobre el hospedador definitivo, sin embargo los huevos de *T. solium* no solo afectan al humano. Además las larvas que viven en los intermediarios afectan al humano, y solo al humano.

La última matriz, la asociada a los valores de similitud de la red no dirigida indica que aunque los huevos de *T. solium*, los huevos de *T. saginata* y las larvas de la misma no interactúen directamente, éstos son similares, ya que los tres producen un efecto análogo en el hospedador definitivo.

Por último para la red MAD4 se tienen los índices siguientes.

$$\begin{matrix}
1 \\
2 \\
3 \\
4 \\
5
\end{matrix}
\begin{pmatrix}
0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\
0 & 0 & 0.33 & 0 & 0 \\
0 & 0.33 & 0 & 0.33 & 0 \\
0 & 0 & 0.33 & 0 & 0 \\
1 & 0 & 0 & 0 & 0
\end{pmatrix}
\begin{pmatrix}
0 & 1 & 0 & 0.5 & 0.33 \\
1 & 0 & 0 & 1 & 0.5 \\
0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
0.5 & 1 & 0 & 0 & 1 \\
0.33 & 0.5 & 0 & 1 & 0
\end{pmatrix}
\begin{pmatrix}
0 & 1 & 0.33 & 0.33 & 0.33 \\
1 & 0 & 0.33 & 0.33 & 0.33 \\
0.33 & 0.33 & 0 & 0.33 & 0.33 \\
0.33 & 0.33 & 0.33 & 0 & 1 \\
0.33 & 0.33 & 0.33 & 1 & 0
\end{pmatrix}$$

Cuadro 3.8: Matrices de índices de emparejamiento de MAD4. Índices de entrada, salida e índice de la red no dirigida respectivamente.

En este caso, los índices de entrada y los índices de la red no dirigida tienen el mismo efecto que muestra la red MAD3 en la primera matriz del cuadro 3.7. Por un lado los índices de salida indican que entre los huevos de *T. solium* y el hospedador intermediario de *T. saginata* existe gran similitud, que se refleja en que los dos infectan al hospedador definitivo de forma directa, por otra parte, la similitud entre los huevos de ambas especies es menor, ya que estos además de infectar al hospedador definitivo también infectan a los intermediarios. Además los hospedadores intermediarios producen el mismo efecto en el hospedador definitivo con una similitud muy alta, 1.

Coeficiente de clusterización

Otra medida básica que representa la estructura interna de una red es el coeficiente de clusterización o agrupamiento C_c . El coeficiente de agrupamiento se relaciona con la cohesión local de una red y mide la probabilidad de que dos vértices con un vecino común también estén conectados [19].

Los resultados (Figura 3.5) se muestran teniendo en cuenta el coeficiente de clusterización (agrupamiento) como función del grado d . Las dos primeras redes MAD1 y MAD2 exhiben un valor constante e idéntico de $C_c(d)$ con respecto a los grados d . Esto indica que estas redes son más propensas a alcanzar el equilibrio agente-ambiente-hospedador. Mientras que en las últimas dos redes existe menor posibilidad de equilibrio, es decir, habrá un estado predominante de los parásitos.

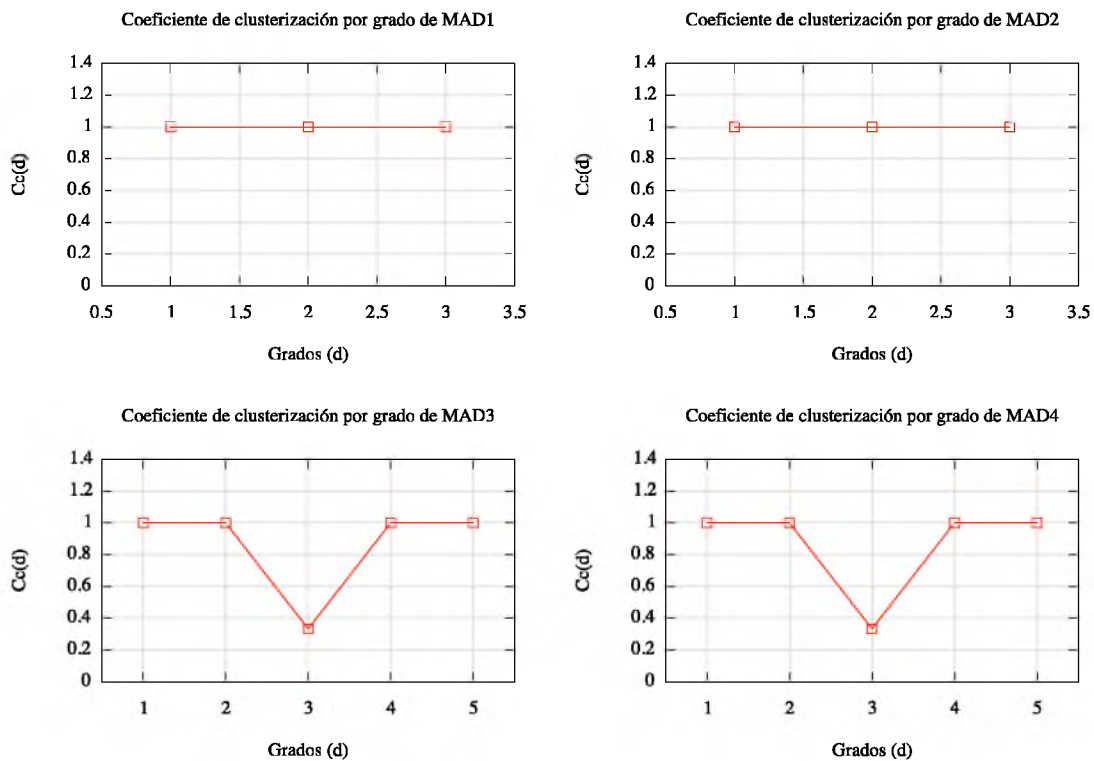


Figura 3.5: Comparativo entre coeficientes de clusterización y grado de nodos para las redes MAD1, MAD2, MAD3 y MAD4.

Centralidades

La centralidad por excentricidad (C_{ec}) y la de cercanía (C_c) miden lo bien que un mensaje procedente de un solo vértice puede llegar a otros vértices a través de rutas más cortas. La primera, se centra en una sola comunicación y la segunda, considera la comunicación a todos los otros vértices. En contraste con estos la centralidad por intermediación (C_B) refleja la capacidad de un vértice para supervisar la comunicación entre los otros vértices. Un vértice es central si puede controlar las comunicaciones entre muchos otros vértices [19].

A continuación se presenta el valor de las distintas centralidades calculadas a cada una de las redes presentadas en la Figura 3.2. Aquí el vértice 1 corresponde a los huevos de *T. solium* (HTSo), el 2 al hospedador intermediario (HI) y el 3 al hospedador definitivo (HD).

El cuadro 3.9 muestra las distintas centralidades calculadas para la primera red (MAD1). En este caso, como las centralidades de grado son iguales indican que cada vértice en esta red es igual de importante, según esta medida. En las demás centralidades se observa que los vértices tienen valores iguales, lo que reafirma que la importancia de cada vértice es igual y señala que todos están conectados.

	vértices (v)	d_{in}	d_{out}	$grado(d)$	$C_{ec}(v)$	$C_c(v)$	$C_B(v)$
HTSo	1	1	1	2	1	0.5	0
HI	2	1	1	2	1	0.5	0
HD	3	1	1	2	1	0.5	0

Cuadro 3.9: Centralidades de MAD1

Para la segunda red (MAD2), la centralidad de grado de entrada muestra que HD con valor 2 es más susceptible de infectarse, en cambio la centralidad de salida indica que HTSo con grado 2 es el más importante para que la infección se produzca. Aquí las demás centralidades indican lo mismo que en la red MAD1.

	vértices (v)	d_{in}	d_{out}	$grado(d)$	$C_{ec}(v)$	$C_c(v)$	$C_B(v)$
HTSo	1	1	2	2	1	0.5	0
HI	2	1	1	2	1	0.5	0
HD	3	2	1	2	1	0.5	0

Cuadro 3.10: Centralidades de MAD2

Para la red MAD3 se observa que el vértice HD es el de mayor valor en los grados de entrada, $d_{in} = 3$, esto es que HD es el que tiene más posibilidades de infección dentro de la red, por ende el más importante para la interacción entre el resto de los vértices. En cuanto a la centralidad de grado de salida resaltan los vértices HTSo y HD con valor 2, esto refleja lo esencial que son ambos vértices para que el ciclo de vida de la *T. solium* permanezca. Con la centralidad por excentricidad notamos nuevamente que HD es importante, la distancia de HD a cualquier otro vértice es uno, en otras palabras, HD puede infectarse de la interacción con cualquier otro vértice de la red.

	vértices (v)	d_{in}	d_{out}	grado(d)	$Cec(v)$	$Cc(v)$	$C_B(v)$
HTSo	1	1	2	2	0.5	0.166	0
HI	1	1	2	0.5	0.166	0	
HD	3	3	2	4	1	0.25	4
HI	4	1	1	2	0.5	0.166	0
HTSa	5	1	1	2	0.5	0.166	0

Cuadro 3.11: Centralidades de MAD3

De forma similar HD se mantiene como el más importante en la centralidad por cercanía, es el que optimiza las distancias con el resto de los vértices. Un valor de $C_B(HD) = 4$ muestra lo esencial que HD es en la red, sin este vértice la red se desconecta, biológicamente esto interrumpe el ciclo de vida de los parásitos.

Las centralidades de la red MAD4 muestran un comportamiento similar al de MAD3, salvo el aumento en la centralidad de grado de entrada de HD y el incremento en la centralidad de grado de salida de HTSa, que se debe a la interacción entre ambos vértices.

	vértices (v)	d_{in}	d_{out}	grado(d)	$Cec(v)$	$Cc(v)$	$C_B(v)$
HTSo	1	1	2	2	0.5	0.166	0
HI	2	1	1	2	0.5	0.166	0
HD	3	4	2	4	1	0.25	4
HI	4	1	1	2	0.5	0.166	0
HTSa	5	1	2	2	0.5	0.166	0

Cuadro 3.12: Centralidades de MAD4

Capítulo 4

Modelo dinámico discreto

4.1. Modelo lineal

Este modelo es asociado a las interacciones de la red MAD1 (Figura 3.2). Se asume una población de parásitos, específicamente de macroparásitos de la especie *Taenia solium*, cuya dinámica de vida puede ser descrita de la siguiente forma.

En un tiempo t , se tiene una población total $P(t)$ de estos parásitos, distribuidos en tres clases.

- x^t : huevos de *Taenia solium* dispersos en el ambiente (Larvas tipo 1).
- y^t : larvas de *Taenia solium* (Larvas tipo 2).
- z^t : larvas adultas (Solitaria).

Las larvas de tipo 2 parasitan a algún hospedador intermediario, en este caso el cerdo. Las larvas adultas parasitan al hospedador definitivo, el humano.

Proponemos el siguiente modelo:

$$\begin{aligned}x^{t+1} &= \mu z^t \\y^{t+1} &= \omega y^t (1 - \beta) + \alpha x^t \\z^{t+1} &= \rho z^t + \beta \omega y^t\end{aligned}\tag{4.1}$$

Donde μ es el número promedio de huevos o descendencia que un parásito adulto puede producir. α es el porcentaje de huevos (larvas tipo 1) que pasan al huésped intermediario (h_1). β es el porcentaje de larvas tipo 2 que pasan al hospedador definitivo (h_2). ω es el porcentaje de larvas tipo 2 que sobreviven entre generaciones, mientras que ρ es el porcentaje de larvas adultas que sobreviven de la generación pasada.

En este modelo el número de hospedadores definitivos parasitados corresponde con el número de larvas adultas, es decir, $h_2^{t+1} = z^{t+1}$ y el número de hospedadores intermediarios infectados es igual a la población de larvas tipo 2 en el tiempo $t + 1$ entre el número promedio de larvas por hospedador intermediario (c), es decir, $h_1^{t+1} = \frac{y^{t+1}}{c}$. Ahora bien, la población total de parásitos en el tiempo t esta dada por $P(t) = x^t + y^t + z^t$, y el tiempo real entre t y $t + 1$ corresponde al periodo en el que una larva adulta alcanza la madurez para poder reproducirse, es decir, según la literatura $t = 2.5$ meses aproximadamente. Considerando que x^{t+1} solo es afectado por z^t , podemos reescribir el sistema anterior como

$$\begin{aligned} y^{t+1} &= \omega y^t (1 - \beta) + \gamma z^t \\ z^{t+1} &= \beta \omega y^t + \rho z^t \end{aligned} \tag{4.2}$$

Donde γ engloba la producción de huevecillos del parásito adulto y el porcentaje de ellos que llegan a desarrollarse como larvas de tipo 2, siendo del orden de millones la primera cantidad y menor que 1 la segunda cantidad, γ resulta del orden de miles.

Este sistema tiene como único punto fijo a $(y, z) = (0, 0)$. A continuación se analizará la estabilidad del sistema en este punto fijo.

4.1.1. Análisis del modelo

El Jacobiano J_x de modelo 4.2 está dado por:

$$J_x = \begin{pmatrix} \omega(1 - \beta) & \gamma \\ \beta\omega & \rho \end{pmatrix}$$

La ecuación característica del sistema está dada por el $\det(J_x - \lambda I) = 0$, es decir,

$$\det \begin{pmatrix} \omega(1-\beta) - \lambda & \gamma \\ \beta\omega & \rho - \lambda \end{pmatrix} = 0$$

de donde obtenemos un polinomio de segundo grado

$$\lambda^2 + \lambda((\beta - 1)\omega - \rho) + \omega((1 - \beta)\rho - \beta\gamma) = 0$$

cuya solución es:

$$\lambda_1 = -\frac{\sqrt{(\beta-1)^2\omega^2+(2(\beta-1)\rho+4\beta\gamma)\omega+\rho^2}+(\beta-1)\omega-\rho}{2} \quad \lambda_2 = \frac{\sqrt{(\beta-1)^2\omega^2+(2(\beta-1)\rho+4\beta\gamma)\omega+\rho^2}+(1-\beta)\omega+\rho}{2} \quad (4.3)$$

De acuerdo con la proposición 2.1 el sistema será estable si ambos valores propios tienen valor absoluto menor que uno, esto nos da tres posibilidades

$$1. (\beta - 1)^2\omega^2 + (2(\beta - 1)\rho + 4\beta\gamma)\omega + \rho^2 = 0, \text{ y } \left| \frac{(1-\beta)\omega+\rho}{2} \right| < 1$$

$$2. (\beta - 1)^2\omega^2 + (2(\beta - 1)\rho + 4\beta\gamma)\omega + \rho^2 > 0, \text{ y}$$

$$\left| \frac{\pm\sqrt{(\beta-1)^2\omega^2+(2(\beta-1)\rho+4\beta\gamma)\omega+\rho^2}+(1-\beta)\omega+\rho}{2} \right| < 1$$

$$3. (\beta - 1)^2\omega^2 + (2(\beta - 1)\rho + 4\beta\gamma)\omega + \rho^2 < 0, \text{ y}$$

$$\left| \frac{\sqrt{-((\beta-1)^2\omega^2+(2(\beta-1)\rho+4\beta\gamma)\omega+\rho^2))+((1-\beta)\omega+\rho)^2}}{2} \right| < 1$$

Podemos descartar la primera y la tercera condición ya que los términos

$$(\beta - 1)^2\omega^2 + 2\beta\rho\omega + 4\beta\gamma\omega + \rho^2$$

son positivos y el único término negativo es $2\rho\omega$, siendo -2 el máximo valor que puede tomar, cuando $\rho = \omega = 1$, lo que nos da la desigualdad

$$(\beta - 1)^2 + 2\beta + 4\beta\gamma - 1 > 0$$

la cual se cumple siempre para valores $0 < \beta < 1$, y $\gamma > 0$. El único caso en que se cumple la condición uno es cuando todos los parámetros son cero.

Ahora veremos qué valores de los parámetros en la condición dos dan estabilidad al sistema. Según el teorema 2.1 se requiere de las siguientes dos condiciones

$$2 + \beta\omega - \omega - \rho > \sqrt{(\beta - 1)^2\omega^2 + (2(\beta - 1)\rho + 4\beta\gamma)\omega + \rho^2} > \beta\omega - 2 - \omega - \rho$$

y

$$2 + \beta\omega - \omega - \rho > -\sqrt{(\beta - 1)^2\omega^2 + (2(\beta - 1)\rho + 4\beta\gamma)\omega + \rho^2} > \beta\omega - 2 - \omega - \rho$$

Usando el Test de Jury, encontramos que el sistema es estable cuando cumple las siguientes condiciones:

Condiciones necesarias:

$$1 + \omega\rho > \max\{\omega + \rho + \omega\beta\rho + \omega\beta\gamma - \beta\omega, \beta\omega + \omega\beta\rho + \omega\beta\gamma - \rho - \omega\}$$

Condiciones suficientes:

$$1 > |\omega(1 - \beta)\rho - \omega\beta\gamma|$$

4.1.2. Análisis del espacio de parámetros

Caso 1: Fijando el parámetro que corresponde a la sobrevivencia de las larvas tipo 2 como $\omega = 0.5$ y variando el parámetro de sobrevivencia de la larva adulta con valores $\rho = 0.2, 0.4, 0.6, 0.8$, representado diferentes niveles de tratamiento. Observamos el comportamiento de los parámetros que corresponden a la transmisión de los parásitos de HI a HD y viceversa (β, γ) , los cuales pueden verse afectados en función de factores climáticos y de la interacción de HD con HI. En las áreas de intersección de las siguientes gráficas se observan aquellos valores de β y γ para los que el sistema 4.2 tiene valores propios menores o iguales que 1, lo que implica que el punto fijo $(y, z) = (0, 0)$ es un atractor.

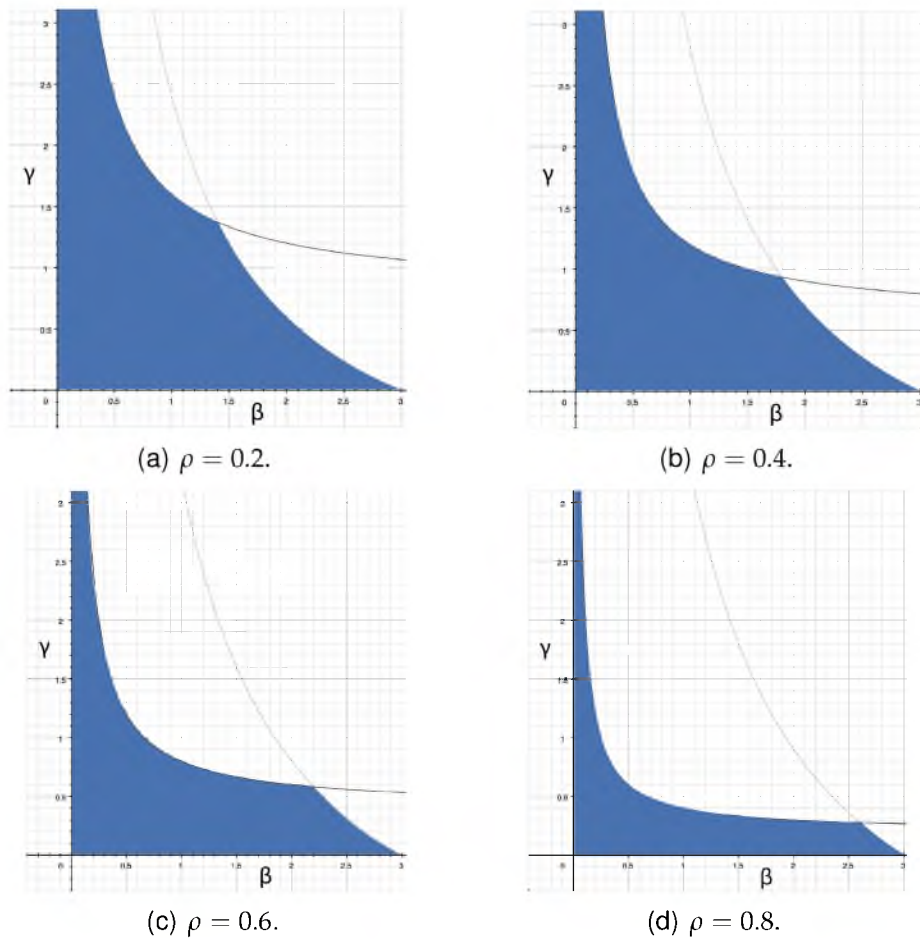
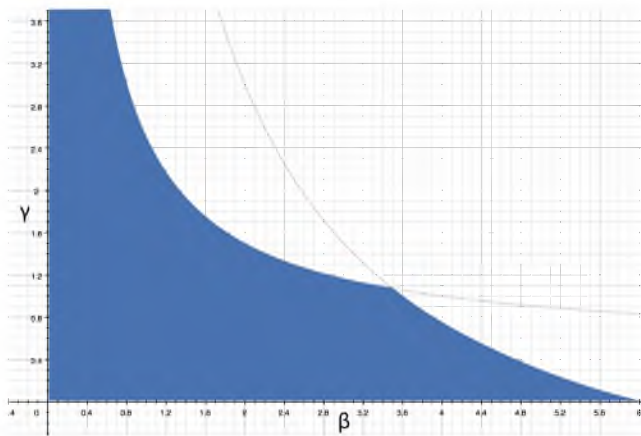


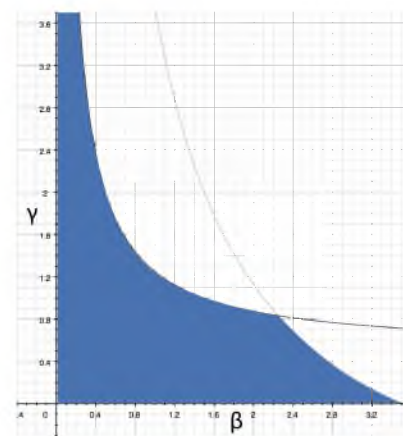
Figura 4.1: Región donde deben tomarse los valores de β y γ para controlar el número de parásitos y y z .

En estas gráficas se observa que a medida que ρ es más chico, el área de intersección de las regiones aumenta, lo que vuelve al sistema más estable. Es decir, si los hospederos definitivos son sometidos a algún tratamiento hay más valores posibles para β y γ que permiten controlar el número de parásitos y y z .

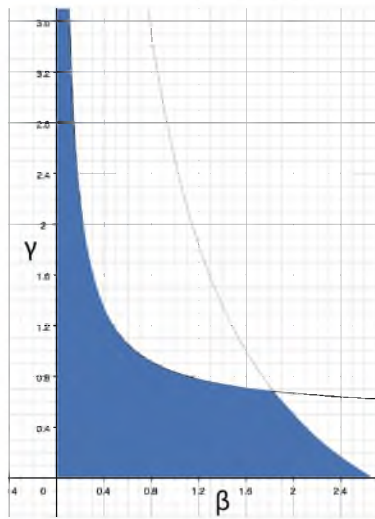
Caso 2: Fijando ahora el parámetro que corresponde a la sobrevivencia de las larvas adultas como $\rho = 0.5$ y variando el parámetro de sobrevivencia de la larva tipo 2 con valores $\omega = 0.2, 0.4, 0.6, 0.8$, representado diferentes niveles de tratamiento.



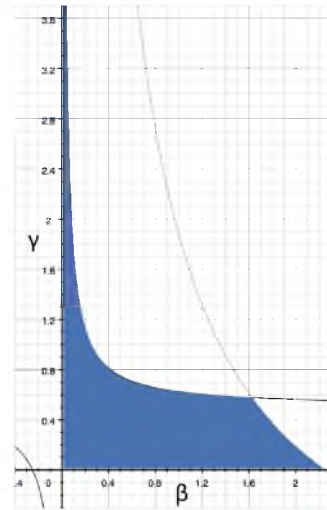
(a) $\omega = 0.2$.



(b) $\omega = 0.4$.



(c) $\omega = 0.6$.



(d) $\omega = 0.8$.

Figura 4.2: Región donde deben tomarse los valores de β y γ para controlar el número de parásitos y y z .

En este caso se puede observar que conforme ω crece la region de estabilidad disminuye, es decir, cuando la tasa de sobrevivencia de las larvas tipo 2 se incrementa las posibilidades de los valores β y γ que permiten controlar el número de parásitos y y z se reducen.

4.1.3. Ejemplos

EJEMPLO 1

En el primer caso consideramos valores obtenidos de diferentes experimentos o teorías reportadas en la literatura [22], los parámetros están sujetos a las siguientes suposiciones: β se ha determinado en función del número de larvas promedio en un hospedador intermediario y la cantidad de carne infectada en la que las larvas pasan al hospedador definitivo. ω es tomada en condiciones desfavorables para el hospedador intermediario, es decir, sin tratamiento y cuando solo se regulan las larvas con la producción de anticuerpos. Para el valor de ρ se considera que las larvas adultas viven por varios años en el hospedador definitivo, sin tratamiento. γ se asume como el número de huevecillos que llega a desarrollarse como larva adulta, es decir que completan el ciclo en una generación. Aquí el tiempo entre generaciones es medido en $t = 2.5$ meses, que corresponde al tiempo promedio en que las larvas tardan en desarrollarse en el hospedero secundario y definitivo.

parámetro	valor
β	0.023
ω	0.9
ρ	1
γ	37500

Cuadro 4.1: Parámetros del caso 1

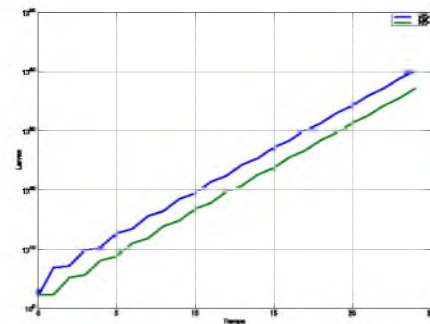


Figura 4.3: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores resultantes para este caso son: $\lambda_1 = -26.922$ y $\lambda_2 = 28.801$. Como $|\lambda_i| > 1$, para $i = 1, 2$ se tiene que bajo estas condiciones el sistema diverge (Proposición 2.1), es decir, bajo estas condiciones el sistema es inestable. Esto es mostrado en la Figura 4.3.

EJEMPLO 2

En este ejemplo se muestra lo que sucede con los valores de y^t y z^t para el caso 2 del análisis del espacio de parámetros, donde se supone que la mitad de la población humana infectada es atendida ($\rho = 0.5$), y se observa que el sistema se mantiene estable si al aumentar γ disminuimos β , esto corresponde al hecho de que una producción alta de huevecillos puede ser compensada con un buen cuidado en la parte del ciclo que

corresponde a la transmisión cerdo-humano.

parámetro	valor
β	0.1
ω	0.2
ρ	0.5
γ	10

Cuadro 4.2: Parámetros del caso 2a

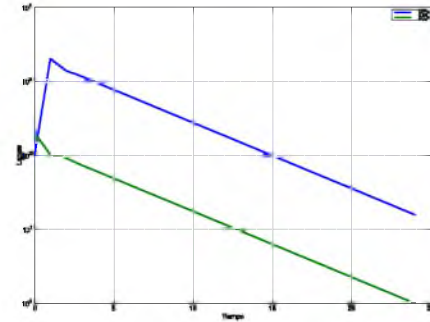


Figura 4.4: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = -0.13497$, $\lambda_2 = 0.81497$. Cuyas normas son menores a uno 0.13497 y 0.81497 respectivamente. El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es ejemplificado en la Figura 4.4 donde se observa, con las condiciones iniciales dadas, que las larvas tipo 2 aumentan hasta alcanzar un tope y decrecen, mientras que las larvas adultas siempre decrecen. De acuerdo con la Proposición 2.1 como $|\lambda_i| < 1$ para $i = 1, 2$, las larvas disminuyen y tienden a 0 conforme las generaciones avanzan, es decir, con estos parámetros las larvas se extinguen. Esto puede verse en la Figura 4.4.

En lo sucesivo se presentan dos ejemplos más del comportamiento del modelo, se varia el valor del parámetro γ y se compensa esta variación con la disminución del parámetro β .

parámetro	valor
β	0.01
ω	0.2
ρ	0.5
γ	200

Cuadro 4.3: Parámetros del caso 2b

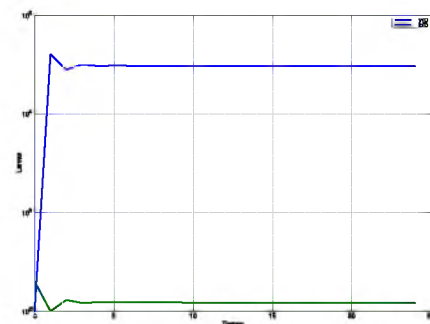


Figura 4.5: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = -0.30123$, $\lambda_2 = 0.99923$. Cuyas normas son menores a uno, 0.30123 y 0.99923, respectivamente. El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es ejemplificado en la Figura 4.5.

parámetro	valor
β	0.001
ω	0.2
ρ	0.5
γ	2000

Cuadro 4.4: Parámetros del caso 2c

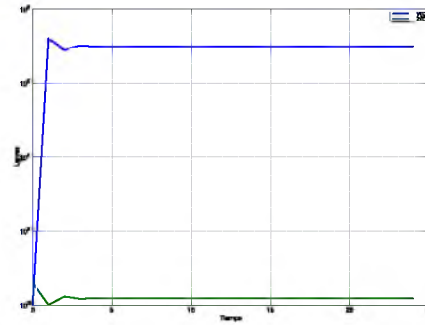


Figura 4.6: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = -0.30012$, $\lambda_2 = 0.99992$. Cuyas normas son menores a uno, 0.30012 y 0.99992, respectivamente. La Proposición 2.1 nos asegura que en estas condiciones el sistema converge a cero, es decir, en algún momento se termina con el ciclo de vida del parásito. El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es ejemplificado en la Figura 4.6

EJEMPLO 3

En este ejemplo se considera que los hospederos definitivos no reciben tratamiento, mientras que los hospederos intermediarios reciben un buen tratamiento. De la misma manera no muchas larvas pasan del H. intermedio al H. definitivo, y sin embargo, si hay un buen número de huevecillos dispersos en el ambiente que alcanzan el estado larvario adulto.

Parámetro	β	ω	ρ	γ
Valor	0.001	0.2	1	2000

Cuadro 4.5: Parámetros del caso 3

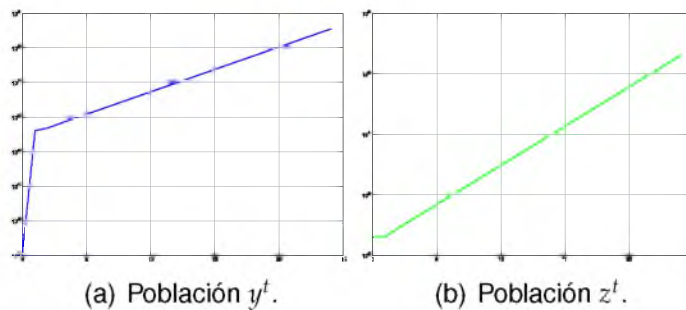


Figura 4.7: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = -0.14848$, $\lambda_2 = 1.34828$. Cuyas normas son: 0.14848 y 1.34828, respectivamente. El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es ejemplificado en la Figura 4.7. De acuerdo con la Proposición 2.1 bajo estas condiciones es sistema diverge, es decir, el número de larvas siempre está en aumento.

4.2. Modelo no lineal

En esta sección utilizaremos un modelo no lineal. En los sistemas lineales el segundo miembro de la ecuación es una expresión que depende en forma lineal de las variables, en este caso, x^t, y^t, z^t . Los sistemas lineales dan como resultados un comportamiento monótono creciente o decreciente indefinidamente.

Los sistemas no lineales, como el que utilizamos para describir la dinámica de y , permiten describir una dinámica creciente pero con un límite en los niveles superiores, que no posibilita el crecimiento ilimitado del número de individuos en la población, y se acerca más a la realidad biológica.

Los parámetros y variables de este modelo son los mismos que en el anterior, excepto que ahora se considera la dependencia en la densidad de las larvas tipo 2, introduciendo un nuevo parámetro, m , relacionado inversamente con la eficiencia de búsqueda individual de las larvas, es decir, la eficiencia con la que una larva encuentra un hospedador intermediario para parasitar.

Esta dependencia se refleja en que si el número de larvas que ingiere el hospedador intermediario es grande, la tasa de infección es menor, caso contrario a que si el número ingerido es menor, entonces la tasa de infección es mayor. Así el modelo queda descrito de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}x^{t+1} &= \mu z^t \\y^{t+1} &= \frac{\omega y^t}{m + y^t} (1 - \beta) + \alpha x^t \\z^{t+1} &= \rho z^t + \beta \omega y^t\end{aligned}\tag{4.4}$$

Para la *T. solium* este parámetro es pequeño ya que las larvas de tipo 1, no poseen movimientos para realizar la búsqueda, tienen que ser ingeridas en el lugar de deposición,

salvo que sean arrastradas por corrientes de agua. Mientras que las larvas tipo 1 de la *T. saginata* pueden realizar movimientos gracias a que posee una cola que les permite desplazarse en el agua, poseen entonces un parámetro m mayor. Al igual que en el primer modelo como x^{t+1} solo depende de z^t , podemos reescribir al sistema anterior como

$$\begin{aligned} y^{t+1} &= \frac{\omega y^t}{m+y^t}(1-\beta) + \gamma z^t \\ z^{t+1} &= \rho z^t + \beta \omega y^t \end{aligned} \quad (4.5)$$

Donde γ es como en la ecuación 4.2.

4.2.1. Análisis del modelo no lineal

El Jacobiano J_x del modelo está dado por:

$$J_x = \begin{pmatrix} \frac{\omega m(1-\beta)}{(m+y)^2} & \gamma \\ \beta \omega & \rho \end{pmatrix}$$

Tras analizar los puntos fijos del sistema 4.3 se obtienen dos casos. El primero donde $(y_1, z_1) = (0, 0)$, para este caso el Jacobiano evaluado en este punto es:

$$J_x(0, 0) = \begin{pmatrix} \frac{\omega(1-\beta)}{m} & \gamma \\ \beta \omega & \rho \end{pmatrix}$$

Cuyos eigenvalores son:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\frac{\sqrt{(\beta-1)^2\omega^2 + ((2\beta-2)m\rho + 4\beta\gamma m^2)\omega + m^2\rho^2} + (\beta-1)\omega - m\rho}{2m} \\ \lambda_2 &= \frac{\sqrt{(\beta-1)^2\omega^2 + ((2\beta-2)m\rho + 4\beta\gamma m^2)\omega + m^2\rho^2} + (1-\beta)\omega + m\rho}{2m} \end{aligned} \quad (4.6)$$

En el segundo caso el punto fijo es (y_2, z_2) donde

$$y_2 = -m + \frac{w(1-\beta)(1-\rho)}{1-\rho-\gamma\omega\beta} \quad z_2 = -\frac{m\omega\beta}{1-\rho} + \frac{\omega^2\beta(1-\beta)}{1-\rho-\gamma\omega\beta}$$

el Jacobiano evaluado en este punto es

$$J(y_2, z_2) = \begin{pmatrix} \frac{m(1-\rho-\gamma\omega\beta)^2}{\omega(1-\beta)(1-\rho)^2} & \gamma \\ \beta\omega & \rho \end{pmatrix}$$

y cuyos eigenvalores son:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{-\sqrt{A} + m(1-\rho-\gamma\omega\beta)^2 + \rho\omega(1-\beta)(1-\rho)^2}{2\omega(1-\beta)(1-\rho)^2} \\ \lambda_2 &= \frac{\sqrt{A} + m(1-\rho-\gamma\omega\beta)^2 + \rho\omega(1-\beta)(1-\rho)^2}{2\omega(1-\beta)(1-\rho)^2} \end{aligned} \quad (4.7)$$

Donde

$$A = [m(1-\rho-\gamma\omega\beta)^2 + \rho\omega(1-\beta)(1-\rho)^2]^2 - 4m\rho\omega(1-\beta)(1-\rho)^2(1-\rho-\gamma\omega\beta)^2 + 4\beta\omega^3\gamma(1-\beta)^2(1-\rho)^4.$$

Siempre es positivo para todo valor $m, \gamma > 0$ y $\beta, \rho, \omega \in [0, 1]$.

Usando el Test de Jury, encontramos que el sistema es estable cuando cumple las siguientes condiciones:

$$\text{Condiciones necesarias:} \quad 1 - \beta\omega\gamma > \max\left\{\frac{\omega(1-\beta)(1-\rho)}{m} + \rho, -\frac{\omega(1-\beta)(1+\rho)}{m} - \rho\right\}$$

Condiciones suficientes:

$$1 > \left|\frac{\omega(1-\beta)\rho}{m} - \beta\omega\gamma\right|$$

4.2.2. Análisis del espacio de parámetros

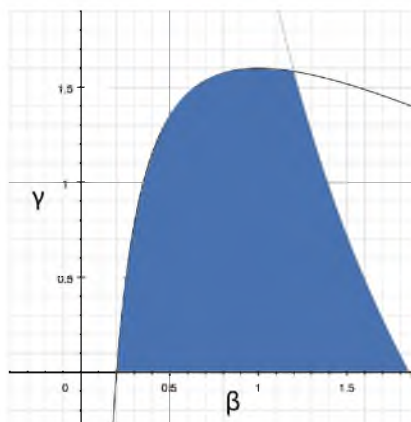
El segundo punto fijo esta dado por

$$y_2 = -m + \frac{\omega(1-\beta)(1-\rho)}{1-\rho-\gamma\omega\beta} \quad z_2 = -\frac{m\omega\beta}{1-\rho} + \frac{\omega^2\beta(1-\beta)}{1-\rho-\gamma\omega\beta}$$

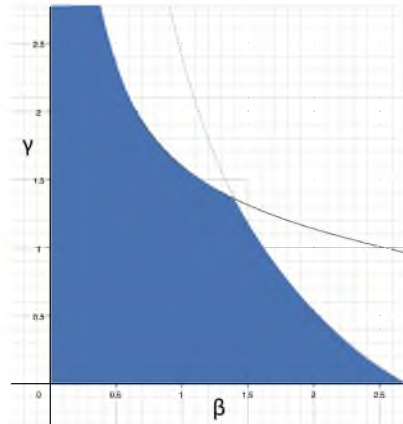
No profundizaremos en el estudio de este punto fijo debido a que para la mayoría de los valores de los parámetros: y_2 y z_2 son negativos, lo cual implicaría que tenemos un número negativo de parásitos. Cuando y_2 y z_2 no son negativos son menores que uno, lo cual carece de sentido biológico. Dado lo anterior nos concentramos solamente en el análisis del punto fijo $(0, 0)$.

Análisis del punto fijo $(0,0)$

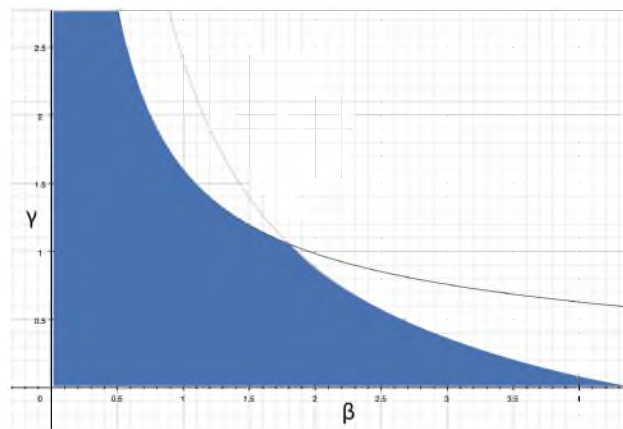
Caso 1: Primero fijando los parámetros $\omega = 0.5$ y $\rho = 0.2$, y variando los parámetros restantes podemos observar que para $m = 0.5, 1, 2$, en el espacio de los parámetros (β, γ) se obtienen valores propios menores o iguales que 1 tomando valores en las regiones que se muestran a continuación.



(a) $m = 0.5$.



(b) $m = 1$.



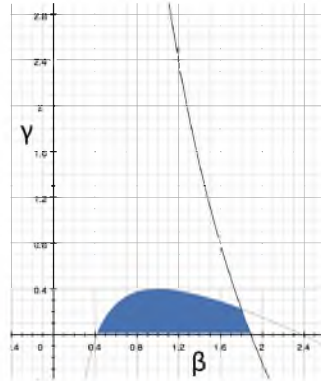
(c) $m = 2$.

Figura 4.8: $\omega = 0.5$ y $\rho = 0.2$ fijos. Variaciones de m .

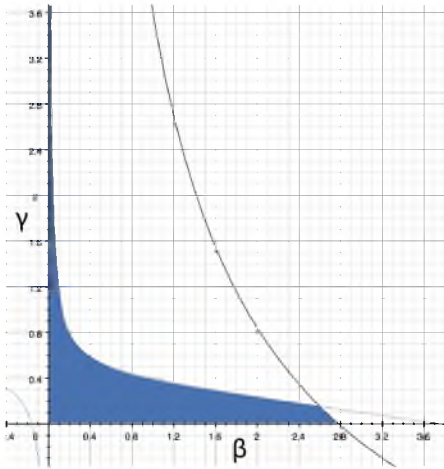
De las gráficas anteriores se observa que la estabilidad del sistema está muy relacionado con el valor de m , ya que a medida que este aumenta el área de intersección de las regiones aumenta, lo que da mayor estabilidad al sistema .

Caso 2: Ahora seguimos fijando $\omega = 0.5$, cambiamos $\rho = 0.8$, y variando los parámetros restantes podemos observar que para $m = 0.5, 1, 2$, en el espacio de los parámetros (β, γ) se obtienen valores propios menores o iguales que 1 tomando valores en las regiones que

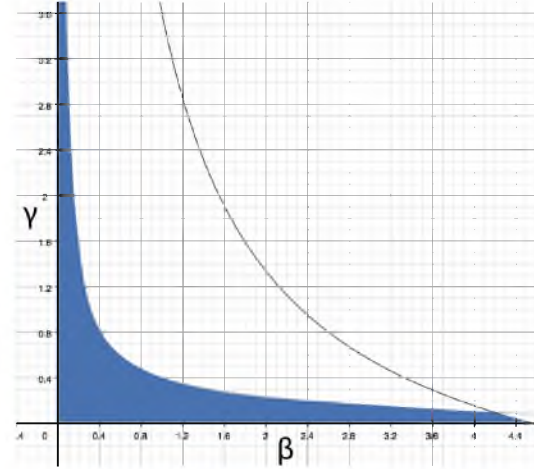
se muestran a continuación.



(a) $m = 0.5$.



(b) $m = 1$.



(c) $m = 2$.

Figura 4.9: $\omega = 0.5$ y $\rho = 0.8$ fijos. Variaciones de m .

En estas gráficas se observa un comportamiento similar al caso 1, sin embargo, las regiones de estabilidad son menores. Esto se refleja en que $\rho = 0.8$, lo que significa que se dejan mas larvas adultas y por ende el número de huevecillos aumenta, incrementado las larvas en cada etapa, por lo que la estabilidad del sistema disminuye.

4.2.3. Ejemplos

EJEMPLO 1

Para este ejemplo se consideran los parámetros descritos en el Ejemplo 1 del caso lineal bajo las mismas suposiciones. Se toma ahora un valor para el parámetro relacionado con la eficiencia de búsqueda, $m = 1$.

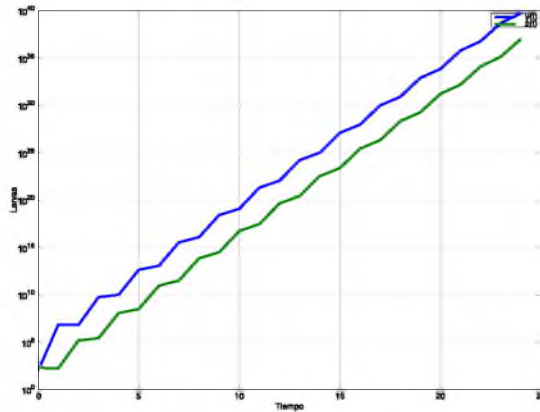


Figura 4.10: $\beta = 0.023$, $\omega = 0.9$, $\rho = 0.9$, $\gamma = 37500$, $m = 1$. Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Para el punto $(0,0)$ los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = 26.972$, $\lambda_2 = 28.751$. Ambos con norma mayor a 1, por lo que en este caso el sistema diverge (Proposición 2.1). El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es descrito en la Figura 4.10.

EJEMPLO 2

En este caso se consideran los parámetros bajo los siguientes supuestos: la mitad de la población de larvas en los hospederos intermediarios y definitivos sobreviven entre generaciones, se tiene un buen cuidado en la transición de las larvas del tipo 2 a los hospederos definitivos, solo una pequeña fracción de estas llegan a pasar. Se plantea además que un buen número de los huevecillos llegan a parasitar al hospedero intermediario, es decir, que se desarrollan como larvas de tipo 2.

parámetro	valor
β	0.01
ω	0.5
ρ	0.5
γ	300
m	1

Cuadro 4.6: Parámetros ejemplo 2

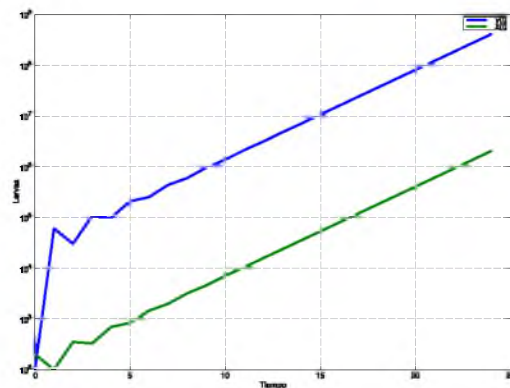


Figura 4.11: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Los eigenvalores correspondientes a este caso son $\lambda_1 = 1.72$ y $\lambda_2 = -0.72$. Donde se tiene una norma mayor que 1 y la otra menor. El comportamiento del sistema bajo estos parámetros es representado en la Figura 4.11 donde se observa, con las condiciones iniciales dadas, que ambas poblaciones de larvas aumentan rápidamente.

EJEMPLO 3

Para este ejemplo se asume que solo una quinta parte de las larvas de tipo 2 sobrevive entre generaciones y que una mínima parte de estas llega a pasar al hospedero definitivo. Se considera que la mitad de la población humana es atendida y que pocos huevecillos lleguen a desarrollarse como larvas. Se contempla un eficiencia de búsqueda $m = 0.3$ para las primeras larvas.

parámetro	valor
β	0.01
ω	0.2
ρ	0.5
γ	100
m	0.3

Cuadro 4.7: Parámetros ejemplo 3

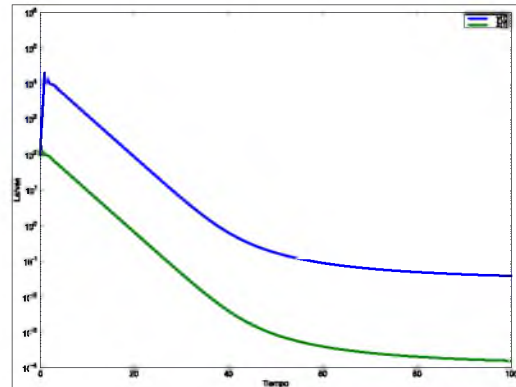


Figura 4.12: Condiciones iniciales: $y^0 = 100$ y $z^0 = 200$.

Para este caso el punto $(0, 0)$ es un punto silla con eigenvalores 1.03 y 0.12. Sin embargo el otro punto fijo $(0.03, 0.00012)$ es estable, tal como se indicó en el análisis de parámetros presentando eigenvalores $\lambda_1 = 0.970518$ y $\lambda_2 = 0.074937$, cuyas normas son ambas menores a uno. Bajo estos parámetros se puede observar en la Figura 4.12 que y^t y z^t tienden a $(0.03, 0.00012)$ (Proposición 2.1).

Capítulo 5

Conclusiones

En este trabajo se realizó el análisis topológico y dinámico del ciclo de vida de los macroparásitos con tres hospederos. Se muestra además que las interacciones entre hospederos y macroparásitos son bien representadas a través de herramientas matemáticas, como las digráficas (redes), donde los nodos representan a los hospederos y las interacciones entre ellos son representadas mediante flechas dirigidas que corresponden con las preferencias de los parásitos. Para el desarrollo del mismo fue indispensable revisar un gran número de artículos y textos referentes al macroparásito en cuestión. También fue necesario el análisis de varias métricas topológicas para el estudio de redes dinámicas complejas, así como reforzar los conocimientos sobre los teoremas que permiten dar condiciones de estabilidad a un sistema dinámico.

La red general construida para los macroparásitos más comunes de la región reflejó que los más afectados en esta zona pueden ser los perros y gatos debido al alto número de hospederos primarios con los que interactúan. En el análisis topológico realizado al ciclo de vida del macroparásito del humano, *T. solium* y *T. saginata*, se puede apreciar la importancia de los hospederos involucrados en este ciclo y los efectos que se producen al aumentar las interacciones entre estos.

Para este análisis las redes se nombraron como MAD1, MAD2, MAD3 y MAD4. Para las primeras dos redes se encontró que son más propensas a alcanzar el equilibrio agente-ambiente-hospedador, debido a que en la primera red el ciclo únicamente se completa por una vía, es decir, los parásitos en cada nodo son compensados, en la segunda red HD y HTSo interactúan directamente, sin embargo, esta red también alcanza el equilibrio porque los parásitos que llegan a HD por esta vía no se diseminan al ambiente. En las últimas dos

redes existe menor posibilidad de equilibrio ya que se incrementan los parásitos en HD y el primer nodo recibe parásitos.

Las simulaciones realizadas con el modelo discreto lineal, considerando una tasa de sobrevivencia entre generaciones de $\omega = 0.5$ para los parásitos en HI, revelan que una buena atención a la población humana (ρ pequeño) genera mayor región de estabilidad para el sistema, se observa también que una mala atención puede ser compensada con un parámetro pequeño de transmisión del hospedero intermediario al hospedero definitivo ($\beta < 0.5$), biológicamente esto significa que con estas condiciones el parásito se extingue.

Un comportamiento similar es observado al tomar $\rho = 0.5$, aquí notamos que mientras la tasa de sobrevivencia de los parásitos en HI sea menor, existe mayor estabilidad para el sistema. Análogamente un incremento en la sobrevivencia en HI es equilibrada con un parámetro de transmisión pequeño de HI a HD.

Para el modelo no lineal donde se introduce la dependencia en la densidad del parásito en HI, se obtuvieron dos puntos fijos, sin embargo, se descartó el análisis de uno debido a que carece de sentido biológico. El otro punto fijo, que si se analizó es el $(0,0)$. Suponiendo que solo la mitad de las larvas en HI sobreviven entre generaciones, $\omega = 0.5$, y que menos de la mitad de los parásitos adultos sobrevive, $\rho = 0.2$, se encontró que la región de estabilidad está ampliamente ligada a la eficiencia de búsqueda del parásito, a mayor eficiencia menor región de estabilidad. Por otra parte, si el porcentaje de larvas adultas que sobreviven entre generaciones se incrementa ($\rho > 0.5$), el número de huevecillos aumenta incrementado las larvas en cada etapa, por lo que la estabilidad del sistema disminuye.

Bibliografía

- [1] Eric R. Morgan, E.J. Milner-Gull, Paul R. Torgerson and Graham F. Medley, *Ruminating on complexity: macroparasites of wildlife and livestock*, 2004
- [2] Andrew Dobson, *Population Dynamics of Pathogens with Multiple Host Species*, 2004
- [3] Maarten van Steen, *An Introduction to Graph Theory and Complex Networks*, 2010
- [4] Fan R. K. Chung, *Spectral Graph Theory*, 1994
- [5] Reinhard Diestel, *Graph Theory*, Electronic Edition 2000, Springer-verlag.
- [6] Ahmad K. Naimzada, Silvana Stefani, Anna Torriero, *Networks, Topology and Dynamics, Theory and Applications to Economics and Social Systems*. 2009 Springer
- [7] Joshua A. Grochow and Manolis Kellis, *Network Motif Discovery Using Subgraph Enumeration and Symmetry-Breaking*, Springer 2007
- [8] *Differential equations, dynamical systems, and an introduction to chaos*/Morris W. Hirsch, Stephen Smale, Robert L. Devaney. Second Edition, 2004.
- [9] *A First Course in Discrete Dynamical Systems*, Richard A. Holmgren, Second Edition, 1996 Springer.
- [10] *Mathematical Models in Biology*. Leah Edelstein-Keshet. Society for Industrial and Applied Mathematics. Philadelphia. Random House, New York, 1988.
- [11] *A first course in dynamics : with a panorama of recent developments*. Boris Hasselblatt, Anatole Katok. Cambridge University Press, 2003.
- [12] Sophia R.-J. Jang (2006) Allee effects in a discrete-time host-parasitoid model, *Journal of Difference Equations and Applications*, 12:2, 165-181.

- [13] Ryusuke Kon and Sebastian J Schreiber. Multiparasitoid-Host interactions whit egg-limited encounter rates. Society for Industrial and Applied Mathematics 2009.
- [14] Sophia R.-J. Jang and Jui-Ling Yu. A discrete-time host-parasitoid model. Proceedings of the Conference on Differential & Difference Equations and Applications 2006, pp. 451- 455
- [15] Banshidhar Sahoo, Swarup Poria. Host-Parasitoid Model With Intraspecific Competitions. International Journal of Engineering and Technology 2012.
- [16] M. P. Hassell and R. M. May, Modelo B, Stability in insect host-parasite model. Department of Zoology, Imperial College, London S.W.7.
- [17] Hassell M.P. and Robert M. May. Spatial heterogeneity and the dynamics of parasitoid-host system. Ann. Zool. Fennici 1998.
- [18] G. Livadiotis, L. Assas, B. Dennis, S. Elaydi and E. Kwessi. A discrete-time host-parasitoid model with an Allee effect , Journal of Biological Dynamics 2014.
- [19] Björn, H., J., Falk, S. 2008, Analysis of biological networks. Wiley inter-science. USA.
- [20] Robert L. Devaney. An Introduction to Chaotic Dynamical Systems. Second Ediction, 2004.
- [21] Chris Godsil, Gordon Royle. Algebraic Graph Theory, 2000.
- [22] MV. Eloy Anibal Gonzales Gustavson. Dinámica de transmisión de la cisticercosis porcina, 2010.
- [23] Antonio Meza-Lucas, Francisco Aguilar Rebolledo. Teniasis humana por *Taenia solium*. Revista Mexicana de Patología Clínica, 2002.
- [24] Elsa Sarti, M.C. La teniosis y cisticercosis por *Taenia solium*. Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas, Instituto Nacional de Salud Pública, México, 1997.
- [25] A Fisrt Course on Modern Dynamics. Boris Hasselblatt, Anatole Katok.