

Congreso de Latinoamericano Biología Matemática



LIBRO DE RESÚMENES

Tandil ~ Argentina 2005

Libro de Resúmenes

Tandil, Argentina
6 al 11 de Noviembre de 2005



Universidad Nacional del Centro
De la Provincia de Buenos Aires

ORGANIZADO POR

LA SOCIEDAD LATINOAMERICANA DE BIOLOGÍA MATEMÁTICA
Y
EL INSTITUTO MULTIDISCIPLINARIO SOBRE
ECOSISTEMAS Y DESARROLLO SUSTENTABLE
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS
AIRES

ORGANISMOS PATROCINADORES

SECRETARÍA DE POLÍTICAS UNIVERSITARIAS, MINISTERIO DE EDUCACIÓN
COMISIÓN DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

SECRETARÍA DE CIENCIA, ARTE Y TECNOLOGÍA,
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS,
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

FACULTAD DE INGENIERÍA,
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

ORGANISMOS AUSPICIANTES

RECTORADO

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS

FACULTAD DE INGENIERÍA

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

UNIVERSIDAD FAVALORO

FUNDACIÓN VIDA SILVESTRE ARGENTINA

COMITÉ CIENTÍFICO

(en orden alfabético)

Jorge Ahumada	USGS, Wildlife Health Center, USA
Ignacio Barradas	CIMAT- Univ. de Guanajuato, México
Rodney Bassanezi	Univ. Estadual de Campinas, Brasil
Carlos Enrique D'Attellis	Univ. Favaloro, Argentina
Cristina DiPasquale	Fundación Proyecto Andino, Argentina
Andrés Fraguela Collar	Univ. Autónoma de Puebla, México
Jorge González Guzmán	Univ. Católica de Valparaiso, Chile
Eduardo González Olivares	Univ. Católica de Valparaiso, Chile
Josefina Hernández	Univ. Central de Venezuela, Venezuela
Claudia María Jacobi	Univ. Federal de Minas Gerais, Brasil
Margarita Lampo	IVIC, Venezuela
Jesús Alberto León	Univ. Central de Venezuela, Venezuela
Claudio Machado	UNCPBA, Argentina
Jaime Mena Lorca	Univ. Católica de Valparaiso, Chile
Joao Frederico Meyer	Univ. Estadual de Campinas, Brasil
Mercedes Pascual-Dunlap	Univ. of Michigan, USA
Miguel Pascual	CENPAT-CONICET, Argentina
Faustino Sánchez Garduño	UNAM, México
Jacques Loureiro Da Silva	Univ. Federal do Rio Grande do Sul, Brasil
Jorge Velasco	Instituto Nacional del Petróleo, México

COMITÉ ORGANIZADOR

Coordinación

Graciela Canziani	Exactas, UNCPBA
Rosana Ferrati	Exactas, UNCPBA

Integrantes (en orden alfabético)

Néstor Bárbaro	CNEA-UNCPBA
Florencia Castets	CICPBA-UNCPBA
Mauro Chaparro	Exactas, UNCPBA
Oscar Díaz	Ingeniería, UNCPBA
Federico Dukatz	Exactas, UNCPBA
Emma Ferrero	Cs. Básicas, UNLu
Fabián Grosman	Veterinarias, UNCPBA
Fernando Momo	Ciencias, UNGS
Alberto Parma	Veterinarias, UNCPBA
Cecilia Ramírez	Veterinarias, UNCPBA
María del Carmen Romero	Exactas, Económicas, Humanas, UNCPBA
Pablo Saavedra	Exactas, UNCPBA
Pablo Sanzano	Veterinarias, UNCPBA
Verónica Simoy	Exactas, UNCPBA
Manuel Vargas Russo	Exactas, UNCPBA

CURSILLOS

- Cursillo Nº1: *Dinámica de Interacciones Poblacionales Variables o Condicionadas: continuo entre asociaciones positivas y negativas, e intercambio de roles*, dictado por la Dra. María Josefina Hernández, Universidad Central de Venezuela.
- Cursillo Nº2: *Control No Lineal del HIV-1*, dictado por el Dr. Carlos Enrique D'Attellis, Universidad Favaloro.
- Cursillo Nº3: *Modelos Discretos*, dictado por el Dr. Ignacio Barradas, Centro de Investigación en Matemáticas de Guanajuato y Universidad de Guanajuato.
- Cursillo Nº4: *Biología Teórica. Análisis de la dinámica de la proliferación y migración celular durante el desarrollo del sistema nervioso central*, dictado por el Dr. Vladimir Flores, Universidad Favaloro.
- Cursillo Nº5: *Análisis Estadístico de Datos Composicionales*, dictado por la Dra. Nélida Winzer, Universidad Nacional del Sur.
- Cursillo Nº6: *Introducción al Modelado Fuzzy*, dictado por el Dr. Rodney Bassanezi, Universidad Estatal de Campinas.
- Cursillo Nº7: *Introducción al Análisis de Series de Tiempo*, dictado por la Lic. Paula Federico, University of Tennessee y UNCPBA.

CONFERENCIANTES INVITADOS

Dra. Lucía Cervantes Gómez
*Facultad de Ciencias Físico Matemáticas
B. Universidad Autónoma de Puebla. México*

Dr. Eduardo González-Olivares
*Grupo de Ecología Matemática,
Instituto de Matemáticas
Facultad de Ciencias Básicas y Matemáticas, Pontificia
Universidad Católica de Valparaíso, Chile.*

Dr. José Raúl Grigera
*Instituto de Física de Líquidos y Sistemas Biológicos IFLYSIB
Universidad Nacional de la Plata
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas CONICET
Consejo de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, Argentina.*

Dra. Maria-Josefina Hernández.
*Laboratorio de Biología Teórica.
Instituto de Zoología Tropical.
Facultad de Ciencias.
Universidad Central de Venezuela, Venezuela.*

Dr. Joao Frederico Meyer
*Instituto de Matemática, Estadística y Computación
Universidade Estadual de Campinas, Brasil.*

Dr. Faustino Sánchez Garduño
*Departamento de Matemáticas
Facultad de Ciencias
Universidad Nacional Autónoma de México, México.*

CONFERENCIAS INVITADAS

Algunos modelos matemáticos de actividad eléctrica en neuronas y células cardíacas.

Lucía Cervantes Gómez
Facultad de Ciencias Físico Matemáticas
B. Universidad Autónoma de Puebla. México
lcervant@fcfm.buap.mx

La modelación matemática de las células eléctricamente excitables, como son las células cardíacas y la mayoría de las neuronas, impone diferentes desafíos y proporciona distintos problemas matemáticos.

En esta plática presentaré algunas de las situaciones que uno puede encontrar, en tres ejemplos de modelación de actividad eléctrica en células excitables.

Empezaré con el ejemplo de la identificación de parámetros en modelos de corrientes iónicas transmembranales, comentando sobre las características de la identificación de corrientes de calcio y dependientes de calcio.

A continuación mostraré un modelo para el circuito neuronal más simple involucrado con alguna unidad de conducta, el cual es la vía del reflejo monosináptico. Las fluctuaciones de la amplitud del reflejo se simularon usando las soluciones del modelo matemático para 100 motoneuronas.

Finalmente, para células cardíacas presentaré una reducción del modelo de Luo Rudy, la cual reproduce las características principales de sus potenciales de acción.

Mathematical models of electrical activity in neurons and cardiac cells

The mathematical modeling of the electrically excitable cells, like the cardiac ones and the majority of the neurons, imposes different challenges and gives us different mathematical problems.

In this talk I will present some of the situations which we could find in three modeling examples of electrical activity in excitable cells.

I will start with the example of parameter identification in models of transmembrane ionic currents, giving an opinion about the features of the identification of calcium currents and calcium dependent currents.

Secondly, I will show a model for the simplest neural circuit that mediates some elementary unit of behavior, the monosynaptic reflex pathway. Amplitude fluctuations of the monosynaptic reflexes were computed using the solutions of the mathematical model for 100 motoneurons.

Finally, for cardiac cells I will present a reduction of the Luo Rudy's model, such reduced model reproduces the principal features of their action potentials.

Estabilidad y persistencia en modelos de depredación considerando efecto Allee en las presas

Eduardo González-Olivares
Grupo de Ecología Matemática,
Instituto de Matemáticas
Facultad de Ciencias Básicas y Matemáticas, Pontificia
Universidad Católica de Valparaíso, Chile.
ejgonzal@ucv.cl

Cualquier relación positiva entre la densidad poblacional y el fitness (adaptación) individual es conocida como *efecto Allee* [7, 15, 16], denominado así por los trabajos iniciados por W. C. Allee [1, 2; aparece como resultado del beneficio de la presencia de conespecíficos y se manifiesta con reducciones del fitness individual cuando el tamaño poblacional es pequeño y se pierden estos beneficios. Este fenómeno es también llamado *depensación* [4, 5, 8, 9, 12], o *efecto de competición negativa* [20].

Este efecto puede ser causado por ejemplo en dificultades para encontrar parejas, la explotación de alimentos y la evitación de los depredadores o la defensa [7, 13, 15, 16]. Los apiñamientos de organismos sobre los recursos disponibles que ocurren en forma natural, pueden indicar la presencia de un efecto Allee, porque este efecto puede señalar comportamientos de agregación [15, 16], los cuales por ejemplo, pueden ser inducidos por los individuos emitiendo sustancias para atraer a sus conespecíficos.

Las implicaciones del efecto Allee pueden ser potencialmente muy importantes en varias áreas de la ecología y la evolución ya que para especies sociales, particularmente aquellas que son cooperadoras obligadas, puede incrementar fuertemente la probabilidad de extinciones locales o globales, un fenómeno que ha recibido considerable atención por parte de los ecólogos [8, 9, 13].

La tasa de crecimiento poblacional describe un efecto Allee si un incremento per capita de la tasa de crecimiento ocurre en un cierto rango de la densidad; este fenómeno puede tener dos formas: *efecto Allee fuerte* [15,16] o *depensación crítica* [4, 5] y *efecto Allee débil* o *depensación no-crítica*. Cuando el efecto Allee es suficientemente fuerte, existe un umbral crítico bajo el cual la población experimenta la extinción [3, 10, 20]. En contraste una población con un efecto Allee débil no tiene un umbral que deba sobrepasar para crecer [20].

En modelos de población tiempo continuo diferentes formas matemáticas pueden existir para formalizar el efecto Allee. En [15, 16, 17, 19] se resta un término a la ecuación logística. Una forma más conocida es presentada en [4, 5, 7, 18] usando un factor que modifica la ecuación logística. En [7] se muestra que debido al parámetro adicional m , el punto de equilibrio inestable (mínimo de población viable) es posible introducir dependencia de la densidad inversa a bajos tamaños poblacionales. El efecto de esta es producir una relación entre la tasa de crecimiento per capita y el tamaño poblacional, donde la dependencia de la densidad negativa en un umbral superior (la capacidad de soporte K) es reflejada por la dependencia de la densidad inversa en el umbral inferior.

Sin embargo pocos artículos se han centrado en la dinámica poblacional o en la discusión de los efectos estabilizantes o desestabilizantes del efecto Allee en sistemas de depredación [3, 6, 11, 14]. Nuestra atención es centrada en modelos deterministas tiempo continuo describiendo la interacción depredador-presa, porque modelos matemáticamente simples pueden revelar mucho acerca de las dinámicas e implicaciones importantes de este fenómeno [7].

Mostramos que las marcadas diferencias entre el crecimiento logístico y el crecimiento sujeto al efecto Allee tienen profundas influencias en la interacción depredador-presa, pero resultados distintos pueden ser obtenidos cuando son consideradas formas diferentes de este fenómenos [21].

Stability and persistence on predator-prey models considering Allee effect on prey

A positive relationship between population density and the individual's fitness is often known as the *Allee effects* [7, 15, 16], named after the pioneering work of W.C. Allee [1, 2], and arise as a result of the benefits of conspecific presence, and manifest as reductions in individual fitness as populations become smaller and these benefits are lost. Also is termed *depensation* [4, 5, 8, 9, 12], or *Negative competition effect* [20].

This effect can be caused by difficulties in, for example, mate finding, food exploitation (e.g. host resistance can only be overcome by sufficient numbers of consumers) and predator avoidance or defense [7, 13, 15, 16]. Naturally occurring aggregated distributions of organisms over the available resources may indicate the presence of an Allee effect, because the Allee effect might select for aggregation behavior [15, 16]. Such behavior can, for example, be induced by individuals excreting substances to attract conspecifics.

The implications of the Allee effect are potentially very important in most areas of ecology and evolution since social species, particularly those that are obligate cooperators, might greatly increase the likelihood of local and global extinction, a phenomenon that has received considerable attention from ecologists [8, 9, 13].

The population growth rate shows an Allee effect if an increase in the per capita growth rate occurs over certain ranges of density and this phenomenon can have two forms: *strong Allee effect* [15,16] or *critical depensation* [4, 5] and the *weak Allee effect* or *noncritical depensation*. When the Allee effect is sufficiently strong, there is a critical threshold below which the population experiences extinction [3, 10, 20]. In contrast, a population with a weak Allee effect does not have a threshold the population must surpass to grow [20].

Different mathematical ways there exist for formalize the Allee effect in continuous time models. Resting a term in the logistic equation is presented in [15, 16, 17, 19]. A more known form is presented in [4, 5, 7, 18] using a factor that modify the logistic equation; in [7] it show that by one extra parameter m , the lower unstable equilibrium point, it is possible to introduce inverse density dependence at low population sizes. The effect of this is to produce a relationship between per capita growth rate and population size, where negative density dependence at an upper threshold

(K , the 'carrying capacity') is mirrored by inverse density dependence at the lower threshold.

However there have been few papers focused on population dynamics or discussing its stabilizing or destabilizing effects on the predator-prey systems [3, 6, 11, 14]. Here, we focus our attention on deterministic continuous time model describing the predation interaction, because simple mathematical models can reveal much about the dynamics and the important implications of this phenomenon [7].

We show that the marked differences between logistic growth and growth subject to Allee effects has a profound influence on the interaction, but different results are obtained when other forms to this phenomenon are assumed [21].

References

- [1] Allee, W. C., 1931, Animal aggregations: A study in general sociology, University of Chicago Press, Chicago. Il.
- [2] Allee, W. C., 1938. The social life of animals, W. W. Norton and Co. New York.
- [3] Bazykin, A. D., Berezovskaya, F. S., Isaev, A. S., and Khlebopros, R. G., 1997. Dynamics of forest insect density: Bifurcation approach, Journal of Theoretical Biology 186, 267.
- [4] Brauer, F., and Castillo-Chávez, C., 2001 Mathematical models in Population Biology and Epidemiology, TAM 40, Springer-Verlag.
- [5] Clark, C. W., 1990. Mathematical Bioeconomic: The optimal management of renewable resources, (second edition). John Wiley and Sons.
- [6] Conway E. D. and Smoller, J. A., 1986, Global Analysis of a System of Predator-Prey Equations. SIAM J. Applied Mathematics, Vol. 46, No.4, 630-642.
- [7] Courchamp, F., Clutton-Brock, T., and Grenfell, B., 1999. Inverse dependence and the Allee effect, Trends in Ecology and Evolution Vol 14, No. 10, 405-410.
- [8] Dennis, B., 1989. Allee effects: population growth, critical density, and the chance of extinction, Natural Resource Modeling, Vol 3, No. 4, 481-538.
- [9] Dennis, B., 2002. Allee effects in stochastic populations, Oikos Vol. 96, 389-401.
- [10] González-Olivares, E., Meneses-Alcay, H., and González-Yañez, B., 2005, Metastable dynamics by considering strong and weak Allee effect on prey in Rosenzweig-McArthur predator-prey model, submitted.
- [11] Kent, A., Doncaster, C. P., and T. Sluckin, 2003. Consequences for depredators of rescue and Allee effects on prey, Ecological Modelling Vol. 162, 233-245.
- [12] Liermann, M. and R. Hilborn, 2001, Depensation: evidence models and implications, Fish and Fisheries, Vol. 2 33-58.
- [13] McCarthy, M. A., 1997. The Allee effect, finding mates and theoretical models. Ecological Modelling 103, 99-102.
- [14] Meneses-Alcay, H and González-Olivares E., (2004). Consequences of the Allee effect on Rosenzweig-McArthur predator-prey model, In R. Mondini (Ed.) Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Servicos Editoriais Ltda, Rio de Janeiro, Volumen 2, 264-277.
- [15] Stephens, P. A., and Sutherland, W. J., 1999. Consequences of the Allee effect for behavior, ecology and conservation, Trends in Ecology and Evolution, Vol.14(10) 401-405.

- [16] P. A. Stephens, W. J. Sutherland Vertebrate mating systems, Allee effects and conservation, In: Apollonio et (eds.), Vertebrate mating systems, World Scientific Publishing, chapter 9, 2000.
- [17] Thieme, H. R., 2003. Mathematics in Population Biology, Princeton Series in Theoretical and Computational Biology, Princeton University Press.
- [18] Turchin, P., 2003 Complex population dynamics: a theoretical/empirical synthesis, Princeton University Press.
- [19] Wang, G., Liang, X-G., and Wang, F-Z., 1999. The competitive dynamics of populations subject to an Allee effect, Ecological Modelling 124, 183-192.
- [20] Wang, M-H and M. Kot, 2001, Speeds of invasion in a model with strong or weak Allee effects, Mathematical Biosciences Vol 171, Nº 1, 83-97.
- [21] Zhou, S-R., Liu, Y-F. and Wang, G., 2005. The stability of predator-prey systems subject to the Allee effect, Theoretical Populations Biology 67, 23-31.

Víctimas Inmigrantes promueven Relaciones de Cooperación: un Modelo Metapoblacional de Interacciones Variables

Maria-Josefina Hernández.
*Laboratorio de Biología Teórica.
Instituto de Zoología Tropical.
Facultad de Ciencias.
Universidad Central de Venezuela.
mjhernan@strix.ciens.ucv.ve.*

En la naturaleza observamos situaciones en las que el tipo de interacción resultante entre dos poblaciones puede variar dependiendo del balance entre los costos y beneficios asociados a la presencia de la otra especie. Esto a su vez depende de factores como la abundancia de las poblaciones y las condiciones ambientales. Por ejemplo, entre algunas especies de hormigas y homópteros la asociación puede ser mutualista o de depredación; o en el caso de la polinización surge la interrogante: ¿es mutualismo o parasitismo?; también se ha reportado un espectacular cambio de roles entre depredador y presa entre las langostas y los caracoles marinos en Sudáfrica. Estas interacciones se han denominado *interacciones variables o condicionadas*.

Se han desarrollado modelos teóricos [1,2] para representar la dinámica de estas asociaciones utilizando ecuaciones diferenciales que incluyen funciones de interacción densodependientes, las cuales resultan del balance neto de costos y beneficios asociados a la interacción, y que por tanto pueden tomar valores positivos y negativos. El modelo predice la variación entre tipos de interacción poblacional a lo largo del continuo entre asociaciones beneficiosas y detrimentales para las especies, dependiendo de factores extrínsecos (ambientales) y/o intrínsecos a la asociación.

Partiendo de estos resultados *-dinámica temporal, local-* he desarrollado adicionalmente modelos teóricos que estudian la dinámica de interacciones variables en *ambientes espacialmente heterogéneos*, con énfasis particular en el análisis de variaciones entre interacciones de tipo *víctima-explotador* (parasitismo, depredación, herbivoría) e interacciones de tipo *mutualista*. Utilizo un modelo metapoblacional con dinámicas locales explícitas evaluadas por ecuaciones diferenciales en tiempo continuo, y con diferentes tasas y diferentes vías de migración entre parches. El modelo de dinámica espacio-temporal permite establecer las condiciones bajo las cuales puede, o no, ocurrir la variación en el tipo de interacción de víctima-explotador a mutualismo, debido a la dispersión de individuos entre parches del ambiente. Los resultados muestran que esto depende principalmente de: (i) cuál de las especies migra y en qué proporciones --en particular el modelo predice que se favorece cuando la proporción víctima/explotador aumenta en el parche; (ii) la relación entre la magnitud del coeficiente de interacción densodependiente dentro de cada parche (local) y el promedio entre los parches (global o regional), para cada una de las especies en la asociación; (iii) las condiciones generales de densodependencia en el tipo de interacción.

Immigrant Victims promote Cooperative Relationships: a Metapopulation Model for Variable Interactions

In nature we observe situations in which the outcome of the interaction between two populations may vary depending on the balance between the costs and benefits associated to the presence of the partner species. In turn, this depends on factors such as population abundances and environmental conditions. For instance, the interaction between some ant and homopteran species can be either a mutualism or a predator-prey association; or regarding pollination a question comes up: is it a mutualism or a parasitism?; also, a remarkable situation of a predator - prey role reversal between rock lobsters and sea whelks has been reported in South Africa. These interactions have been labelled *variable or conditional interactions*.

Theoretical models have been developed [1,2] to represent these associations by means of differential equations that include density-dependent interaction functions, which result from the net balance between the costs and benefits involved in the interaction, and which therefore can take positive and negative signs. The model predicts the variation between types of population interactions along the whole continuum of beneficial and detrimental associations for each species, depending on factors that are extrinsic (environmental) and/or intrinsic to the association.

From these results *-local, temporal dynamics-* I have further developed theoretical models that study the dynamics of variable interactions in *spatially heterogeneous environments*, with particular emphasis on the analysis of variations between *victim-exploiter* type associations (parasitism, predation, herbivory) and *mutualistic* interactions. I use a metapopulation model with locally explicit dynamics computed by continuous time differential equations, with different migration rates and different migration routes between patches of the environment. The spatiotemporal dynamics model allows us to establish the conditions for the occurrence of a switch from a victim-exploiter to a mutualistic interaction due to the dispersal of individuals between patches. The results show that this depends mainly on: (i) which species migrate and in which proportions –in particular the model predicts that it is favoured by an increase in the victim/exploiter proportion within the patch; (ii) the relationship between the magnitude of the density-dependent interaction coefficient within the patch (local) and the average among patches (global or regional), for each species in the association; (iii) general density-dependent conditions of the type of interaction.

Referecias

- [1] Hernandez MJ. 1998. Dynamics of transitions between population interactions: a non-linear interaction α -Function defined. *Proc.Roy.Soc.B*, 265: 1433-1440.
- [2] Hernandez MJ & Barradas I. 2003. Variation in the outcome of population interactions: bifurcations and catastrophes. *J.Math.Biol.* 46: 571-594.

Influencia de la dinámica del dominio en la emergencia de patrones

Faustino Sánchez Garduño
Departamento de Matemáticas
Facultad de Ciencias - Universidad Nacional Autónoma de México
faustino@servidor.unam.mx

En el esquema del matemático inglés Alan Mathison Turing, se propone y estudia un modelo matemático que incorpora la dinámica (crecimiento y curvatura) en la emergencia de patrones sobre superficies. El modelo consiste en un sistema de ecuaciones diferenciales parciales que contiene términos de difusión, advección, dilución y reacción. Los tres primeros dependen tanto del tiempo como de las variables espaciales. En la charla se hará una revisión de los modelos que se han propuesto para incorporar la dinámica del dominio y se concluirá con la presentación de los resultados que hemos obtenido en el análisis de nuestro modelo.

Influence of the dynamics domain into the emergence of patterns

Under the scheme of the English mathematician Alan Mathison Turing, a mathematical model is proposed and analysed. The model incorporates the dynamics (growth and curvature) into the emergence of patterns formation. Our model consists of a two nonlinear partial differential equations which include diffusion, advection, dilution and reaction terms. In the talk we carry out a review of the already proposed models with the aim of incorporate the dynamics of the domain and we conclude by presenting the results of the analysis of our model.

RESÚMENES DE COMUNICACIONES

Bifurcaciones de Hopf múltiples en modelos de depredación del tipo Gause con respuesta funcional nomonotónica

Alejandro Aguilera Moya, Eduardo González Olivares y Betsabé González
Yañez

Grupo Ecología Matemática,
Instituto de Matemáticas,
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.
Casilla 4950, Valparaíso, Chile
defrostenes@hotmail.com , ejgonzal@ucv.cl

En esta presentación mostraremos un método para determinar la cantidad de ciclos límites que pueden bifurcar alrededor de una singularidad o punto de equilibrio que es un foco débil, en un campo vectorial o sistema de ecuaciones diferenciales bidimensional.

Los modelos del tipo *Gause* [4] se caracterizan porque la respuesta numérica de los depredadores es función de la respuesta funcional y corresponden a modelo compartimentados o de acción de masas. La *respuesta funcional* de los depredadores o *tasa de consumo*, cuantifica la tasa de cambio de la densidad de presas por depredador en cada unidad de tiempo [13].

La respuesta funcional del tipo IV describe el efecto de la formación de *grupos de defensa* o *agregación*, [1, 4, 5, 6, 16, 17, 18] que es una manifestación de un comportamiento antidepredatorio [12]. La forma más

empleada es la función $h(x) = \frac{qx}{x^2 + a}$ [7, 8, 9, 10, 14, 15] cuya deducción se hace en [2] donde $x = x(t)$ indica el tamaño de la población de presas.

La determinación de la cantidad de ciclo límites está basado en el cálculo de las cantidades de Liapunov [2, 3, 11]. Para obtener las cantidades de Liapunov el sistema bidimensional debe estar expresado en la forma normal [3]. Anotaremos como $\lambda = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_N)$ el vector de los parámetros del sistema y por simplicidad se asume que los coeficientes de la serie Taylor en el origen para las funciones son polinomios en las componentes del vector de parámetros .

Las cantidades de Liapunov se computarán para el caso en que la traza de la matriz Jacobiana evaluada en el punto de equilibrio es igual a 0, es decir, $\lambda_1 = 0$. Denotamos por $\Lambda = (0, \lambda_2, \dots, \lambda_N)$ el vector de parámetros variables que determina una hipersuperficie en el espacio de parámetros del sistema, de modo que las cantidades de Liapunov son funciones de los parámetros variables λ_i con $i = 2, 3, \dots, N$. Es decir, estas cantidades se obtienen como funciones de los coeficientes polinomiales, los que a su vez son dependientes de los parámetros del sistema.

Esta metodología se aplicará al modelo depredador-presa de tipo *Gause* [4] descrito por un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias de la forma:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r(1 - \frac{x}{k})x - \frac{q x^3 y}{x^4 + a} \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{p x^3}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases}$$

donde $x = x(t)$ e $y = y(t)$ representan los tamaños de las poblaciones de presas y depredadores respectivamente para $t > 0$; los parámetros son todos positivos, esto es, $\mu = (r, K, q, a, p, c) \in \mathfrak{R}_+^6$, y tienen diferentes significados biológicos.

Multiples Hopf bifurcations in Gause type predator-prey models with nonmonotonic functional response.

In this work, we show a method for determine the number of limit cycles surrounding a equilibrium point that can bifurcate from a weak or fine focus on a family of predator prey model described by two-order differential equations systems.

The characteristic of *Gause* type models [4] is that the predator numerical responses is a function of functional response and correspond to a compartimental models or mass action. The predator functional response or consumption rate, measures the prey change density rate per predator and per time unit [13].

The type IV functional response describe the effect of *defence group* or *aggregation* [1, 4, 5, 6, 16, 17, 18], which is a form of antipredator behavior [12]. Most usual form is described by the function $h(x) = \frac{qx}{x^2 + a}$ [7, 8, 9, 10, 14, 15], deduced in [2], where $x = x(t)$ indicates the prey population size.

The determination of the number of limit cycles surrounding a equilibrium point it is based in the calculus of Liapunov quantities [2, 3, 11]. For obtain this quantities the system must be expressed in a normal form [3]. Denoting $\lambda = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_N)$ the parameters vector of system, we assume that the coefficients of the Taylor series at the origin for the component functions of system are polynomial in the components of λ .

The Liapunov quantities are computed when the trace of Jacobian (community) matrix evaluated at the equilibrium point is zero, that is, $\lambda_1 = 0$. We denote for $\Lambda = (0, \lambda_2, \dots, \lambda_N)$ the vector of variable parameters that determuines a hypersurface on the parameter space of system, such as the Liapunov quantities are functions of those parameter named λ_i with $i = 2, 3, \dots, N$. Of this manner, those quantities are obtained as functions of polynomial coefficients, which at once are dependents of the parameters of original system.

This methodology it will be applied to the Gause type predator-prey model described by the ordinary differential equations system:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r(1 - \frac{x}{K})x - \frac{q x^3 y}{x^4 + a} \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{p x^3}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases}$$

where $y = y(t)$ represent the predator population size for $t > 0$; The parameter are all positives, i. e., $\mu = (r, K, q, a, p, c) \in \mathfrak{R}_+^6$, and has different biological meanings.

Referencias

- [1] A. Aguilera-Moya and E. González-Olivares, A Gause type model with a generalized class of nonmonotonic functional response, In R. Mondaini (Ed.) Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Serviços Editoriais Ltda, Rio de Janeiro, Volumen 2, 206-217, 2004.
- [2] T. R. Blows and N. G. Lloyd, The number of limit cycles of certain polynomial differential equations, Proceedings of the Royal Society of Edimburgh, 98A, 215-239, 1984.
- [3] C. Chicone, Ordinary differential equations with applications, Texts in Applied Mathematics 34, Springer, 1999.
- [4] H. I. Freedman, Deterministic Mathematical Model in Population Ecology. Marcel Dekker, New York, 1980.
- [5] H. I. Freedman and G. S. K. Wolkowicz, Predator-prey systems with group defence: The paradox of enrichment revisited. Bulletin of Mathematical Biology Vol 48 No. 5/6, pp 493-508, 1986.
- [6] E. González-Olivares, A predator-prey model with nonmonotonic consumption function, In R. Mondaini (ed) Proceedings of the Second Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Serviços Editoriais, Ltda., Rio de Janeiro 23-39, 2004.
- [7] González-Yañez, B. and González-Olivares, E. 2004. Consequences of Allee effect on a Gause type predator-prey model with nonmonotonic functional response, Vol. 2, 358-373
- [8] Huang, J-C and Xiao, D. 2004. Analyses of bifurcations and stability in a Predator-prey system with Holling type-IV functional response, Acta Mathematicae Applicatae Sinica Vol . 20 No. 4, 167-178.
- [9] Pang, P. Y. H. and Wang, M. 2004. Non-constant positive steady states of a predator-prey system with non-monotonic functional response and diffusion, Proceedings of London Mathematical Society (3) 88 135-157.
- [10] S. Ruan and D. Xiao, Global analysis in a predator-prey system with nonmonotonic functional response, SIAM Journal of Applied Mathematics, Vol. 61, No 4 pp. 1445-1472, 2001.
- [11] S. Songling, A method of constructing cycles without contact around a weak focus, Journal of Differential equations 41, 301-312, 1981.
- [12] R. J. Taylor, Predation. Chapman and Hall, 1984.
- [13] P. Turchin, Complex population dynamics: a theoretical/empirical synthesis. Princeton University Press, 2003.
- [14] S. Véliz-Retamales, and E. González-Olivares, Dynamics of a Gause type prey-predator model with a rational nonmonotonic consumption function. Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, R. Mondaini (ed.) E-papers Serviços Editoriais Ltda, Volumen 2, 181-192, 2004.
- [15] Wollkind, J. J.. Collings, J. B. and Logan, J. A. , 1988. Metastability in a temperature-dependent model system for a predator-prey mite outbreak interactions on fruit trees, Bulletin of Mathematical Biology 50, 379-409.
- [16] G. S. W. Wolkowicz, Bifurcation analysis of a predator-prey system involving group defense, SIAM Journal on Applied Mathematics, Vol. 48 No. 3, 592-606, 1988.

- [17] D. Xiao and S. Ruan, Bifurcations in a predator-prey system with group defense, *International Journal of Bifurcation and Chaos*, Vol. 11, No. 8, 2123-2131, 2001.
- [18] Zhu, H., Campbell, S.A. and Wolkowicz G. S. K., 2002. Bifurcation analysis of a predator-prey system with nonmonotonic functional response. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, Vol. 63, No. 2, 636-682.

Dinámica del modelo de Rosenzweig-McArthur considerando refugio saturado para las presas

Edilbert Almanza Vásquez¹ y Eduardo González-Olivares²

¹ Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Cartagena
Centro. Carrera 6 36-100 Calle de la Universidad, Cartagena, Bolívar, Colombia
edilbertalmanza@uniquindio.edu.co

² Instituto de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso
Blanco Viel 596, cerro Barón, Valparaíso, Chile
ejgonzal@ucv.cl

Ha sido común en Dinámica Poblacional afirmar que el uso de refugio por una parte de la población de presas tiene un efecto estabilizante en el sistema cuando se consideran modelos deterministas tiempo continuo para describir la interacción presa-depredador [Collins 1995, Maynard-Smith 1974, Ruxton 1995, Sih 1987].

Si $X = X(t)$ representa el tamaño poblacional de la población de presas, esta afirmación se puede comprobar describiendo la interacción mediante el modelo de Lotka-Volterra, y suponiendo que la cantidad de presas en refugio X_r es proporcional a la cantidad total de la población es decir, $X_r = \alpha X$, o bien cuando la población que se encuentra a cubierto es una cantidad fija, esto es, cuando $X_r = \beta$ [Harrison 1979, Taylor 1984].

Cuando la interacción depredador-presa es descrita con el conocido modelo de Rosenzweig-McArthur [Murdoch 2003, Turchin, 2003], González-Olivares y Ramos-Jiliberto, (2003) demostraron que para ciertas condiciones en los parámetros, el efecto del refugio de una parte de la población de presas implica comportamientos oscilatorios en las poblaciones (existencia de ciclos límites).

Por su parte, Ruxton [1995] construye un modelo suponiendo que la tasa en que las presas se mueven al refugio es proporcional a la densidad de depredadores, esto es, $X_r = \lambda y$, y se prueba que este comportamiento tiene un efecto estabilizante.

En este trabajo proponemos una nueva forma para modelar la fracción de presas que se refugian utilizando una función saturada que es monótonica creciente de la forma

$$X_r = \frac{\alpha x}{x + \beta}$$

donde α representa la máxima capacidad física del refugio y β es la cantidad de presas necesarias para alcanzar la mitad de la capacidad máxima α . Además se tiene que la fracción *per capita* de la población de presas en el refugio $\frac{X_r}{x}$ es decreciente.

Considerando esta nueva función en el modelo de Rosenzweig-McArthur obtenemos el campo vectorial X_μ descrito por el sistema de ecuaciones diferenciales autónomo:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dX}{dt} = r \left(1 - \frac{X}{K} \right) X - \frac{q \left(X - \frac{\alpha X}{X + \beta} \right)}{X - \frac{\alpha X}{X + \beta} + a} Y \\ \frac{dY}{dt} = \left(\frac{p \left(X - \frac{\alpha X}{X + \beta} \right)}{X - \frac{\alpha X}{X + \beta} + a} - c \right) Y \end{cases}$$

con $\mu = (r, K, q, a, p, c, \alpha, \beta) \in \mathbb{R}_+^8$, donde $Y = Y(t)$ representa el tamaño poblacional de los depredadores para $t \geq 0$ y los parámetros, todos positivos, tienen diferentes significados biológicos.

El sistema obtenido es del tipo Kolmogorov [Freedman 1980], y se determina una región de invarianza, los puntos de equilibrios, estableciendo la naturaleza de cada uno de ellos y se obtienen condiciones en los parámetros para la existencia o no de ciclos límites.

La importancia del estudio del uso de refugio por parte de las presas es relevante en los procesos de conservación de especies en peligro de extinción con la creación de reservas (refugios) para preservarlas [Srinivasu and Gayitri 2005]

Dinamics in the Rosenzweig-McArthur predation model considering saturated refuge for prey.

Commonly in Population Dynamics it is affirmed that prey refuge use has a stabilizing effect in system when deterministic continuous-time models for predator-prey interactions are employed [Collings 1995, Maynard-Smith 1974, Ruxton 1995, Sih 1987].

If $X = X(t)$ represents the prey population size, this affirmation it is possible to verify, describing the interaction with the Lotka-Volterra model, and assuming that the quantity of prey in cover X_r is proportional to population size, that is $X_r = \alpha X$, or else, the quantity of population at refugia is constant., i. e. $X_r = \beta$ [Harrison 1979, Taylor 1984].

When the predator-prey interaction is described with by the well-known Rosenzweig-McArthur model [Murdoch 2003, Turchin, 2003], in González-Olivares and Ramos-Jiliberto, (2003) was demonstrated that for certain parameter constraints, the effect of refuge by a fraction of prey population implies oscillatory behavior due the apparition of limit cycles on system.

At once, Ruxton [1995] constructs a model assuming that the rate in which prey move to refuge, is proportional to predator density, that is, $X_r = \lambda y$, and it is prove that the refuge has a stabilizing effect.

In this work, we propose a new form for modeling the fraction of prey on refuge, using a saturated function which is monotonic increasing described by:

$$X_r = \frac{\alpha x}{x + \beta}$$

where α represents the maximum physical capacity of refuge and β is the half saturation constant, i. e., the prey population size necessary for attain the half of α . Moreover, we have that the *per capita* fraction of prey population on refuge $\frac{X_r}{x}$ is a decreasing function.

We introduce this new form for describe the refuge use in the Rosenzweig-McArthur model obtaining the vector field X_μ describes by the following autonomous differential equations system:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dX}{dt} = r \left(1 - \frac{X}{K} \right) X - \frac{q \left(X - \frac{\alpha X}{X + \beta} \right)}{X - \frac{\alpha X}{X + \beta} + a} Y \\ \frac{dY}{dt} = \left(\frac{p \left(X - \frac{\alpha X}{X + \beta} \right)}{X - \frac{\alpha X}{X + \beta} + a} - c \right) Y \end{cases}$$

with $\mu = (r, K, q, a, p, c, \alpha, \beta) \in \mathbb{R}_+^8$, where $Y = Y(t)$ represents the predator population size for $t \geq 0$ and the parameters all positives, have different biological meanings.

System obtained is of Kolmogorov type [Freedman 1980], and we determine a invariance region, the equilibrium points and its nature, obtaining conditions for the parameter about the existence or non existence of limit cycles.

The importance of to study prey refuge use is essential for conservation of species in extinction damage creating protected areas (reserves) for preserve them [Srinivasu and Gayitri 2005].

Referencias

- [1] J. B. Collins, Bifurcations and stability analysis of a temperature-dependent mite predator-prey interaction model incorporating a prey refuge, *Bulletin of Mathematical Biology* 57, 63-76, 1995.
- [2] H. I. Freedman, *Deterministic Mathematical Model in Population Ecology*. Marcel Dekker, 254 pp.1980.
- [3] E. González-Olivares and R. Ramos-Jiliberto, Dynamic consequences of prey refuges in a simple model system: more prey, fewer predators and enhanced stability, *Ecological Modelling*, Vol. 166, 135-146, 2003.
- [4] G. W. Harrison, Global stability of predator-prey interactions. *J. Mathematical Biology* 8, 139-171, 1979.
- [5] J. Maynard Smith, *Models in Ecology*. Cambridge, At the University Press, 1974.

- [6] J. M. McNair, The effects of refuges on predator-prey interactions: a reconsideration. *Theoretical population biology*, 29, 38-63, 1986.
- [7] Murdoch, W. W., C. J. Briggs and R. M. Nisbet, *Consumer-Resources Dynamics*, Princeton University Press, 2003.
- [8] G. D. Ruxton, Short term refuge use and stability of predator-prey models. *Theoretical population biology*, 47, 1-17, 1995.
- [9] A. Sih, Prey refuges and predator-prey stability. *Theoretical Population biology*, 31, 1-12, 1987.
- [10] P. D. N. Srinivasu and I. L. Gayitri, Influence of prey reserve capacity on predator-prey dynamics, *Ecological Modeling* 181, 191-202, 2005.
- [11] R. J. Taylor, *Predation*. Chapman and Hall, 1984.
- [12] P. Turchin, *Complex population dynamics. A theoretical/empirical synthesis*, *Mongraphs in Population Biology* 35 Princeton University Press, 2003.

Simulação computacional para a determinação de propriedades térmicas da soja como função do processo de secagem

Mariângela Amendola
Faculdade de Engenharia Agrícola – FEAGRI
Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP
Cidade Universitária Zeferino Vaz, s/n, CP: 6011
Campinas, São Paulo, Brasil
amendola@agr.unicamp.br

O conhecimento da cinética de secagem bem como de parâmetros e propriedades térmicas que caracterizam o processo de secagem de produtos agrícolas tem se mostrado importante no suporte à implantação de tecnologias para melhorar a conservação destes produtos. Esta área de pesquisa experimental tem mostrado melhorias em todo o mundo como pode ser encontrado na literatura específica de tecnologia de pós - colheita. Em particular na Faculdade de Engenharia Agrícola da Universidade de Campinas, localizada no Brasil e denotada por FEAGRI/UNICAMP, o trabalho pioneiro usando também a matemática aplicada como uma ferramenta importante foi o realizado por Ito, Amendola and Park (2002). O principal objetivo do uso desta metodologia é comparar o seu resultado teórico com os dados experimentais, no sentido dos mínimos quadrados, de forma a poder identificar a condutividade térmica do produto. Os dados experimentais considerados nesta investigação foram selecionados dentre os coletados anteriormente para a soja [1]. Neste caso, para realizar o experimento, foi construído um equipamento cilíndrico para colocar o produto a ser secado, de forma que o processo ocorre no domínio espacial definido entre dois cilindros de raios $R1 = 0.013$ [m] e $R2 = 0.049$ [m], e sujeito a uma fonte de calor, $q_f = 393.7$ [W/m²], colocada no seu eixo central. Para uma certa altura do equipamento e em quatro posições ao longo do domínio radial foram coletados os valores de temperatura da soja, T [°C], ao longo do tempo t [s], aproximadamente a cada 100s e durante 6000s. Os seguintes parâmetros fixos do processo ou do produto devem ser estabelecidos: temperatura inicial T_0 [°C], densidade ρ [kg/m³] e capacidade calorífica C_p [J/kg°C]. O modelo matemático considerado é o baseado na Lei de Fourier, em sua forma unidimensional em coordenadas cilíndricas, e sujeito às condições iniciais e de contorno de acordo com o experimento descrito anteriormente mas o algoritmo é elaborado de acordo com o esquema implícito do método de diferenças finitas como recomendado [2], uma vez que esta investigação envolve várias simulações até atingir o melhor valor da condutividade térmica, k [W/m°C], e é realizado para os 4 pontos referidos. Para determinar o melhor valor referido é necessário conhecer algum valor de k para iniciar o processo de busca do menor resíduo associado, o qual é tomado da literatura. O algoritmo foi implementado no MATLAB6.5. Observa-se que este tipo de problema, porque caracterizado como um problema inverso, é mal condicionado, e, portanto, técnicas de regularização devem ser incorporadas, o que ainda está sendo desenvolvido.

Computational simulation to determine thermal properties of soybean as a function of the drying process

Knowing the drying kinetics, as well as the parameters and thermal properties that characterize the drying process of the agricultural products has become important in supporting the implantation of technologies to improve the conservation of these products. This experimental research area has shown improvements all over the world, as can be found in the specific post-harvest technology literature. Particularly at College of Agricultural Engineering at University of Campinas, located in Brazil and known as FEAGRI/UNICAMP, pioneer-research work has been carried out using also applied mathematical as an important tool by Ito, Amendola and Park (2002). The main purpose of using this methodology is to compare its theoretical results with experimental data, in the least square method sense, in order to be able to identify the thermal conductivity of the product. The experimental data considered in this investigation were selected from those recorded previously to the soybean [1]. In this case, to perform the experiment, it was constructed a cylindrical equipment to place the product to be dried in such way that the process occurs in the spatial domain defined between two cylinders with radii $R1 = 0.013$ [m] and $R2 = 0.049$ [m], subject to a heat source, $q_f = 393.7$ [W/m²], placed at its central axis. For a certain height of the equipment and at four positions along this radial domain the values of soybean temperature, T [°C], were recorded along the time, t [s], approximately at each 100s during 6000s. The following fixed parameters of the process or product must be established: initial temperature T_0 [°C], density ρ [kg/m³] and heat capacity C_p [J/kg°C]. The mathematical model considered is the one-dimensional mathematical model based on Fourier's law second equation in cylindrical coordinates, under initial and boundary conditions according to the specific experiment described previously but the algorithm is elaborated according to the scheme implicit of the finite differences method as recommended [2], once this investigation involves several simulations till reach the best value of the conductivity thermal, k [W/m°C], and is carried out for all the referred 4 positions. To determine the referred best value it is necessary to know some value of k in order to initialize the search for the minimal residual value, which is taken from the literature. The whole algorithm was implemented with MATLAB6.5. We notice that this kind of problem, as it is a problem inverse, is ill posed and, for that, it requires a regularization technique, which is still being in development

References

- [1] ITO, A. P., AMENDOLA, M e PARK, K. J. Construção e avaliação de um sistema de determinação de condutividade e difusividade térmica em regime transiente. In: *Congreso Agronómico De Chile y Congreso Ibero Americano de Tecnología Postcosecha y Agronegocios*, 3. Resumen. Simiente, v. 72 (3-4). ISSN 0037 - 5403. Santiago - Chile. 2002. p.141-142.
- [2] MENDOLA, M. Considerations to continue researches in drying process numerical simulation of agriculture products at FEAGRI/UNICAMP. Abstract

of the minisymposium: Topics in Computational Mechanics at the Eighth U.S. National Congress on Computational Mechanics (USNCCM8), Austin-TX, 2005.

Selección de variables morfométricas de la abeja *Apis mellifera* para usarse en la caracterización de ecotipos en argentina

C. Andere², C. García³, C. Marinelli¹, R. Cepeda¹, E.M. Rodríguez² y A. Palacio³

⁽¹⁾ Fac. Ciencias Exactas UNCPBA. Tandil. Argentina

⁽²⁾ Fac. de Ciencias Veterinarias, UNCPBA. Tandil. Argentina

⁽³⁾ Fac. Agronomía. UNdMP. Balcarce. Argentina

La abeja melífera *Apis mellifera*, ha evolucionado en una variedad de ambientes logrando el desarrollo de numerosos ecotipos.

El Programa de Mejoramiento Genético (MEGA) de alcance nacional tiene como objetivo seleccionar abejas adaptadas a cada región del país utilizando un importante número de colonias como población base. Actualmente se pretende incorporar al Programa el análisis morfométrico como una herramienta más en la caracterización de los materiales a seleccionar. La necesidad de implementar esta metodología ha motivado el presente trabajo. Se muestrearon doscientas cincuenta y tres obreras de edad desconocida, pertenecientes a treinta colmenas de diferentes regiones del país. Colocando en un portaobjeto la prosbóscide, la pata posterior derecha, el ala anterior y posterior derecha, se midieron las siguientes variables: longitud y ancho del ala anterior y posterior, distintos ángulos y longitudes de nerviaciones alares, longitud de la tibia, fémur, metatarso, ancho de metatarso y longitud de prosbóscide. Treinta variables morfológicas fueron analizadas, observando sus distribuciones y la relación entre ellas. Para la observación morfométrica se utilizó el analizador de imágenes IMAGE-PRO Plus y para el análisis de datos el programa estadístico InfoStat y R.

Dado el número de variables observadas (30) y el origen de las mismas (morfométrico), puede suponerse que la información resulte redundante en términos de su contribución a la explicación del problema. Por ello en una primera etapa se investigó la presencia de variables o grupos de variables fuertemente dependientes. En primer lugar se utilizó el Análisis de Correlación Canónica. Al aplicar este análisis se detectaron correlaciones canónicas altas entre longitudes y ángulos de nerviaciones alares y también entre longitudes de ala anterior derecha con la longitud de la prosbóscide ($P < 0.05$). Los resultados obtenidos se utilizaron como información previa para realizar el análisis de senderos (path análisis). Planteando un modelo saturado para cada variable observada. Resultando independientes once variables morfométricas, que discriminan diferentes grupos de abejas. La caracterización morfométrica permite distinguir diferencias entre ecotipos y en una etapa posterior estudiar su asociación con el comportamiento.

Palabras-clave: Abeja, programa Genético, análisis morfométrico, ecotipos, R.

Selection of morphometric variables of honeybees *Apis mellifera* to be used in ecotypes characterization in argentina

Honeybee, *Apis mellifera* has evolved in different environments and has developed different ecotypes.

The objective of the Honeybee Genetic program in Argentina (MeGA) is to select honeybees adapted to different regions in the country using an important number of colonies as base population. Actually, morphometric analyses are being incorporated in the Program as a tool for characterization of genetic materials. This has motivated the actual work. Two hundred and fifty honeybee workers were taken from thirty colonies of different regions in the country. The proboscis, right hind leg, right forewing and hind wing were placed in a slide and the following variables were measured: length and width of forewing and hind wing, different angles and length of wing veins, tibia, femur and metatarsi length, metatarsi width and proboscis length. Thirty morphometrical variables were analyzed and the distribution and relation between them were registered. The software IMAGE-PRO Plus was used to analyze images and InfoStat and R to statistic analyses. Because of the number of variables analyzed (30) and the origin of them (morphometric studies) it is possible that information would be redundant in relation to the contribution to the explanation of the problem. So, in a first step the presence of variables or group of variables strongly dependent was considered. The Analyses of Canonical Correlation was used and strong or high canonic correlations were registered between length and angles of wing veins and between right wing length and proboscis length ($p < 0.05$). Results obtained were used as previous information to make path analyses. A saturated model was proponed for each variable. Eleven morphometric variables that discriminate different groups of bees were independent. Morphometric characterization allows discriminating differences between ecotypes and in later this could be associated with behavioral features.

Keywords: Honeybee, genetic program, morphometric analyses, ecotypes, R.

Punto de referencia límite F_{SPR} , recargado

Aníbal Aubone

*Departamento de Matemática - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad Nacional de Mar del Plata - Funes 3350 - 7600 Mar del Plata - Argentina
FAX: +54 223 475 3150*

*Biomatemática - Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero (INIDEP)
CC 175 - 7600 Mar del Plata - Argentina - FAX: +54 223 486 1830
aaubone@mdp.edu.ar*

En la evaluación de recursos pesqueros es común establecer una biomasa desovante por recluta mínima que aseguraría la sostenibilidad biológica como proporción de la biomasa desovante por recluta virgen (en ausencia de pesca). Esta proporción mínima suele determinarse en base a la experiencia internacional con especies de historia de vida similar, sin verdaderamente considerarse las bases demográficas de la capacidad productiva de la especie en estudio, su dependencia de la estructura poblacional y la forma en la que el potencial reproductivo es afectado por la historia de explotación.

En este trabajo se relaciona la estructura poblacional, la capacidad reproductiva y las condiciones necesarias de sostenibilidad biológica, para determinar un umbral de la proporción mínima de biomasa desovante por recluta respecto de la biomasa desovante por recluta virgen, a partir del cual la población se extingue. La mínima proporción así obtenida es un indicador a priori (no es necesario pescar para estimarlo) que permite acotar la explotación y mantener a la población dentro de los conjuntos de atracción de los posibles estados de equilibrio poblacional.

Se comprueba que la regla internacional puede conducir a sobreexplotación, si se la aplica sin realizar consideraciones particulares para cada especie y a cada manera de explotarla.

Análogas consideraciones se hacen para la proporción de biomasa desovante respecto de la biomasa desovante virgen.

Se aplican los resultados a la merluza argentina (*Merluccius hubbsi*) pudiéndose observar la dependencia del límite, de la explotación.

Palabras clave: explotación pesquera; puntos biológicos de referencia límites; mínima biomasa desovante por recluta; mínima biomasa desovante; F_{SPR} ; umbrales de estabilidad

Threshold reference point F_{SPR} reloaded

A biological reference point related to an expected "sustainable" minimum spawning stock biomass per recruit is commonly used in fishery stock assessment. This reference point considers a given percentage of the pristine spawning biomass per recruit as a limit of sustainable development. A similar reference point is the minimum spawning stock biomass relative to the pristine spawning stock biomass. From these reference points are calculated an age specific fishing mortalities vector (or exploitation strategies).

The minimum ratio is taken following a general international consensus related to species of similar life history. However, if data are available, the minimum is calculated taken into account the knowledge of the stock-recruitment relationship. This relationship is associated with the exploitation history of the stock, and then the sustainability of the reference points deductible is questionable.

However, this is an arbitrary rule which does not consider population structure, reproductive potential or reproductive parameters, fishing strategy and does not necessarily guarantee biological sustainability.

In this paper I present a formula to calculate this threshold of spawning biomass per recruit taken into account available knowledge on population biology and the strategy of exploitation of the stock. In a similar way a threshold of spawning stock biomass is obtained.

Then we would obtain a priori (not fishing is required) biological reference point to be used as threshold related to the sustainability of the specie. I conclude that international rules can in some cases result in overexploiting the stock.

The method is applied to the argentine hake (*Merluccius hubbsi*).

Keywords: fishery exploitation; threshold biological reference points; minimum spawning stock biomass per recruit; minimum spawning stock biomass; F_{SPR} ; stability thresholds

Un modelo matemático de neovascularización tumoral

Andrés Alberto Barrea
Fac. Mat., Astr. y Física(UNC) – CIEM(CONICET)
Medina Allende s/n Ciudad Universitaria (Córdoba) – Argentina
abarrea@mate.uncor.edu

Existen dos procesos diferentes por el cual nueva vasculatura es construida dentro de un tumor: angiogénesis y vasculogénesis.

En [1] los autores proponen un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias que describen la interacción de estos procesos. En [2] una familia de modelos matemáticos (DDE) es propuesta basada en la selección natural de células sana y tumorales por competición por un nutriente dentro de un órgano del cuerpo. En este trabajo proponemos un sistema de DDE que acopla las principales ideas de estos trabajos. En este nuevo modelo las variables son:

- La masa de las células sanas dentro del órgano.
- La masa de las células del tumor.
- La masa de la vasculatura dentro del tumor.
- El número de las células endoteliales provenientes de la médula ósea
- El número de células endoteliales en sangre.

Análisis numérico de este modelo muestra una solución estacionaria y su dependencia de los parámetros del modelo dan posibles estrategias para el control del crecimiento del tumor.

A mathematical model of tumor neovascularization

There are two distinct processes by which tumor neovasculature can be built: angiogenesis and vasculogenesis. In [1] the authors propose an ODE system that describes interactions between those processes. In [2] a family of mathematical models (DDE) is proposed based on natural selection of healthy and tumor cells driven by competition of a nutrient inside an organ of the body. In this work we propose a system of DDE which join the principal ideas of the before works. In this model the variables are:

- The mass of healthy cells inside the organ.
- The mass of tumor cells inside the organ.
- The mass of vessel inside of tumor.
- Number of bone marrow derived endothelial progenitor (EPC) cells.
- Number of EPC circulating in blood.

Numerical analysis of this model shows a stationary solution for the growth and its dependence of parameters given possible strategies for the control of the growth tumor.

Referencias

- [1] On the role of endothelial progenitor cells in tumor neovascularization Komarova - Mironov, Journal Theoretical Biology 235 338-349 (2005).
- [2] Biological stoichiometry of tumor dynamics: Mathematical models and dynamics Kuang - Nagy - Elser, Discrete and Continuous Dynamical Systems B, Volume 4, Number 1 (2004).

Infección por VIH-1: Revisión de técnicas de control de la infección sobre un modelo estándar.

Federico Biafore^{†*}, Carlos N. Rautenberg[‡] y Carlos E. D'Attellis^{†‡}.

†Escuela de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de General San Martín, Argentina.

‡Departamento de Matemática, Universidad Favaloro, Argentina.

**Escuela de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de General San Martín, Martín de Irigoyen 3100, San Martín, Argentina.*

febi@fullzero.com.ar.

La modelización matemática de la dinámica de la infección por el VIH-1 ha permitido realizar diversas aproximaciones teóricas al problema del control de la infección.

Aunque los diferentes esquemas de control aplicados sobre diversos modelos matemáticos poseen el mismo objetivo final (reducir la carga viral en el individuo infectado), las diferentes aproximaciones registradas en la bibliografía difieren tanto en la acción del control exógeno dentro del modelo como en la técnica de diseño del mismo. El objetivo de este trabajo es demostrar sobre un modelo matemático estándar que el planteo de estrategias de control que difieren en su acción dentro del modelo y/o en la técnica de diseño empleado conducen a diversas interpretaciones de los resultados y de los potenciales efectos sobre el paciente, a pesar de poseer en todos los casos el mismo objetivo final (reducir la carga viral).

Infection by HIV-1: Revision of infection control techniques on a standard model

Mathematical modeling of the HIV-1 infection dynamics has allowed to achieve several theoretical approaches to the infection control problem.

Although the different control schemes applied on diverse mathematical models have the same final objective (to reduce the viral load in the infected individual), the different approaches registered in the bibliography differ in the action of the exogenous control inside the model and in the techniques used for the control design.

The aim of this work is to demonstrate on a standard mathematical model that the design of control strategies that differ in its action inside the model and/or in the technique of design lead to diverse interpretations of the results and of the potential effects on the patient, in spite of possessing in all the cases the same final objective (to reduce the viral load).

Modelo matemático de la sociedad de la Isla de Pascua

Mauro Bologna (a) y J. C. Flores (a,b)

(a) *Departamento de Física, Universidad de Tarapacá, casilla 7-D, Arica Chile.*

(b) *Centro de Investigaciones del Hombre en el Desierto (CIHDE), Universidad de Tarapacá, casilla 7-D, Arica Chile.*

mbologna@uta.cl

En este artículo consideramos un modelo matemático para la antigua sociedad de la isla de Pascua, comenzando en el siglo quinto justo hasta el último periodo del colapso de dicha sociedad. Asumimos, basados en registros históricos, que la fuente primaria consistía esencialmente de árboles, que cubrían toda la isla en ese entonces. Describimos los habitantes y fuentes primarias de la isla como un sistema aislado y considerados como variables dinámicas del sistema. Realizamos un análisis matemático respecto de la estructura del colapso de la comunidad, en particular analizamos los valores críticos de los parámetros fundamentales que gobiernan la interacción humanos-entorno originando el colapso.

A mathematical model of Easter Island society

In this paper we consider a mathematics model for the past Easter Island society, starting from the fifth century (the beginning) until the last period of the society collapse. We assume, based on historical reports that the available resources consisted almost exclusively on the trees, covering at that time the island. We describe the inhabitants and the island resources as an isolated system and both are considered as dynamic variables of the system. A mathematical analysis about why the structure of the Easter Island community collapsed is performed, in particular we analyzed the critical values of the fundamental parameters driving the interaction humans-environment and consequently leading to the collapse.

Um modelo presa-predador para a morte súbita dos citros

Laécio Carvalho de Barros, Magda da Silva Peixoto, Rodney Carlos Bassanezi

Departamento de Matemática Aplicada, IMECC, UNICAMP
13083-859, Campinas, SP, Brazil

laeciocb@ime.unicamp.br, magdapeixoto@yahoo.com.br, rodney@ime.unicamp.br

A Morte Súbita dos Citros (MSC) é uma doença que tem afetado laranjeiras doces enxertadas em limão *Cravo*. Pesquisas mostram que os vasos, que levam nutrientes gerados na fotossíntese para as raízes, ficam bloqueados e degenerados. Sem alimento, as raízes apodrecem, a árvore definha e morre.

Estudos preliminares sugerem que um vírus transmitido por insetos conhecidos como pulgões causam essa doença. Dentre os predadores mais conhecidos em citros, pertencentes à Ordem *Coleoptera* e Família *Coccinellidae*, *Cycloneda Sanguinea* (ladybug) é importante agente de controle biológico, pois se alimenta de pulgões. Pesquisas indicam que cada larva desses predadores pode consumir até 200 pulgões/dia e os adultos predam uma média de 20 pulgões/dia. Isso significa que o grau de predação dos adultos é, em média, 10% do grau de predação das larvas e que, portanto, um modelo matemático para representar a interação entre pulgões e joaninhas deve levar em conta tal diferença na classe de predadores.

Nesse trabalho, nós estabelecemos um modelo do tipo presa-predador, baseado em regras fuzzy, para representar a interação entre os afídeos (presa) e as joaninhas (predador) na citricultura, em substituição aos tradicionais modelos clássicos, oriundo de um sistema de equações diferenciais.

As variáveis (entradas) são a quantidade de presas (x) e o potencial de predação (P_y), definido por $P_y = p_1 + 0.1 * p_2$, onde p_1 é a quantidade de larvas da população de predadores e p_2 é a população de adultos. As saídas são as taxas de variação de presas, (x'), e de variação do potencial de predação, (P_y'). As regras que compõem o sistema baseado em regras fuzzy são do tipo: "Se a quantidade de presas é alta e o potencial de predação é muito baixo, então a variação de presas aumenta pouco e a variação do potencial de predação aumenta muito."

A partir do Método de Inferência de Mamdani e o processo de defuzzificação do Centro de Gravidade, obtemos as taxas de variação de presas (x') e do potencial de predação, (P_y'). Por um processo de integração numérica, Regra dos Trapézios, por exemplo, obtemos a população de presas (pulgões) e potencial de predação (joaninhas), cujo plano de fase está representado na Figura 1.

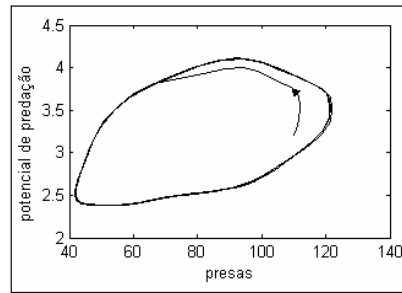


Figure 1: Plano de fase

A predator-prey model to the citrus sudden death

Citrus Sudden Death (CSD) is a disease that has affected sweet orange trees grafted on *Rangpur lime*. Researches have shown that the ducts which lead nutrients generated by the photosynthesis to the roots, become clogged and degenerated. Without foods, the roots putrefy, the tree decays and die.

Preliminary studies have suggested that a virus transmitted by insects known as aphids causes this disease. Among the most known predators in citrus belonging to the *Coleoptera* Order and the *Coccinellidae* Family, the *Cycloneda Sanguinea* (ladybug) is an important agent for biological control because it eats aphids. Research data indicate that each larva of these predators can consume up to 200 aphids a day and the adults prey, in average, 20 aphids a day. This means that the degree of predation of adults is, in average, 10% of the degree larvae's of predation and that, therefore, a mathematical model to represent the interaction between aphids and ladybugs should take into account such difference in the class of predators.

In this work, we establish a model of type predator-prey, based on fuzzy rules, to represent the interaction between the aphids (prey) and (ladybugs (predators) in the citriculture, replacing the standard models, from the differential equation system.

The variables (inputs) are the rate of quantity of preys (x) and the rate of potential of predation (P_y), given by $P_y = p_1 + 0.1 * p_2$, where p_1 is the quantity of larvae of this population and p_2 is the population of adults. The outputs are the variation of prey, (x'), and the variation of the potential of predation, (P_y'). The rules of the rule-based fuzzy system can be exemplified as follows: "If the quantity of preys is high and the potential of predation is very low, then the variation of preys has a little increase and the variation of the potential of predation increases a lot."

From the Mamdani Inference Method and the defuzzification of the Center-of-Gravity, we have obtained the rates of variation of preys (x') and potential of predation, (P_y'). Using a process of numerical integration, the Trapezoidal Rule, for example, we finally get the population of preys (aphids) and potential of predation of the predators (ladybugs), whose phase-plane is illustrates in Figure 1.

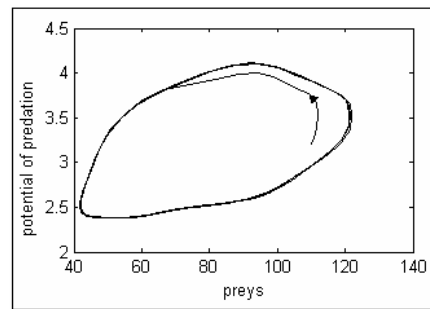


Figure 1: Phase-Plane

Dinámica de poblaciones con ruido fuzzy.

Y. Chalco-Cano, M. T. Mizukoshi, H. Román-Flores, M.A. Rojas-Medar
Departamento de Matemática, Universidad de Tarapacá, Casilla 7-D, Arica – Chile.
ychalco@uta.cl

Los modelos determinísticos formulados para estudios de dinámica de poblaciones consideran, invariablemente, parámetros constantes o temporales, obtenidos como medias de situaciones analizadas. Tales modelos no contemplan subjetividades que son inherentes al proceso de variación de la población. Los individuos son considerados homogéneos y todos poseen las mismas características de evolución. En tanto, en la realidad, cuando analizamos cada elemento de una comunidad, verificamos que el individuo o un grupo de individuos poseen características diferenciadas de los restantes que pueden influenciar en la dinámica de la población. Por otro lado, la dinámica poblacional puede ser también influenciada por características independientes de las variables de estado: habitación, lazer, salario, ambiente de trabajo, violencia etc. El valor específico de estas características ni siempre pueden ser estimadas o medidas en el sentido tradicional, son "incertezas" que solo podemos conjeturar intuitivamente. Así, podemos afirmar, siempre con alguna incerteza, que existen incertezas en la dinámica debido a ruidos en la demografía o en el medio. Así siendo, cuando hacemos análisis de modelos biológicos mas realistas debemos contemplar las incertezas propias del fenómeno estudiado.

En este trabajo, introducimos otra manera de enfocar la dinámica de poblaciones usando inclusiones diferenciales fuzzy. Estudiamos la expectativa de vida de un grupo de trabajadores, suponiendo que la pobreza es un factor que contribuye al crecimiento de la razón de mortalidad. En este caso, la pobreza es un conjunto fuzzy con soporte variando con el tiempo.

Population dynamics with fuzzy noise

The deterministic models formulated for the study of the populations dynamic consider, invariably, constant or temporal parameters, obtained as averages of analyzed situations. Such models don't contain types of subjectivistic that are inherent to the process of the population variations. The individuals are considered homogeneous and everybody possesses the same characteristics of the evolution. However, in fact, when we analyze each element of a community, we verify that the individual or a group of individuals possesses differentiated characteristics of the remaining that can influence in the population dynamic. On the other hand, the populational dynamic can also be influenced by independent characteristics of the state variables: habitation, amusement, wage, atmosphere of work, violence, etc. The specific value of these characteristics not always can be evaluated or measured in the traditional sense, which are "uncertains" that we can only conjecture intuitively. Hence, we can affirm, always with some uncertainty, that exist uncertainties in the dynamic due to noise in the demography or in the environment. Like this being, when we make analysis of more realists

biological models we should contain the own uncertainties of the studied phenomenon.

In this paper, we introduced another point of view of populational dynamics using the theory of fuzzy differential inclusions. We study the life expectations of a set of workers, supposing that the poverty be a factor that contributes to the increase of the rate of mortality. In this case, the poverty is a fuzzy set which has support varying with the time.

Referencias

- [1] Aubin, J.P. and Cellina, A.(1984), *Differential Inclusions*, Springer-Verleg, New york Tokyo.
- [2] Bassanezi, R.C. and Barros, L.C.(1995), "A simples model of life expectancy with subjective parameters", *Kibernetes: Inter. Journal of Systems and Cybernetics*, vol. 9, No 24, pp. 91-98.
- [3] Barros, L.C., Bassanezi, R.C. and Tonelli, P.A.(2000), "Fuzzy modelling in population dynamics", *Ecological Modelling*, vol. 128, No 2, pp. 27-33.
- [4] Chalco-Cano, Y., Rojas-Medar, M.A., and Brandão, A.J.V. (2004), "On the differentiability of fuzzy-valued mappings and the stability of a fuzzy differential inclusion". Submitted to publication.
- [5] Chalco-Cano, Y., Rojas-Medar, M.A., and Brandão, A.J.V.(2005), "Fuzzy quasilinear spaces", *Fuzzy Sets and Systems*, V. 152, 173-190.
- [6] M. Guo and R. Li, (2003), *Impulsive functional differential inclusions and fuzzy population models*, *Fuzzy Sets and Systems* 138, 601-615.
- [7] M. Guo, Xiaoping Xue and R. Li, (2003). *The oscillation of delay differential inclusions and fuzzy biodynamics models*, *Mathematical and Computer Modelling* 37, 651-658
- [8] Krivan, V. and Colombo, G.(1998), "A non-stochastic approach for modelling uncertainty in population dynamics", *Bulletin of Mathematical Biology*, vol.60, 721-751.
- [9] May, R.(1973), "Stability in Randomly Fluctuating versus Deterministic Environments", *The American Naturalist*, pp. 621-650.
- [10] Zhu, Yuanguo and Rao, Ling (2000), "Differential Inclusions for Fuzzy Maps", *Fuzzy Sets Syst.*, vol. 112, pp. 257-261.

El método de las soluciones fundamentales para la recuperación de la distribución espacio –temporal de temperaturas en una región a partir de datos históricos discretos

Cervantes Gómez Lucía*, Fraguera Collar Andrés, Romano Castillo Abdías,
Matlalcuatzi Rugerio Francisca

*Facultad de Ciencias Físico Matemáticas
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla-México
18 Sur y Av. San Claudio., Col. San Manuel., CP. 72570
Puebla-MEXICO*

lcervant@fcfm.buap.mx, lucia_c_g@yahoo.com.mx

En la modelación de problemas ecológicos es muy importante la simulación de las características meteorológicas de la región involucrada a partir de los datos obtenidos en las estaciones meteorológicas.

En este trabajo proponemos una metodología y un esquema numérico para resolver el problema de la recuperación de la distribución espacio-temporal de temperaturas en una región, a partir de los datos históricos medidos en los observatorios localizados en el interior de la región. Una característica muy importante de este problema es que es de los problemas conocidos como "mal planteados".

La primera parte del procedimiento consiste en el procesamiento estadístico de los datos, posteriormente la solución numérica se desarrolla usando la solución fundamental del calor como una función base.

La técnica de regularización estándar de Tíjonov y el método de la curva $-L$ se usan para resolver el sistema resultante de ecuaciones algebraicas o cuasi-algebraicas, el cual es "mal condicionado".

Se garantiza la estabilidad del método con respecto a los errores en los datos medidos.

The method of fundamental solutions for the recovering of the spatio-temporal distribution of temperature in a region from historical discrete data

In the modeling of ecological problems is very important the simulation of the meteorological characteristics of the involved region starting from data measured in meteorological stations.

In our contribution, a methodology and a numerical scheme for solving the problem of recovering spatio-temporal distribution of temperature in a region from historical data measured in observatories, located in the inner of the region, is proposed. A very important characteristic of this problem is its ill-posedness.

The first part of the procedure consists in the statistical processing of the data. After that, the numerical solution is developed by using the fundamental solution of the heat equation as a basis function.

The standard Tikhonov regularization technique and the L - curve method are used for solving the resultant ill-conditioned system of linear algebraic or quasi-algebraic equations.

The stability of the method with respect to the errors in the measured data is granted.

Dinámica de un tumor vascular bajo quimioterapia considerando efectos de resistencia y angiogénesis

Víctor H. Cortínez¹ y Marisa J. Sandoval^{1,2}

¹ *Grupo Análisis de Sistemas Mecánicos, Universidad Tecnológica Nacional (FRBB)
11 de Abril 461, 8000, Bahía Blanca, Argentina
vcortine@frbb.utn.edu.ar*

² *Hospital Interzonal General de Agudos "Dr. José Penna"
Avda Láinez 2401, 8000, Bahía Blanca, Argentina*

El cáncer es una de las principales causas de muerte en el mundo. A pesar de la intensa actividad de investigación sobre esta enfermedad, no están totalmente comprendidos todos los aspectos de los procesos biológicos involucrados.

Entre las varias opciones de tratamiento que se utilizan habitualmente pueden mencionarse la cirugía, la radioterapia, la quimioterapia y la inmunoterapia. La eficacia de tales tratamientos depende del tipo de tejido y del grado de desarrollo del tumor considerado. En particular la quimioterapia es un tratamiento sistémico que ha demostrado cierto éxito cuando la zona afectada imposibilita una práctica quirúrgica, así como también como terapia adyuvante siguiendo o precediendo a terapias localizadas como cirugía o radioterapia. En este último caso la quimioterapia pretende también evitar el desarrollo de metástasis (tumores secundarios).

Uno de los problemas mayúsculos de la aplicación quimioterapéutica es su toxicidad. En efecto, se trata de la aplicación de drogas nocivas a las células tanto tumorales como así también normales. Esto quiere decir que existe un límite en la concentración de dichas drogas impuesto por los efectos nocivos colaterales sobre diferentes partes del organismo, en particular la médula ósea. El daño de esta última lleva a la depresión del sistema inmunológico con el consecuente riesgo del ataque de otras enfermedades.

Otro de los problemas de la quimioterapia es la evolución de la resistencia del tumor a los agentes quimioterapéuticos. Esto quiere decir que las drogas van perdiendo eficacia para atacar las células tumorales. De tal manera que existe un tiempo límite de aplicación más allá del cual la quimioterapia puede ocasionar más daño que beneficio en el combate contra el cáncer.

Por tales motivos resulta crucial diseñar la estrategia de administración quimioterapéutica a los efectos de optimizar su acción (en el sentido de maximizar sus efectos sobre el tumor y minimizarlos sobre los tejidos normales). En esta empresa la modelación matemática puede jugar un importante papel al permitir desarrollar, sobre una computadora, diferentes estrategias de difícil concepción mediante la intuición o el empirismo.

Varios modelos de cáncer se han desarrollado a tal fin. Los mismos están en constante evolución para tratar de incorporar nuevos conocimientos sobre fenómenos biológicos y clínicos.

En el presente trabajo se presenta un modelo matemático simple que incorpora los aspectos esenciales para la descripción de la dinámica de un tumor vascular bajo tratamiento quimioterapéutico: la evolución de la resistencia, las fases quiescentes y proliferativas del ciclo celular y el

efecto angiogénico (esto es el efecto del soporte vascular del tumor sobre su dinámica). Varios de estos efectos han sido considerados en forma aislada en diferentes modelos. Los autores creen que la incorporación conjunta de tales efectos es primordial si se intenta obtener conclusiones sólidas sobre el efecto de las terapias sobre el tumor.

El modelo se utiliza para estudiar mediante simulación numérica los resultados de diferentes formas de protocolos quimioterapéuticos (con drogas específicas de ciclo y no específicas). En particular se discuten, a la luz del presente modelo, dos conceptos contrapuestos en el uso clínico: el enfoque tradicional (que busca erradicar el tumor lo antes posible) y el más moderno concepto de mantenimiento que intenta maximizar la extensión conjuntamente con la calidad de vida del paciente aún renunciando a la erradicación completa del tumor.

Dynamics of a vascular tumor under chemotherapy considering resistance and angiogenic effects

Cancer is one of the main causes of death in the world. Extensive research activity about this disease was developed. However, its biological aspects are not completely understood.

Among the several treatments options, surgery, radiotherapy, chemotherapy and immunotherapy may be mentioned.

The success of such treatments depends in a high degree of the type of tissue and the degree of development of the considered tumor.

In particular, chemotherapy is a systemic treatment having certain degree of success when the affected zone makes it impossible to apply surgery and also as an adjuvant treatment applied before or after surgery or radiotherapy. In this last case, chemotherapy is important for preventing the development of metastases (secondary tumors).

One of the main problems associated with the use of chemotherapy is its toxicity. In fact, it implies the application of drugs having harmful effects on both tumor and healthy cells.

Therefore, there is a limiting amount of concentration of drug that is possible to use without causing an excessive damage on different parts of the body, in particular on the bone marrow. Damage of this last one leads to weaken the immunologic system with the consequent risk of attack of other diseases.

Another problem with chemotherapy is the evolution of resistant tumor cells to chemotherapeutic agents. Thus, the drugs go progressively losing their efficacy for killing tumor cells. Accordingly, there exists a limit time for its application in order to produce more benefit than damage in fighting against cancer.

Accordingly, it is crucial to design the strategy of chemotherapy scheduling for optimizing its effects (in the sense of maximizing the effects on the tumor and minimizing the damage on healthy tissues). In this endeavor, mathematical modelling may play a useful role because it allows to test different alternatives of treatment on a computer. These alternatives may be difficult, if not impossible, to develop from the intuition or by empirical means alone.

Several cancer models were developed with this objective. These are in constant evolution to incorporate new biological and clinical discoveries. The present communication deals with the development of a simple mathematical model that incorporates the essential aspects for the description of a vascular tumor dynamics under chemotherapy: the evolution of resistance, quiescent and proliferating phases of the cell cycle and the angiogenesis effect (that is the effect of the vascular support on its dynamics). These effects have been considered in an isolated form in several works. The authors believe that their incorporation in a unified model is essential for obtaining solid conclusions of the effects of therapies on the tumor dynamics.

The model is used for studying, by means of numerical simulation, the outcome of different strategies of chemotherapy scheduling (with cycle specific drugs or non specific drugs). In particular two opposite concepts of the chemotherapy application are discussed by means of the present model: the traditional approach (whose goal is to eliminate the tumor in the least possible time) and the relatively new concept of managing, the objective of which is to maximize the life and the life quality of the patient even renouncing to the full eradication of the tumor.

A interação entre absorção e biodegradação no transporte de contaminantes

Paula R. L. Couto¹ y Sandra M.C. Malta²

¹ Laboratório Nacional de Computação Científica, LNCC/MCT,
Av. Getúlio Vargas, 333- Petrópolis, RJ – Brasil.

² Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro, UNIRIO,
Av. Pasteur, 458, RJ - Brasil.

prlima@lncc.br

A biodegradação de contaminantes, isto é, a decomposição de matéria orgânica por microorganismos, é um importante processo natural que pode ser acelerado para proteger os suprimentos de água potável, tais como os aquíferos. Este processo é fisicamente e quimicamente complexo, envolvendo o transporte de hidrocarbonos e vários micróbios assim como o movimento da água dentro do aquífero. Neste trabalho analisaremos numericamente o transporte de um contaminante (doador de elétrons) na presença do oxigênio (aceptor de elétrons) com crescimento de biomassa bacteriana. O objetivo é estudar a influência do efeito da adsorção de equilíbrio linear sobre a escolha da cinética de crescimento num meio poroso homogêneo unidimensional. Serão então analisadas as cinéticas de Michaelis-Menten e de Monod multiplicativa. Estas cinéticas modelam a taxa de absorção das substâncias envolvidas pelas bactérias e dependem da concentração de cada substância e do tipo de limitação inserida neste processo.

Matematicamente, o problema é modelado por um sistema equações diferenciais parciais difusivo-convectivo-reativo não-linear (transporte) acoplado através dos termos de reação, onde estão associadas às cinéticas que governam os processos de biodegradação [1]. O custo computacional de resolução simultânea deste sistema de equações é bastante alto. Então, um esquema de decomposição de operadores é empregado para tratar os termos de convecção-difusão e reação. A saber, os termos de reação são separados dos de convecção-difusão. Combinam-se, primeiro, os métodos de diferenças finitas e elementos finitos estabilizados (SUPG) nas discretizações espaciais e temporais do sistema de transporte convectivo-difusivo e então se resolvem as reações usando, por exemplo, um método de Runge-Kutta de alta ordem. Esta metodologia é ideal para computação paralela e para tratar problemas dimensões mais altas. Além disso, ela é também bastante conveniente para tratar diferentes tipos de cinéticas, como veremos nos exemplos numéricos que serão apresentados.

Palavras-chave: transporte de contaminantes, absorção, biodegradação, decomposição de operadores.

The interaction between adsorption and biodegradation in the contaminant transport

The biodegradation of contaminants, that is, the decomposition of contaminants by microorganisms, is an important natural process that can be accelerated to protect potable water supplies such as aquifers. This

process is physically and chemically complex, involving transport and interactions of various hydrocarbons and microbes as well as the water movement within the aquifer.

In this work, we shall numerically analyze the transport of a contaminant (electron donor) in the presence of oxygen (electron acceptor) with bacterial growth. The main goal is study the influence of the effect of linear equilibrium adsorption of the electron donor on the choice of the biodegradation kinetics in one-dimensional homogeneous porous medium. There will be analyzed the Michaelis-Menten and the multiplicative Monod kinetics. They model the uptake rate of the involved substances by the bacteria and depended on the concentration of each substance and also the type of limiting inserted in this process.

Mathematically, the problem is modeling by a non-linear advection-diffusion-reaction partial differential system coupling by the reaction terms, which are associated to the kinetics that governs the biodegradation processes [1]. To solve these nonlinear equations simultaneously would be very costly in computer time. Thus, an operator-splitting operator scheme will be employed for treating in a sequential fashion the convection-diffusion and reaction terms. Namely, the reaction terms are separated from the advection-reaction terms. First, we combine the finite difference and stabilized finite element (SUPG) methods in the spatial and time discretizations of the convection-diffusion transport system and then we solve the reaction using, for example, a higher-order Runge-Kutta method. This procedure is ideal to parallel computation and to treat problems in two or three dimensions. Moreover, it is convenient to handle with different types of kinetics, as we will confirm in the numerical examples.

Key-words: contaminant transport, adsorption, biodegradation, operator splitting decomposition

Referência

[1] Couto, P.R. L. and Malta, S.M.C., Mathematical modelling of biodegradation processes in a porous media, *Proceedings of the First International Symposium on Mathematical and Computational Biology/ Fourth Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology - The BIOMAT IV Proceedings*, 2, 211-238, 2005.

Un modelo continuo estructurado de los estadios de vida libre de los parásitos *Ostertagia ostertagi* y *Cooperia oncophora* para generar estrategias de manejo de pasturas

Mauro Chaparro y Graciela A. Canziani
Instituto Multidisciplinario sobre Ecosistemas y Desarrollo Sustentable
Facultad de Ciencias Exactas
Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires
Pinto 399
7000 Tandil, Argentina
mchaparr@exa.unicen.edu.ar

La parasitosis gastrointestinal es una de las enfermedades con mayor impacto económico en los sistemas de producción carne, tornándolos ineficientes. En la región de la Pampa Húmeda se ha estimado que se pierden 22 millones de dólares en mortandad de terneros y 170 millones en pérdidas subclínicas por año.

Se construyó un modelo matemático estructurado para el análisis de los estadios de vida libre de los parásitos *Ostertagia ostertagi* y *Cooperia oncophora* con el objeto de estimar el tiempo de desarrollo de huevo a larva infectante L3 en función de las condiciones climáticas, así como la disponibilidad de larvas L3 para la emigración a las pasturas en cualquier momento dado. En el ciclo de estadios de vida libre, las condiciones climáticas que regulan la dinámica poblacional son la temperatura ambiente y las lluvias. La relación que existe entre el tiempo de desarrollo de huevo a L3 y la temperatura es directa en el rango de 4°C a 40°C.

El modelo consta de una ecuación del tipo de McKendrick-von Foerster modificada para representar la dinámica poblacional y una ecuación diferencial ordinaria para describir el crecimiento individual, ambas en función de las variables meteorológicas. Para la resolución del modelo fueron usados el método de las características y el método de Euler.

El modelo fue calibrado y testeado con datos climatológicos y con datos de campo recopilados en Tandil (37° 19' S, 59° 07' 30" W), Provincia de Buenos Aires, Argentina. La confrontación con otros conjuntos de datos arrojó resultados satisfactorios, observándose una fuerte sensibilidad de los tiempos de desarrollo respecto a los cambios de temperatura. De esta manera se dispone de una herramienta trasladable a otros ambientes que contribuya a comprender la dinámica de los parásitos y permita generar estrategias de manejo, reduciendo la necesidad de fármacos.

A continuous structured model of free living stages of the *Ostertagia ostertagi* and *Cooperia oncophora* for generating pasture management strategies

The gastrointestinal parasitism is one of the diseases with highest economic impact in the beef production systems, turning them inefficient.

In the Humid Pampas region, it has been estimated that annual losses reach 22 million dollars for death calves while sub-clinical losses add up to 170 million dollars.

For the analysis of free-living stages of the *Ostertagia ostertagi* and *Cooperia oncophora*, a continuous structured mathematical model was constructed. The main objective is the estimation of the time of growth from egg to infecting larva L3 under different weather conditions as well as the estimation of availability of the infecting larva L3 ready to migrate to pastures at any given time.

In the free-living larval stages, temperature and rainfall regulate population dynamics. On the range 4°C to 40 °C, the development time from egg to L3 depends directly on temperature.

The model consists of an ordinary differential equation describing individual growth and a modified *McKendrick von Foerster* equation representing the population dynamics, both dependent on environmental variables. The method of characteristics and the Euler method were used for the resolution of the model.

The model was calibrated and tested with weather data and fieldwork data collected in Tandil (37° 19' S, 59° 07' 30" W), province of Buenos Aires, Argentina. The corroboration with other field data achieved satisfactory results, showing the strong sensitivity of development time relative to changes in temperatures. This provides a tool that can be utilized in other environments and permit the elaboration of management strategies, thus reducing the need of drugs.

Sustentabilidade em ecossistemas alagáveis

Jaqueline Maria da Silva, Maurício Kritz

Laboratório Nacional de Computação Científica

Av. Getúlio Vargas, 333, Quitandinha, Petrópolis - Rio de Janeiro. CEP: 25651-075

jmsilva@lncc.br; mkritz@lncc.br

Questionamentos sobre sustentabilidade envolvem as decisões: “o quê sustentar” e “como sustentar”. Ambas supõem, de alguma forma, a permanência de características dos sistemas naturais ou sócio-econômicos envolvidos. Podem ter apenas caráter ético ou envolver formulações que incluam mecanismos de controle, buscando encontrar um regime sustentável. Os esquemas formais e linhas de pensamento empregados neste processo focalizam a manutenção de estoques naturais e outros fatores, desconsiderando variações nos processos produtivos e na sociedade, bem como variabilidades espontâneas na estrutura e componentes dos sistemas naturais, como os das várzeas amazônicas.

As regiões alagáveis amazônicas, possuem uma variabilidade intrínseca, oscilando entre dois sistemas independentes, nas águas baixas, e um sistema híbrido aquático-terrestre nas cheias. O pulso anual das águas não apenas provoca acréscimos e decréscimos nas populações existentes, como também altera relações tróficas e aporta novas populações a estes sistemas Weber (1997). Por outro lado, a imigração de populações humanas detentoras de outras culturas e tecnologias, altera hábitos e métodos de produção neste ambiente, afetando seus sistemas produtivo e social. Existe, portanto, a necessidade de analisarmos sustentabilidade considerando todos estes sistemas.

Neste trabalho estudamos um sistema relativamente simples de exploração madeireira na várzea Amazônica Schöngart & Piedade (2005), com informações sócio-econômicas da Reserva Mamirauá, buscando uma maior integração entre os modelos e estruturas matemáticos usados na representação dos sistemas que afetam a sustentabilidade, particularmente nos referentes à interação entre ecologia, sistemas produtivo e social.

Uma discussão sobre sustentabilidade assim integrada não tem sido feita, não por falta de percepção da variabilidade dos sistemas envolvendo homem e natureza, mas porque os modelos e representações matemáticos desses sub-sistemas têm natureza diversificada. A evolução de ecossistemas, por exemplo, é representada por sistemas dinâmicos, enquanto que a interação entre pessoas ou organizações são determinadas por jogos e relações no sistema produtivo aparecem como problemas de controle ou alocação. Quando expressas matematicamente, essas descrições se confinam a áreas da Matemática que não são facilmente integradas e cujas técnicas não guardam, no momento, uma relação mais estreita.

Assim, apresentamos neste trabalho formas simbólicas para representar as interações e influências mútuas entre os sistemas naturais, produtivos e sociais, fundamentada na Teoria Geral de Sistemas. Buscamos também uma maior integração na descrição matemática desses sistemas, no caso específico da extração madeireira na Reserva Mamirauá por já haver lá estruturas de desenvolvimento sustentável em implantação.

Sustainability in flooded ecosystems

Decisions related to sustainability involve concerns about: "what to sustain" and "how to sustain". Both assume the preservation of certain characteristics in the intervening systems, be they natural or socio-economic. These concerns can be of ethical character or include formulations with control mechanisms, searching to steer the whole system towards a sustainable regime. Frameworks and lines of thought common in this process focus on maintaining natural supplies and others factors, disregarding variations in production processes and society, or spontaneous variations in structure and components of intervening natural systems.

Amazon wetland ecosystems possess an intrinsic variability, oscillating between two independent systems during low waters, and an aquatic-terrestrial system during floods. The annual water pulse impacts existing populations biomass and modifies trophic relations, bringing also new populations into these systems, Weber (1997). On the other hand, immigration of human populations with distinct cultures and technologies, modifies habits and methods in the environmental setting, resulting in adaptations within local productive and social systems. There is therefore, the necessity of analyzing sustainability considering all these systems, simultaneously.

In this work we study a simple environmental system of lumber exploitation in Amazonian várzeas, Schöngart & Piedade (2005), with socio-economic information taken from sustainable development project at Mamirauá Reserve, searching a bigger integration between models and mathematical structures used in representation of systems that affect sustainability, particularly with reference to the interaction between ecological, productive and social systems.

Integrative investigations about sustainability are not easily found, not due to a lack of perception about variability in systems involving man and nature, but because the models and mathematical representations of component systems have diverse nature. The evolution of ecosystems, for instance, are represented by dynamical systems, while interactions between people or organizations by games and relations in productive systems appear as control or allocation problems. When expressed in mathematical terms, these descriptions are confined to mathematical areas that are not easily integrated and which techniques do not keep, at the moment, a narrower relation. Thus, we use in this work symbolic forms inherited from General Systems Theory to represent interactions between the natural, productive and social systems, which helps the search for a bigger integration in the mathematical descriptions of these systems.

Referências

- Barbier, E., 1989, Economics, natural resource. Earthscan Publications.
- Weber, G., 1997, Modelling Nutrients Fluxes in Floodplain Lakes. Ecological Estudios.
- Da Silva, J., 2005, Sustentabilidade em uma estrutura de sistemas integrados. Dissertação de Mestrado, LNCC, Petrópolis.

- Schöngart J. & Piedade M.T.F., Manejo sustentável das florestas alagáveis da Amazônia central. Workshop sobre Áreas Alagáveis, Projeto GEOMA, INPA, Manaus, 22-24 de Abril de 2005.

Sincronismo em redes de populações com acoplamento não linear

Jacques A. L. da Silva, José A Barrionuevo, Flávia T. Giordani

Departamento de Matemática Pura e Aplicada

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Av. Bento Gonçalves 9500 Cep: 91509-9000

Porto Alegre RS Brasil

jaqx@mat.ufrgs.br

O objetivo deste trabalho é estudar a sincronização de populações acopladas via movimento migratório dependente da densidade. Para isto considera-se uma metapopulação com n sítio idênticos, cada qual tendo dinâmica local (reprodução e sobrevivência) dada por $x_{t+1}^j = f(x_t^j)$, onde x_t^j é a população do sítio j no instante t . Após a dinâmica local acontece o movimento migratório entre os sítios. Supomos que $\mu(x_t^i)$ é fração de indivíduos que sai do sítio i no instante t e que $c_{ji}\mu(x_t^i)$ é fração de indivíduos que sai do sítio i em direção ao sítio j . Então, a dinâmica de metapopulação é dada pelo sistema de n equações

$$x_{t+1}^j = [1 - \mu(f(x_t^j))]f(x_t^j) + \sum_{i=1}^n c_{ji}\mu(f(x_t^i))f(x_t^i), \quad j=1,2,\dots,n.$$

Estudamos a estabilidade de uma órbita sincronizada $x_t^j = x_t$, para todo $j=1,2,\dots,n$, onde $x_{t+1} = f(x_t)$. Estas órbitas estão sobre a diagonal do espaço de fase que é um conjunto invariante neste caso. Seguindo-se a evolução temporal de uma perturbação transversal de uma órbita sobre esse conjunto invariante (órbita sincronizada) podemos obter condições que garantam a estabilidade de atratores no conjunto invariante (atratores sincronizados). Para órbitas típicas a condição de estabilidade é $L\Lambda < 1$, onde

$$L = \lim_{\tau \rightarrow \infty} |f'(x_{\tau-1}) \dots f'(x_1) f'(x_0)|^{1/\tau}$$

é o número de Liapunov da órbita e o quantificador Λ é definido por

$$\Lambda = \lim_{\tau \rightarrow \infty} \|(I - \varphi'(x_{\tau-1})A) \dots (I - \varphi'(x_1)A)(I - \varphi'(x_0)A)\|^{1/\tau},$$

onde $\varphi(x) = x\mu(x)$ é a função que dá o número de indivíduos que migra em cada sítio, A é uma matriz $(n-1) \times (n-1)$ obtida a partir dos coeficientes c_{ij} , e I é a matriz identidade $(n-1) \times (n-1)$. A análise da expressão acima nos permite concluir que

$$\Lambda \leq \exp \int \ln \sigma_{-1}(H_{\varphi'(x)}) d\rho(x),$$

onde $H_{\varphi'(x)}$ é uma matriz $n \times n$ com $\lambda = 1$ como autovalor e $[1 \ 1 \ \dots \ 1]^T$ como autovetor associado que obtida a partir de φ' e dos coeficientes c_{ij} , $\sigma_{-1}(H_{\varphi'(x)})$ é o raio espectral de $H_{\varphi'(x)}$ uma vez subtraído o autovalor $\lambda = 1$ de seu espectro, e ρ é medida natural invariante. Demonstra-se que em alguns casos especiais a desigualdade acima é de fato uma igualdade.

Synchronism in population networks with non linear coupling

The goal of this work is to study the sincronism of populations coupled by density-dependent migration. We consider a metapopulation with n identical patches with local dynamics (reproduction and survival) given by $x_{t+1}^j = f(x_t^j)$, where x_t^j is the number of individuals in patch j at time t . After the local dynamics stage, the migration process between patches takes place. We let $\mu(x_t^i)$ be the fraction of individulas that leave patch i at time t , while $c_{ji}\mu(x_t^i)$ is the fraction of individuals leaving patch i and ariving at patch j . The dynamics of the population network is given by the system of n equations:

$$x_{t+1}^j = [1 - \mu(f(x_t^j))]f(x_t^j) + \sum_{i=1}^n c_{ji}\mu(f(x_t^i))f(x_t^i), \quad j=1,2,\dots,n.$$

We study the stability of a synchronous orbit $x_t^j = x_t$ for all $j=1,2,\dots,n$, where $x_{t+1} = f(x_t)$. These orbits lie on the diagonal of the phase space which is an invariant manifold in this case. Following the temporal evolution of a small transversal perturbation of an orbit in the invariant manifold (synchronous orbit), we can obtain conditions that guarantee the stability of attractors in the invariant manifold (synchronous attractors). For typical orbits the stability condition is $L\Lambda < 1$, where

$$L = \lim_{\tau \rightarrow \infty} |f'(x_{\tau-1}) \dots f'(x_1) f'(x_0)|^{1/\tau}$$

is the Liapunov number and the quantifier Λ is given by

$$\Lambda = \lim_{\tau \rightarrow \infty} \|(I - \varphi'(x_{\tau-1})A) \dots (I - \varphi'(x_1)A)(I - \varphi'(x_0)A)\|^{1/\tau},$$

where $\varphi(x) = x\mu(x)$ is the function that gives the number of individulas that migrate in each patch, A is a $(n-1) \times (n-1)$ matrix obtained from the coefficients c_{ij} and I is the $(n-1) \times (n-1)$ identity matrix. The analysis of the above expression allows us to conclude that

$$\Lambda \leq \exp \int \ln \sigma_{-1}(H_{\varphi'(x)}) d\rho(x),$$

where $H_{\varphi'(x)}$ is a nxn matrix with $\lambda=1$ as an eigenvalue associated to the eigenvector $[1 \ 1 \ \dots \ 1]^T$ which is obtained from φ' and the coefficients c_{ij} , $\sigma_{-1}(H_{\varphi'(x)})$ is the spectral radius of the matrix $H_{\varphi'(x)}$ once the eigenvalue $\lambda=1$ is removed, and ρ is the natural invariant measure. We show that in some special cases the above inequality is in fact an equality.

Um modelo de autômatos celulares com parâmetro fuzzy para o espalhamento geográfico da morte súbita dos citros

Magda da Silva Peixoto, Laécio Carvalho de Barros, Rodney Carlos Bassanezi

*Departamento de Matemática Aplicada, IMECC, UNICAMP
13083-859, Campinas, SP, Brasil*

magdapeixoto@yahoo.com.br, laeciocb@ime.unicamp.br, rodney@ime.unicamp.br

A Morte Súbita dos Citros (MSC) é uma doença que tem afetado laranjeiras doces enxertadas em limão *Cravo*, no sul do Triângulo Mineiro (Estado de Minas Gerais) e norte do Estado de São Paulo. Recebeu este nome devido a rapidez com que as árvores cítricas morrem após adquirirem a doença. Pesquisas mostram que os vasos, que levam nutrientes gerados na fotossíntese para as raízes, ficam bloqueados e degenerados. Sem alimento, as raízes apodrecem, a árvore definha e morre. Seu avanço tem sido rápido de acordo com pesquisas do "Fundo de Defesa da Citricultura (Fundecitrus – Araraquara/SP)".

Os primeiros sinais observados nas árvores afetadas são folhagem verde-pálida, a perda generalizada do brilho das folhas, seguido de ligeira desfolha, com poucas brotações internas. As plantas doentes têm grande quantidade de raízes podres e mortas. No estágio final, todas as folhas caem e a árvore morre. Pode-se observar a cor amarela no câmbio do porta-enxerto, sendo esse o principal sinal diagnóstico da MSC.

Pesquisadores da Alellyx Genomics (Campinas/SP) descobriram dois insetos, conhecidos como pulgões, que transmitem o vírus suspeito de ser o responsável pela MSC. Então, nós assumimos que a intensidade dos ventos, v , influencia na força de transmissão da doença. A dispersão do vetor, r , é proporcional a intensidade dos ventos. Como as informações obtidas para v e r são do tipo lingüística, como, por exemplo, baixa, média, alta, dentre outras, optamos por um sistema baseado em regras fuzzy para estabelecer a relação entre estas duas variáveis por meio de uma base de regras fuzzy.

Nesse trabalho, adotamos um modelo de Autômato Celular (AC) para estudar o avanço da doença. O AC é representado espacialmente através de um reticulado de células (unidade de planta) que interagem obedecendo a algumas regras de mudança de estado: sintomáticas e não-sintomáticas.

Simulações foram feitas e comparadas com dados reais. Através do método MAE (Mean Absolute Error) pudemos verificar uma concordância de 70% entre os dados reais e os obtidos pelo nosso modelo.

A model of cellular automata using the fuzzy parameter for the geographic scattering of the citrus sudden death

The Citrus Sudden Death (CSD) is a disease that has affected sweet orange trees grafted on *Rangpur lime* in the south of the "Triângulo Mineiro" (Minas Gerais State) and in the north of the São Paulo state. It has received such name due to the rapidity which the citrus trees die. Researches have shown that the ducts which lead nutrients generated by the photosynthesis to the roots, become clogged and degenerated. Without foods, the roots putrefy, the tree decays and die. Its advance has been

sufficiently fast, in accordance to a survey of "Fundo de Defesa da Citricultura (Fundecitrus – Araraquara/SP)".

The first signal that can be noticed in the plants are pale green foliage, a generalized loss of the brightness of leaves, followed by fast falling, with few internal sprouting. The sick plants have a great amount of rotten and dead roots. In the final stage of the disease, all the leaves fall and the tree dies. The yellow aspect observed at the stalk of the grafting is the main diagnostic signal of CSD.

Researchers of the Alellyx Genomics (Campinas/SP) have discovered two insects known as aphids that transmit the virus suspected to be the responsible for the CSD. Thus, we have assumed that the intensity of the winds, v , influences the transmission force of the disease. The dispersion of the vector, r , is proportional to the intensity of the winds. Since the information obtained for v and r is of the linguistic type, for example, low, average, high, amongst others, we opted for the rule-based fuzzy system to establish the relation between v e r by means of a base of fuzzy rules.

In this work, we have adopted the Cellular Automata model (CA) to study the advance of the disease. The CA is represented spacially by a grate of cells (unit of plant) that interacts by obeying some rules of state change: symptomatic and non symptomatic.

Simulations were done and compared with real data. Through the use of the method MAE (Mean Absolute Error), it was possible to verify a concordance of 70% between real and our model data.

Um modelo matemático discreto para a dispersão da febre aftosa em bovinos

Luiz Alberto Díaz Rodrigues¹, Diomar C. Mistro¹, Leonardo R. Emmendorfer, Cristiane F. Cavalin

¹ Departamento de Matemática, UFSM
Santa Maria, RS, Brasil
luizdiaz@smail.ufsm.br

A Febre Aftosa é uma doença viral com grande poder de difusão, que acomete bovinos. Um surto epidêmico desta enfermidade pode causar grandes prejuízos econômicos, limitando o acesso do país afetado ao mercado internacional de carnes e derivados. Por este motivo, é de grande interesse o estudo de medidas de prevenção e controle de possíveis epidemias.

Neste trabalho, elaboramos um modelo matemático discreto para o estudo da dinâmica de uma epidemia de Febre Aftosa. No modelo, a transmissão se dá pelo contato direto entre os indivíduos próximos e também por contatos não locais que representam a dispersão do vírus por ventos, pássaros e veículos automotores.

Os resultados obtidos através das simulações permitem estimar a velocidade de propagação de uma epidemia de Febre Aftosa. Além disso, o mecanismo não local considerado no modelo permite justificar a pouca eficiência das barreiras sanitárias no controle de uma epidemia.

Palavras-Chaves: Autômata Celular, Febre Aftosa.

The spread of the foot-and-mouth disease: a discrete mathematical model

The foot-and-mouth disease is a highly contagious viral illness. It spreads itself out very fast in bovines. An outbreak of this disease may cause great economical losses and, therefore, affect considerably the country in the international meat market. As a consequence, the research on prevention and control measures of possible outbreaks is of paramount interest.

In this paper, we worked on a discrete mathematical model, based on Cellular Automata, to study the dynamics of a foot-and-mouth disease outbreak. In the proposed model, the illness is transmitted in two ways: 1. by the immediate contact with the contaminated members of the population (local contacts); 2. contamination carried out by the wind, birds or vehicles engine propelled (non local contacts). Block zones were inserted in order to represent the actual mechanism used to avoid the spreading of the disease.

The results obtained through this simulation allow us to estimate the propagation speed of an eventual outbreak of this disease. In addition, the called non local mechanism included in the model justifies the sanitary barriers' lack of efficiency in controlling such outbreaks.

Keywords: Cellular Automata, Foot-and-Mouth Disease.

Referências

- Holmes, E. E.: Basic Epidemiological Concepts in a Spatial Context p. 111-136 in D. Tilman and P. Kareiva, eds. *Spatial Ecology: the Role of Space in Population Dynamics and Interspecific Interactions*. Princeton University Press, Princeton, 1997.
- Ermmendorfer, L. R. e Rodrigues, L. A. D., Um Modelo de Autômatos Celulares para o espalhamento Geográfico de Epidemias. Tema: Tendências em Matemática Aplicada e Computacional, São Carlos - SP, v.2, p.73-80 (2001).
- Ferreira, F., Dinâmica Espacial da Febre Aftosa em Bovinos: Um Modelo Matemático, Tese de Doutorado, Departamento de Epidemiologia da Faculdade de Saúde Pública, USP (2000).

Redes de mapas acoplados em sistemas biológicos de reação-difusão

Luiz Alberto Díaz Rodrigues¹, Maria Cristina Varriale² e Joceliane da Cas²

¹ Departamento de Matemática, UFSM Santa Maria, RS, Brasil

luizdiaz@smail.ufsm.br

² Instituto de Matemática, UFRGS Porto Alegre, RS, Brasil

cris@mat.ufrgs.br

Redes de Mapas Acoplados ("Coupled Map Lattices") são modelos nos quais o espaço e o tempo são representados por variáveis discretas enquanto as variáveis de estado são descritas por densidades contínuas. Tais modelos, que representam uma poderosa ferramenta para analisar padrões espaciais e temporais resultantes de interações biológicas, constituem-se de um reticulado de equações a diferenças acopladas. Como o espaço e o tempo são discretos em sua formulação, tais modelos são menos precisos do ponto de vista quantitativo do que modelos de reação-difusão. No entanto, como eles podem ser formulados diretamente em termos das escalas espaciais e temporais dos processos envolvidos, podem revelar importantes padrões qualitativos.

O objetivo principal deste trabalho, portanto, é estudar Redes de Mapas Acoplados para simulação de sistemas de reação-difusão em Dinâmica Populacional. Estes modelos representam aproximações de modelos contínuos de reação-difusão e são especialmente projetados para experimentação interativa, o que permite testar uma grande variedade de modelos e parâmetros.

Palavras-Chave: Redes de Mapas Acoplados, Sistemas de Reação-Difusão.

Coupled map lattices in reaction-diffusion systems

Coupled Map Lattices are approaches to model population interactions. This type of formulation considers space and time as discrete and state variables (population densities) as continuous. They are formulated as a system of difference equations in a coupled map lattice. Though it may seem that discrete models are less precise than the corresponding continuous reaction-diffusion models, we can take some advantage because they can be directly formulated in terms of spatial and temporal scales of the involved process, and then revealing important qualitative patterns.

The main goal of this work is to analyze Coupled Map Lattices models, to simulate biological reaction-diffusion systems. These models represent approximations of reaction-diffusion continuous models and have been specially designed to allow interactive experimentation. Thus, they enable us to check a large variety of dynamics and parameters.

Keywords: Coupled Map Lattices, Biological Systems, Reaction-Diffusion.

Referencias

- Caswell, H. and Etter, R. J. (1993). Ecological Interactions in Patchy Environments: from Patch-Occupancy Models to Cellular Automata, in *Patch Dynamics*, S. A. Levin, T. M. Powell and J. H. Steele (Eds), Springer-Verlag, New York, pp. 93-109.
- Ermentrout, G. B. and Edelstein-Keshet, L. (1993). Cellular Automata Approaches to Biological Modeling. *J. Theor. Biol.*, 160, 1993, 97-133.
- Rodrigues, L. A. D. (1998). *O Acaso e a Decisão: Modelos Matemáticos para Dispersão Populacional*, PhD thesis, UNICAMP, Campinas, Brasil.

Sobre la dinámica de modelos con depredación dependiente de la edad

M. Falconi

Depto. de Matemáticas

Fac. de Ciencias, UNAM

C. Universitaria, 04510 México, D.F.

falconi@servidor.unam.mx

En la naturaleza existen numerosos ejemplos de especies de depredadores que se alimentan preferentemente de una cierta clase de edad de la presa. Por otra parte, cuando la densidad de la población de la presa es alta, ella puede desarrollar mecanismos de defensa que producen una disminución de la tasa de depredación. En este trabajo se consideran las consecuencias dinámicas de estos dos aspectos: estructura de edad de la presa y mecanismo de defensa. Se analiza un modelo depredador-presa donde la especie de las presas tiene dos clases de edad y presenta un mecanismo de defensa denso-dependiente. El estudio se basa en un modelo de la forma:

$$\frac{dx}{dt} = x\left(\gamma\left(1 - \frac{x+y}{K}\right) - f(x, y)z - \nu\right),$$

$$\frac{dy}{dt} = \nu x - \tau y - g(y)z,$$

$$\frac{dz}{dt} = z(\mu x f(x, y) + \beta g(y) - D),$$

donde $x+y$ denota el tamaño total de la población de presas, x es la clase reproductiva y y representa la clase más vieja no reproductiva. Para simular el mecanismo de defensa denso-dependiente, suponemos que $\frac{\partial f(x, y)}{\partial x} < 0$, y

$\frac{dg(y)/y}{dy} < 0$. También suponemos que $\frac{\partial f(x, y)}{\partial y} < 0$, para indicar una cierta preferencia del depredador por la clase no reproductiva.

Se explora el patrón de bifurcaciones del sistema cuando variamos algunos de los parámetros del modelo. Es particularmente interesante, la dependencia de las características dinámicas del sistema de los cambios en la tasa de conversión en biomasa del depredador μ y de la tasa de mortalidad del depredador D .

Se incluye una revisión de algunos trabajos ya publicados, con el fin de dar una idea general del estado actual de las investigaciones en esta área.

Palabras claves: Predator, prey, switching effect, stability, defense mechanism

On the dynamics of age-dependent predation models

There exist a lot of examples of predator species which feed on some preferential age class of their prey. On the other hand, when the prey species is numerous it may develop defense mechanisms and consequently a lower predation rate is observed. The dynamical consequences of these two aspects -age structure prey and defense mechanism -are considered in this chapter. It is analyzed a predator-prey model, where the prey species has two age classes and it has a size-dependent defense mechanism. The analysis is based on a model of the form

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= x\left(\gamma\left(1-\frac{x+y}{K}\right)-f(x,y)z-\nu\right), \\ \frac{dy}{dt} &= \nu x - \tau y - g(y)z, \\ \frac{dz}{dt} &= z(\mu x f(x,y) + \beta g(y) - D),\end{aligned}$$

where the term $x+y$ stands for the population of the prey, x is the reproductive class and y represents the oldest and non-reproductive class. The defense of the prey based on its size is simulated assuming that $\frac{\partial f(x,y)}{\partial x} < 0$, $y \frac{dg(y)/y}{dy} < 0$. Also, we assume that $\frac{\partial f(x,y)}{\partial y} < 0$, to introduce a kind of switching effect. So, if the oldest class is large enough, it becomes the main energy source of predator food.

The pattern of bifurcations of the system is explored when some parameters change. It is specially interesting the dependence on the predator biomass conversion rate μ and the predator death rate D of the dynamical characteristic of the system. A survey of some literature is included in order to give a glance to the state of the art in this theme.

Un modelo de depredación que considera la vulnerabilidad de las presas

José Luis Fajardo-Vásquez¹ y Eduardo González-Olivares²

¹*Instituto de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Matemáticas*

²*Grupo de Ecología Matemática, Instituto de Matemáticas*

Facultad de Ciencias Básicas y Matemáticas

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

Casilla 4059, Valparaíso.

fadovaz@yahoo.com; ejgonzal@ucv.cl

Desde los trabajos de Charles Elton, Alfred Lotka y Vito Volterra en los años veinte sobre dinámicas de poblaciones, los modelos teóricos continuos depredador-presa son una importante herramienta para comprender las complejas oscilaciones de poblaciones naturales, en particular la de pequeños roedores.

La densidad, persistencia y estabilidad de estas poblaciones es afectada principalmente por fluctuaciones ambientales que determinan el tamaño poblacional. Un factor importante es la interrelación depredador-presa que de igual forma puede influir sobre el tamaño poblacional de los roedores tanto así como una perturbación ambiental [2]. Nosotros proponemos un modelo teórico tiempo continuo basados en un modelo construido en [4] siguiendo las proposiciones de Getz [1] que no considera la estructura de edad ni de sexo y tanto las variables como los parámetros son de naturaleza determinista.

Un aspecto importante que consideramos es la vulnerabilidad de las presas en función de la presencia de los depredadores e intentamos evaluar su tendencia para incrementar o disminuir la estabilidad del sistema.

El modelo se construye sobre la información disponible del roedor endémico de la zona Norte de Chile Central, llamado lauchón orejado de Darwin (*Phyllotis darwini*) y su depredador especialista el Búho granero (*Tyto alba*) [2, 3].

Existe evidencia que *P. darwini* presenta cambios de conducta como respuesta anti-depredatoria [6], tendientes a minimizar su exposición a la depredación. Estas respuestas de comportamiento se refieren fundamentalmente a una mayor utilización de refugios espaciales que conlleva a una menor presencia en áreas descubiertas. De este modo, se asume que la vulnerabilidad $V = V(P)$ de *P. darwini* (probabilidad de ser muerto por un depredador) disminuye como efecto de los cambios conductuales que presenta frente a la presencia de depredadores.

Una manera de expresar la vulnerabilidad es mediante la función:

$$V(P) = \frac{(1 - V_\alpha)P_u}{P + P_u} + V_\alpha = \frac{P_u + PV_\alpha}{P + P_u},$$

donde $P = P(t)$ es el tamaño de la población de depredadores, P_u es la cantidad de depredadores que provoca un comportamiento antidepredatorio y V_α es el valor mínimo de la vulnerabilidad. Esta función dependiente de la densidad de depredadores es monotónica decreciente es decir, cuando hay mas depredadores los roedores asumen la conducta antidepredatoria disminuyendo la vulnerabilidad (existe menos probabilidad de ser muertos).

Suponemos que la función de crecimiento de la población de roedores es de tipo logístico, el cual incluye la denso-dependencia como principal forma de auto-regulación de la población (la cual dispone de un recurso alimenticio sin restricciones). La extracción de las presas por los depredadores (respuesta funcional) es de la forma Beddington-DeAngelis [5] que incorpora la respuesta hiperbólica con interferencia entre los depredadores.

Por su parte la ecuación que describe el crecimiento de los depredadores también es de tipo logístico donde la capacidad de carga de los depredadores es directamente proporcional a la densidad de las presas. Entonces el modelo propuesto es del tipo Leslie [5] y es descrito por el sistema de ecuaciones diferenciales:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dN}{dt} = r \left(1 - \frac{N}{K} \right) N - \frac{qN}{V(P)N + bP + a} P \\ \frac{dP}{dt} = s \left(1 - \frac{P}{n g(N, P)} \right) P \end{cases}$$

donde $\mu = (r, K, q, b, a, s, n) \in \mathbb{R}_+^7$ y los parámetros tienen diferentes significados biológicos además la función $g(N, P)$, indica la cantidad de presas por depredador necesarias para sostener la permanencia de la población de depredadores, esto es:

$$g(X, P) = \frac{\phi N}{V(P)N + bP + c}.$$

Demostramos que el (0,0) es punto atractor no hiperbólico y por lo tanto este modelo predice la extinción de ambas poblaciones.

A predation model considering vulnerability on prey

Since the works about population dynamics by Charles Elton, Alfred Lotka and Vito Volterra around the 20's last century, the theoretical continuous time predator-prey models are an important tool to understand the complex oscillations on natural populations, and in particular, of small rodent populations.

Density, persistence and stability of these populations are affected, mainly, by environmental fluctuations that determine population size. An important factor that could influence rodent population size is the interrelation predator-prey, as well as environmental perturbation [2].

Here we propose a theoretical continuous time model based upon another model constructed in [4], following Getz suggestions [1]. We are not considering age or sex. Structure, variables and parameters are of deterministic nature.

An important aspect to be considered is the vulnerability of prey as function of predator presence in the environment hence we try to evaluate its tendency for increasing or decreasing the stability of the system.

The model is constructed using the available information about the endemic rodent of the central-northern region in Chile. This rodent is called leaf eared mouse (*Phyllotis darwini*) and its specialist predator is the barn owl (*Tyto alba*) [2, 3].

There exists wide evidence that *P. darwini* presents changes in behavior as antipredator response [6] that tend to diminish its exposure to predation. These behavioral responses refer mainly to a greater use of physical refuge, that AIDS a lower presence in open areas.

In this way, we assumed that the vulnerability $V = V(P)$ of *P. darwini* (probability of being killed by predator) diminishes as an effect of the behavioral changes in the presence of predators.

One way to express vulnerability is through the function:

$$V(P) = \frac{(1 - V_\alpha)P_u}{P + P_u} + V_\alpha = \frac{P_u + PV_\alpha}{P + P_u},$$

where $P = P(t)$ is the predator population size, P_u is the amount of predators that provokes an antipredatory behaviour and V_α is the minimum value of vulnerability. This function depends on the predator density and is monotonically decreasing; that is to say, when there are more predators, rodents assume the antipredatory behaviour diminishing vulnerability (there is lesser probability of death).

We assume that the growth function in the rodent population is of a logistic type which includes density-dependence as principal form of population self-regulation and that they have a food resource without restrictions. The extraction of prey by predators (functional response) is of a Beddington-DeAngelis type which incorporates the hyperbolic response with interference among predators.

On the other hand, the equation that describes the predator population growth is also of a logistic type where the predator's carrying capacity is directly proportional to the prey density [5]. Then the proposed model is of a Leslie type [5] and is described by the differential equations system:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dN}{dt} = r \left(1 - \frac{N}{K} \right) N - \frac{qN}{V(P)N + bP + a} P \\ \frac{dP}{dt} = s \left(1 - \frac{P}{n g(N, P)} \right) P \end{cases}$$

where $\mu = (r, K, q, b, a, s, n) \in \mathbb{R}_+^7$ and the parameters have different biological meanings. Moreover, the function $g(N, P)$ indicates the amount of prey needed by each predator to sustain the permanence of predator population, that is,

$$g(N, P) = \frac{\phi N}{V(P)N + bP + c}$$

we show that $(0,0)$ is a non-hyperbolic attractor point, then this model predicts that both populations go to extinction.

Referencias

- [1] Getz, W. M. (1993). Metaphysiological and evolutionary dynamic of population exploiting constant and interactive resources: *r-K* selection revisited, *Evolutionary Ecology* 7, 287-305.
- [2] Lima, M., Julliard, R., Stenseth. N. C., and Jaksic, F. (2001) Demographic dynamics of neotropical small rodent (*Phyllotis darwini*); feedback structure, predation and climatic factors, *Journal of Ecology* 70, 761-775.
- [3] Lima, M., Stenseth. N. C., Leirs, H. and Jaksic F. (2003) Populations dynamic of small mammals in semi-arid regions: a comparative study on demographic variability in two rodent species, *Proceeding of Royal Society of London B*, 270, 1997-2007.
- [4] Ramos-Jiliberto, R. and E. González-Olivares. (2002) Population-level consequences of antipredator behavior. A metaphysiological model based on the functional ecology of the leaf-eared mouse. *Theoretical Population Biology* 62, 63-80.
- [5] Turchin, P (2003) *Complex population dynamics: a theoretical/ empirical synthesis*, Princeton University Press.
- [6] Vásquez, R. A. (1996) Patch utilization by three species of Chilean rodents differing in body size and mode of locomotion, *Ecology* 77, 2343-2351.

Modelado del control natural de plagas prestado por el murciélago moloso común (*Tadarida brasiliensis*) en Texas

Paula Federico¹, Thomas G. Hallam y Steven T. Purucker

¹University of Tennessee, Ecology and Evolutionary Biology Department

569 Dabney Hall

1416 Circle Drive

Knoxville, TN 37996

paula@utk.edu

La dieta de verano del murciélago moloso común (*Tadarida brasiliensis*) en el sur de Texas contiene altas proporciones de importantes plagas de los cultivos en el área, tales como la isoca del maíz o gusano cogollero (*Helicoverpa zea*) y la isoca militar (*Spodoptera frugiperda*). El control natural de plagas prestado por estos murciélagos tiene un impacto económico directo y una componente de costos evitados. Hemos desarrollado un modelo matemático basado en ecuaciones en diferencias que describe la dinámica poblacional de los murciélagos y el gusano cogollero en cultivos de algodón convencional (sin la proteína insecticida incorporada) y algodón Bt (con la proteína *Bacillus thuringiensis* incorporada) en el sudoeste de Texas. El modelo se centra en el impacto ecológico y económico directo de los murciélagos. Se simularon escenarios tales como cambios en la abundancia de murciélagos, incluyendo la ausencia de los mismos en el sistema, diferentes patrones de migración de los insectos y estrategias artificiales de control de plagas. Las variables principales usadas como respuesta para evaluar el impacto de los murciélagos son el número y régimen de aplicaciones de insecticida, la producción de algodón y el número de insectos que emigra de los cultivos. Los parámetros de mayor efecto fueron identificados a través de un análisis de sensibilidad. Luego se simuló la dinámica del sistema variando estos parámetros en forma aleatoria dentro de su rango de valores posibles. Los efectos beneficiosos de los murciélagos sobre la producción de algodón convencional incluyen situaciones en las cuales una, o a veces dos, aplicaciones de insecticidas son evitadas; la primera aplicación es retrasada unos pocos días; el periodo entre aplicaciones aumenta; la emigración de polillas adultas de la región disminuye notablemente; y el número de capullos de algodón dañados decrece significativamente. Los ahorros proyectados para el productor de algodón convencional debido al consumo de insectos por parte de los murciélagos son en promedio US\$ 83 por hectárea. Dadas las hipótesis del modelo, los murciélagos evitan dos aplicaciones de insecticidas en el algodón Bt. El beneficio promedio de contar con murciélagos predando sobre plagas del algodón Bt es aproximadamente US\$ 40 por hectárea. Desde una perspectiva económica y a una escala local, los murciélagos tienen un efecto positivo sobre ambos tipos de cultivos de algodón. A una escala mayor, los costos evitados pueden ser cuantificados en términos de las polillas adultas consumidas por los murciélagos que reducen significativamente el número de insectos que emigrarían e infestarían cultivos en áreas al norte de la región.

Modeling the agricultural pest control service provided by brazilian free tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) in Texas

The diet of Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) in southern Texas during the summer includes significant proportions of major crop pests in the area such as corn earworm or bollworm (*Helicoverpa zea*) and fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*). The significant natural agricultural pest control service that these bats provide has both a direct economic impact and an avoided costs component. We have developed a mathematical model based on difference equations that describes bat and bollworm population dynamics in conventional (without an insecticidal protein incorporated) and Bt (with *Bacillus thuringiensis* protein incorporated) cotton crops in southwestern Texas during the summer. The model focuses on the direct ecological and economic impact of bats by simulating scenarios such as changes in bat population numbers including total absence of bats, different patterns of insect migration and pest control strategies. Number and timing of insecticide applications, cotton yield and number of insects emigrating from the cotton crops are used as main response variables to analyze the direct economic impact of the bats. A sensitivity analysis was performed to identify parameters of large effect. Then simulations varying these parameters randomly within their possible ranges were performed. Direct beneficial effects of bats on conventional cotton production include situations where one, or sometimes two, insecticide applications can be avoided; the first application can be delayed by a period of a few days; the period between applications increases; the emigration of adult moths out of the region is appreciably reduced; and the number of bolls damaged by insects decreases significantly. The projected savings to the conventional cotton producer over a growing season due to bat consumption of pests is, on the average, US\$83 per hectare. Given the model assumptions, the bats impact the number of insecticide applications needed in Bt cotton, reducing them by two. The average benefit of having bats foraging above Bt cotton is approximately \$40 per hectare. From an economic perspective and at a local scale, bats have a positive effect on both conventional and Bt cotton crops. At a broader scale, the avoided costs may be quantified in terms of the consumption of adult moths by bats, which significantly reduce the emigrating numbers of insects that would infest crops in northern areas.

Modelo de red neuronal artificial aplicado a la estimación de densidades de zooplancton en ecosistemas de agua dulce

Rosana Ferrati, Pablo Saavedra, Manuel Vargas Russo, Graciela Canziani
Instituto Multidisciplinario sobre Ecosistemas y Desarrollo Sustentable
Facultad de Ciencias Exactas
Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires
Tandil, Argentina
rferrati@exa.unicen.edu.ar

En un trabajo anterior (Vargas Russo et al., 2005) se presentó un modelo de Red Neuronal Artificial (RNA) que permitió determinar concentraciones de clorofila (Chla) y sólidos en suspensión (SS) a partir de datos de firma espectral y de superficies de las lagunas obtenidos de las bandas 1 a 5 y 7 de imágenes satelitales LANDSAT 5 y LANDSAT 7 previamente normalizadas. En este trabajo se propone un nuevo modelo de RNA para determinar la densidad de zooplancton presente en ecosistemas acuáticos lénticos a partir de la información obtenida de la red precedente y de la banda 6 de las mencionadas imágenes satelitales sin corrección radiométrica, para permitir incorporar los cambios ocasionados por la estacionalidad. El modelo se corrió tomando datos de siete lagunas de la región pampeana, con información recogida en las campañas realizadas desde diciembre de 2004 a julio de 2005. Los resultados obtenidos permiten asegurar que la utilización de modelos de RNA asociados a información obtenida a través de sensores remotos es adecuada al momento de simular sistemas complejos altamente no lineales.

An artificial neural network model applied to the estimation of zooplankton densities in freshwater ecosystems

In an earlier work (Vargas Russo et al., 2005), an Artificial Neural Network model (ANN) for the estimation of chlorophyll (Chla) and suspended solids (SS) concentrations from data on the spectral signature and shallow lake area extracted from bands 1 to 5 and 7 of previously normalized LANDSAT 5 and LANDSAT 7 satellite images, was introduced. Here we propose a new ANN model for the estimation of zooplankton densities in lentic aquatic ecosystems using the information obtained from the precedent network and band 6, without any corrections in order to allow the inclusion of changes due to seasonality. The model run taking data from seven shallow lakes in the pampean region together with data collected in field trips from December 2004 till July 2005. The output results allow us to assert that the use of ANN models associated to information obtained through remote sensors is adequate for the simulation of highly non linear complex systems.

Referencia

- Vargas Russo M., Saavedra P., Dukatz F., Ferrati R., Canziani G. *Diseño de una herramienta computacional para la identificación de indicadores naturales y socioeconómicos asociados a sistemas lénticos*. V Seminario Internacional CYTED - XVII: Un enfoque integrado para la gestión sustentable del agua. Experiencias en zonas húmedas. Buenos Aires, 6-8 de abril de 2005.

Efectos de la radiación ultravioleta sobre un sistema planctónico marino experimental

Emma Ferrero¹, Fernando Momo², Gustavo Ferreira³ e Irene Schloss⁴

1. *Universidad Nacional de Luján. División Matemática. Rutas 5 y 7. CC 221.*

B6700ZAB Luján, Argentina. emmaferr@coopenetlujan.com.ar.

2. *Universidad Nacional de General Sarmiento. Instituto de Ciencias.*

3. *Instituto Antártico Argentino.*

4. *CONICET. Argentina.*

La disminución del ozono estratosférico ha traído como consecuencia un aumento de la radiación ultravioleta (RUV) que llega a la superficie terrestre. Dicha radiación produce distintos tipos de daño en los organismos vivos y podría afectar la estructura y el funcionamiento de los ecosistemas.

Para evaluar el efecto de la RUV sobre ecosistemas planctónicos marinos se llevaron a cabo una serie de experimentos en mesocosmos de 1500 litros con presencia de micro y mezoplancton y sometidos a una dosis normal de UV y a una dosis aumentada.

El sistema puede representarse como constituido por cinco compartimientos biológicos: fitoplancton "pequeño" (células de menos de 5 μm de diámetro), fitoplancton "grande" (células de entre 5 y 20 μm de diámetro), bacterias, zooplancton depredador (ciliados) y zooplancton detritívoro (flagelados heterótrofos). Los compartimientos se conectan en forma directa (por relaciones presa-depredador) o indirecta, vía el carbono orgánico disuelto, que es consumido sobre todo por las bacterias, y el carbono orgánico particulado que es consumido por los flagelados heterótrofos.

Se planteó un modelo de ecuaciones diferenciales para representar el sistema considerando un crecimiento logístico para los dos tipos de fitoplancton y dinámicas exponenciales para el resto de los componentes. Las conexiones vía carbono disuelto se representaron considerando tasas de excreción y consumo y las de carbono particulado mediante tasas de mortalidad y consumo.

El modelo así planteado predice con éxito las fluctuaciones observadas en el experimento y especialmente el hecho de que, a pesar de que tanto las bacterias como el fitoplancton sufren daño por la RUV, en los tratamientos con radiación incrementada, sus poblaciones crecen. Esto se produce por una disminución de la actividad de los depredadores (ciliados) que también son dañados por la RUV.

También se produce un efecto de competencia aparente entre bacterias y fitoplancton pequeño ya que un incremento en cualquiera de esas dos poblaciones aumenta el número de depredadores y produce una depresión en la otra población aunque no compitan directamente por recursos.

Effects of UV-radiation on an experimental marine plankton system

The stratospheric ozone depletion causes an enhancement of the ultraviolet radiation (UVR) that incides on the Earth surface. UVR produces different kinds of damage in the live organisms and could affect the

structure and function of ecosystems. In order to evaluate the effect of the UVR on marine planktonic systems a mesocosmos experiment was carried out. Ten mesocosmos having 1500 liters each were incubated with micro and mesoplankton and exposed to normal and enhanced UVR doses. The system can be imagined like constituted by five biological compartments: "small" phytoplankton (cells with diameter lesser than 5 μm), "big" phytoplankton (cells between 5 and 20 μm of diameter), bacteria, predatory zooplankton (ciliates) and detritivore zooplankton (heterotrophic flagellates). Compartments may be connected directly (by predator-prey relationships) or indirectly (via dissolved organic carbon that are consumed mainly by bacteria or via particulate organic carbon that is consumed by heterotrophic flagellates).

A model is proposed considering logistic growth for phytoplankton blocks and exponential growth for the rest of the components.

The model successfully predicts fluctuations observed in the experiment. Although bacteria and phytoplankton suffer damage by UVR, their populations grow. This happens by effect of a diminution of the predator's activity because ciliates are also damaged by UVR. An effect of apparent competition between bacteria and small phytoplankton takes place since an increase in anyone of those two populations increases the number of predators producing a depression in the other although they do not compete directly by resources.-

Referencias

- Booth C, Morrow J, Cochill T, Cullen J, Frederick H, Häder D (1997) Impacts of solar UVR on aquatic microorganisms. *Photochem Photobiol* 65:252-269.
- Obernosterer I, Sempéré R, Herndl GJ (2001) Ultraviolet radiation induces reversal of bioavailability of DOM to marine bacterioplankton. *Mar Ecol Prog Ser* 24:61-68.
- Schloss, I. y Ferreyra, G. A. 2002. Primary production, light and vertical mixing in Potter Cove, a shallow coastal Antarctic environment. *Polar Biology* 25:41-48.
- Smith, R., B. Prézelin, K. Baker, R. Bidigare, N. Boucher, T. Coley, D. Karentz, S. MacIntyre, H. Matlick, D. Menzies, M. Ondrusek, Z. Wan, K. Waters (1992) Ozone depletion: ultraviolet radiation and phytoplankton biology in Antarctic waters. *Science*. 255, 952-958.
- Sommaruga, R., A. Oberleiter, R. Psenner (1996) Effect of UV radiation on the bacterivory of a heterotrophic flagellate. *App Environ Microbiol.* 62, 4395-4400
- Vincent WF, Roy S (1993) Solar ultraviolet-B and aquatic primary production: damage, protection, and recovery. *Environ Revol* 1:1-12.

Un modelo matemático para la extinción del Hombre de Neanderthal

J. C. Flores

(a) Centro de Investigaciones del Hombre en el Desierto, CIHDE, Universidad de Tarapacá Casilla 7-D, Arica Chile.

(b) Departamento de Física Universidad de Tarapacá casilla 7-D, Arica Chile.
cflores@uta.cl

Consideramos un modelo matemático simple (tipo Lotka-Volterra) para describir la competición entre el hombre de Neanderthal (*Homo Sapiens Neanderthalensis*), y el hombre a estructura moderna (*Homo Sapiens Sapiens*) unos 45000 años atrás en Europa [1,2]. El principio de exclusión de Gause es operativo asegurando la extinción de una de las especies. Usando datos paleontológicos, el parámetro de similitud s entre ambas especies es estimado ($s \cong 99,5\%$). Se propone una expresión general para el tiempo de extinción en función del parámetro de similitud entre especies. Efectos de memoria relacionados con complejidad social son también propuestos. Términos relacionados con migración son considerados. Las ecuaciones básicas son:

$$\frac{d}{dt}N = N(\alpha - \beta - \delta(N + C))$$

$$\frac{d}{dt}C = C(\alpha - s\beta - \delta(N + C))$$

donde α , K , y N son parámetros positivos. Además, como dicho anteriormente, s es el parámetro de similitud entre ambas especies.

A mathematical model for Neanderthal extinction

We consider a simple mathematical model (like Lotka-Volterra) to describe competition between Neanderthal man (*Homo Sapiens Neanderthalensis*), and man with modern structure (*Homo Sapiens Sapiens*) some 45000 years before present in Europe [1,2]. Gause exclusion principle is operative and one species disappear. Using paleontological data, the similitude parameter s between both species is estimated ($s \cong 99,5\%$). We propose a general expression for the extinction time as function of the similitude parameter between both species. Memory effects related to social complexity are also proposed. Migration is also considered. The basic equation are:

$$\frac{d}{dt}N = N(\alpha - \beta - \delta(N + C))$$

$$\frac{d}{dt}C = C(\alpha - s\beta - \delta(N + C))$$

where α , β , and δ are positive parameters. Moreover, as said before, s is the similitude parameter, between both species.

References

- [1] J. C. Flores J. Theor.Biol. (1998), 191, 295-298.
- [2] J. D. Murray, Mathematical Biology (2003, Vol. I, Springer).

Estudio comparativo de control biológico usando sistema de resistencia adquirido (SRA) a una plaga nativa en viñas en el valle central de Chile

José D. Flores¹, Jaime Mena-Lorca² y Robinson Vargas³

¹*The University of South Dakota, Department of Mathematics*

²*Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Matemáticas, Grupo de Ecología Matemática*

³*Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Investigaciones de Entomología, La Cruz*

Presentamos un estudio comparativo del control biológico de una plaga chilena nativa en viñas, la arañita roja, *Brevipalpus Chilensis*. La implementación de nuestro modelo esta basada en los datos de los parámetros de vida y otros de investigaciones desarrolladas en el Centro Experimental de Entomología en el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA). Los datos son tanto de la presa the *Brevipalpus Chilensis* como de los predadores, *Typhlodromus pyri* (Acari: Phytosaiidae), *Cydnodromus californious* y *Amblyseius graminis* y sus tasas de consumo. El modelo considera la geometría de la viña, la temperatura ambiental y la capacidad de colonización de los predadores, se incorpora al modelo el sistema de resistencia adquirida (SRA) como método para mejorar la eficiencia del control biológico. Este estudio comparativo se analiza los diferentes tipos de aplicaciones del control biológico para cada Fitoseido y la combinación de ellos.

Comparative study of biological control using the system acquired resistance (SAR) to a native pest in vineyards in the central valley of Chile

We present a comparative study of a biological control of a Chilean native pest in vineyards, the red spider mite *Brevipalpus Chilensis*. The implementation of our model is based in the life time parameters data from at Centro Experimental de Entomología in the Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) of the prey, the *Brevipalpus Chilensis* and the predators, *Typhlodromus pyri* (Acari: Phytosaiidae), *Cydnodromus californious* and *Amblyseius graminis*. Also, we consider the feeding effects of the predator mites as controllers of the pest. The model considers the geometry of the vineyards, the temperature and the colonization capacity of predators incorporating the system acquired resistance (SAR) as a method to improve the efficiency of biological control. This comparative study analyzes the different type's application of the biological control for each Phytosaiidae and combination of them.

Manejo sustentable de recursos hídricos

Andrés Fraguela Collar, Lucía Cervantes Gómez, Jorge Torres Jácome,
Ricardo Pérez Avilés, Jesús Ruiz Careaga, Rosalía Castelán Vega, Arturo
Romero Flores Granados, Francisca Dolores Matlalcuatzi Rugerio

Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas

Instituto de Ciencias

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Edificio 76, Planta baja, Ciudad Universitaria

Puebla, Puebla, México. C.P. 72570

Apartado Postal 1292

Tel. 52- 222-2295500 ext.7056

aromero@siu.buap.mx

Introducción

El proyecto se crea dentro del marco de colaboración existente entre el posgrado en Matemáticas de la Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas (FCFM) y el posgrado en Ciencias Ambientales del Instituto de Ciencias (ICUAP) de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP). La intención es aplicar la modelación matemática en la comprensión y resolución de problemas ambientales reales. La cuenca del valle de Puebla se ubica en la región central de México a una altitud media de 2180 metros sobre nivel del mar, abarcando 14 municipios con una superficie aproximada de 1,493 Km², formando parte de la cuenca del Río Atoyac con una población de 1'878,823 habitantes (INEGI, 2001).

Objetivo General

Efectuar una modelación matemática que describa de manera dinámica y acoplada los principales procesos que intervienen en el balance hídrico de la cuenca del valle de Puebla y aplicarla al desarrollo de una metodología para su manejo sustentable. Dicha metodología deberá traducirse en un sistema interactivo que pueda ser utilizado como herramienta para la toma de decisiones dentro de un sistema de gestión ambiental.

Objetivos Particulares

- Desarrollar un modelo matemático de la dinámica de un acuífero confinado, como es el del valle de Puebla, en presencia de fuentes y sumideros y utilizarlo para el estudio del flujo del agua subterránea a través de la frontera del área de estudio.
- Desarrollar un modelo matemático del balance global del agua en la cuenca del valle de Puebla y utilizarlo para definir estrategias de control de los diferentes recursos que la componen.
- Análisis de la influencia de los factores económicos, sociales e institucionales en el uso del suelo y del agua en la cuenca y su incidencia en el balance hídrico global con el fin de entender de manera sistémica e integral la dinámica de la cuenca del valle de Puebla.

Sustainable management of water resources

Introduction

The project is created in collaboration between Graduate program in Mathematics of Facultad de Ciencias Fisico-Matematicas (FCFM) and Graduate program in Environmental Sciences of Instituto de Ciencias (ICUAP) of University of Puebla (BUAP). The intention is to apply the mathematical modeling in the understanding and resolution of real environmental problems. The Puebla valley watershed is located in the central region of Mexico with an average altitude of 2180 meters above sea level, including 14 municipalities with an approximated surface of 1,493 Km², is part of the Atoyac River basin with a population of 1'878,823 inhabitants (INEGI, 2001).

General Objective

Carry out a mathematical modeling that describes in a dynamic and connected way the main processes that take part in the hydric balance of the Puebla valley watershed and to apply it to the development of a methodology for its sustainable management. This methodology will be applied in an interactive system that can be used as a tool in the decision making process of an environmental management system.

Partial objectives

- Develop a mathematical model of the dynamics of a self-contained acuífer, like the one of Puebla valley, with presence of sources and drains and to use it for the study of groundwater flow through acuífer border.
- Develop a mathematical model of the water global balance in the Puebla valley watershed and applied to define control strategies of different resources that compose it.
- Analysis of influence of the economic, social and institutional factors in the land and water uses in the watershed and its incidence in the hydric global balance with the purpose of understanding in a systemic and integral way the dynamics of the Puebla valley watershed.

Modelación matemática del potencial de membrana de las motoneuronas alfa y su aplicación a la simulación computacional de las fluctuaciones del reflejo monosináptico Ia

Andres Fraguela*, Lucia Cervantes, Carlos Zamora y Elias Manjarrez
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla-México
18 Sur y Av. San Claudio., Col. San Manuel., CP. 72570
Puebla-MEXICO
fraguela@fcfm.buap.mx

El circuito neuronal mas simple involucrado con alguna unidad de conducta, es la vía del reflejo monosináptico, la cual está formada por las fibras aferentes del músculo (**Ia**) y sus conexiones con las motoneuronas alfa.

Desde el trabajo de Sherrington de 1906 se sabe que estímulos sucesivos aplicados en las fibras (**Ia**) producen reflejos monosinápticos de amplitud variable. Las fuentes de esta variabilidad incluyen las influencias presinápticas y postsinápticas de otras neuronas del sistema nervioso central.

El propósito del presente trabajo es presentar un modelo matemático y una simulación de la variabilidad del reflejo monosináptico (**Ia**) de la médula espinal del gato.

Usamos la formulación de Hodgkin-Huxley para obtener un modelo matemático del potencial de membrana de las motoneuronas basado en la influencia de las fuentes sinápticas de las neuronas del asta dorsal, neuronas inhibitorias y las neuronas supraespinales excitatorias. Las fluctuaciones de la amplitud del reflejo se calcularon usando las soluciones del modelo matemático para 100 motoneuronas. Además, obtuvimos un modelo que reproduce muchas de las características de los potenciales de campo macroscópicos generados por la actividad eléctrica espontánea de estas neuronas del asta dorsal.

Mathematical modeling of alpha motoneurons and its application to the computer simulation of the Ia monosynaptic reflex fluctuations

The simplest possible neural circuit that mediates some elementary unit of behavior is the monosynaptic reflex pathway formed by muscle spindle afferents (**Ia**) and their synaptic connections with alpha motoneurons.

Since Sherrington in 1906 is very well known that successive stimuli applied on Ia afferents produce monosynaptic reflexes of variable amplitude. The sources of this variability include presynaptic and postsynaptic influences from other neurons within the central nervous system.

The purpose of the present study is to present a mathematical modeling and a computer simulation of the variability of the Ia monosynaptic reflexes of the cat spinal cord. We used the Hodgkin-Huxley

formulation to obtain a mathematical model of the membrane potential of motoneurons based on the influence of synaptic sources from dorsal horn neurons, inhibitory neurons, and excitatory supraspinal neurons.

Amplitude fluctuations of the monosynaptic reflexes were computed using the solutions of the mathematical model for 100 motoneurons. In addition, we have obtained a model which reproduces many of the characteristics of the macroscopic field potentials generated by the spontaneous electrical activity of these dorsal horn neurons.

Consecuencias del efecto Allee en el modelo de depredación de May-Holling-Tanner

Lina María Gallego Berrío¹ y Eduardo González-Olivares²

¹ Maestría en Biomatemáticas, Universidad del Quindío,
Armenia, Colombia.

² Grupo de Ecología Matemática, Instituto de Matemáticas,
Facultad de Ciencias Básicas y Matemáticas,
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile.
limaga_2@hotmail.com ejgonzal@ucv.cl

En este trabajo analizamos la dinámica de un modelo de depredación que se obtiene considerando el efecto Allee en la ecuación de crecimiento de las presas, a partir del modelo de May-Holling-Tanner [1, 8,10], el cual supone que la interacción expresada por la respuesta funcional es del tipo Holling II.

En dinámica poblacional cualquier mecanismo ecológico que pueda llevar a una relación positiva entre un componente medible de la fitness (adaptación) individual y el número o densidad de los conspecíficos puede ser llamado un mecanismo de efecto Allee, fenómeno que se da en algunas poblaciones animales y que expresa una relación positiva a bajas densidades, entre la tasa de crecimiento de la población y la densidad [4, 9]. En ciencias pesqueras este fenómeno es llamado depensación [3, 7].

Suponemos además en esta presentación, que el tamaño de las poblaciones varía en forma continua con respecto al tiempo y que ellas están uniformemente distribuidas en un medio ambiente, no considerando distinción por edades ni sexo.

El modelo propuesto que es del tipo Leslie [11] es descrito por el sistema de ecuaciones diferenciales

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m) x - \frac{qx}{x+a} y \\ \frac{dy}{dt} = s \left(1 - \frac{y}{nx} \right) y \end{cases}$$

donde $\mu = (r, K, q, b, a, s, n) \in \mathbb{R}_+^7$ y los parámetros tienen diferentes significados biológicos. Hacemos el estudio sobre el sistema topológicamente equivalente al original

$$Y_{\eta} : \begin{cases} \frac{du}{d\tau} = ((1-u)(u-M)(u+A) - v)u^2 \\ \frac{dv}{d\tau} = B(u-v)(u+A)v \end{cases}$$

lo que se consigue a través de un difeomorfismo [2, 6]. Comprobamos que el efecto Allee produce una notable modificación en el comportamiento del sistema de May-Holling-Tanner el cual fue estudiado anteriormente [8], donde se demostró que para cierto conjunto de parámetros dicho modelo

tiene un único punto de equilibrio al interior del primer cuadrante rodeado de dos ciclos límites, comprobando además que, la estabilidad local no implica estabilidad global.

En el modelo aquí estudiado aparece una variada gama de dinámicas que no son topológicamente equivalentes al sistema May-Holling-Tanner original y para las cuales se da su interpretación en su contexto ecológico. Entre otros resultados tenemos que:

1. Para cualquiera que sea el valor de los parámetros la singularidad $(0, 0)$ es un atractor no hiperbólico [2, 6] y $(1,0)$ es una silla hiperbólica.
2. Existen condiciones en los parámetros para los cuales existen dos puntos de equilibrio al interior del primer cuadrante, o bien uno de multiplicidad dos, o ninguno.
3. Cuando se tiene un único punto de equilibrio al interior del primer cuadrante da lugar a la ocurrencia de la bifurcación silla-nodo de codimensión 2 [2]
4. Cuando se tienen dos singularidades positivas una de ellas es siempre silla hiperbólica y la naturaleza de la otra depende del signo de la traza, en este caso también tenemos un único ciclo límite que se produce vía bifurcación de Hopf rodeando a esa singularidad.

El sistema Y_n es altamente sensible a las condiciones iniciales y como el origen siempre es atractor existe implica que la posibilidad de extinción de ambas poblaciones es alta dependiendo principalmente de la razón presa-depredador.

Consequences of the Allee effect in May-Holling-Tanner predation model

In this work we analyze a deterministic continuous-time predator-prey model in which the Allee effect is considered on the prey growth equation and it is also assumed that the functional response is Holling type II and the predator population rate is of the logistic type; this model is called May-Holling-Tanner model [1, 8,10].

In population dynamics analysis, an ecological mechanism that leads to a positive relationship between a component of individual fitness and either the number or density of conspecifics is called an Allee effect mechanism (Courchamp et al 1999, Stephens and Sutherland 1999}. This phenomenon appears in certain animal populations and expresses a positive relationship at low densities between population growth rate and density (Courchamp et al 1999). This phenomenon has also been called *depensation* in fisheries sciences (Clark 1990, Meneses-Alcay and González-Olivares, 2004).

In this presentation, we assume that the population size changes in continuous form with time and populations are uniformly distributed in the environment; neither sex nor age distributions are considered.

The model proposed is the Leslie type (Turchin, 2003) and is described by the differential equations system:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m) x - \frac{qx}{x+a} y \\ \frac{dy}{dt} = s \left(1 - \frac{y}{nx} \right) y \end{cases}$$

where $\mu = (r, K, q, b, a, s, n) \in \mathbb{R}_+^7$ and the parameters have different biological meanings. By means of a diffeomorphism (Chicone 1999, Guckenheimer and Holmes 1983), we make the study in the topologically equivalent system given by:

$$Y_\eta : \begin{cases} \frac{du}{d\tau} = ((1-u)(u-M)(u+A)-v)u^2 \\ \frac{dv}{d\tau} = B(u-v)(u+A)v \end{cases}$$

We prove that the Allee effect produces a great modification in the behavior of May-Holling-Tanner model, analysed in (Sáez and González-Olivares 1999), where it was demonstrated the existence of two limit cycles surrounding the unique equilibrium point at the interior of the first quadrant, for a set of parameter values, showing that local stability does not imply global stability of the equilibrium point.

In the model studied here varied dynamics appear that are not topologically equivalent to the original one, for some we give the respective ecological interpretation. Among other results we have that:

1. For any parameter values the singularity $(0, 0)$ is a non-hyperbolic attractor (Chicone 1999, Guckenheimer and Holmes 1983), and $(1,0)$ is an hyperbolic saddle point.
2. There exists a set of parameter for which two equilibrium point in the interior of the first quadrant exists; also an unique or one having multiplicity two can exist.
3. When we have an unique positive equilibrium point of multiplicity two, it occurs the codimension 2 saddle-node bifurcation (Chicone 1999).
4. When two positive equilibrium points exist one of them is always a hyperbolic saddle point and the nature of the other depends on sign of trace; in this case there exists an unique limit cycle obtained via Hopf bifurcation.

System Y_η is highly sensitive to initial conditions and as the origin is always an attractor the possibility of extinction of both populations is large depending mainly on the predator-prey ratio.

Referencias

- [1] Arrowsmith, D. K., Place, C. M. 1992. Dynamical System. Differential equations, maps and chaotic behaviour. Chapman and Hall.
- [2] Chicone C. 1999. Ordinary differential equations with applications, Text in Applied Mathematics 34, Springer.
- [3] Clark, C. W. 1990. Mathematical Bioeconomic: The optimal management of renewable resources, (second edition). John Wiley and Sons.

- [4] Courchamp, F., Clutton-Brock, T., Grenfell B., 1999. Inverse dependence and the Allee effect, *Trends in Ecology and Evolution* Vol 14, No. 10, 405-410.
- [5] González-Olivares, E., Meneses-Alcay, H., and González-Yañez, B., 2005, Metastable dynamics by considering strong and weak Allee effect on prey in Rosenzweig-McArthur predator-prey model, submitted.
- [6] Guckenheimer, J., Holmes, P. 1983. *Nonlinear oscillations, dynamical systems and bifurcations of vector fields*. Springer-Verlag.
- [7] Meneses-Alcay, H., González-Olivares E., 2004. Consequences of the Allee effect on Rosenzweig-McArthur predator-prey model, In R. Mondini (Ed.) *Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology*, E-Papers Servicos Editoriais Ltda, Río de Janeiro, Volumen 2, 264-277.
- [8] Sáez, E., González-Olivares, E., 1999. Dynamics on a Predator-prey Model. *SIAM Journal of Applied Mathematics*, Vol. 59, No. 5, 1867-1878.
- [9] Stephens, P. A., Sutherland, W. J. 1999. Consequences of the Allee effect for behavior, ecology and conservation, *Trends in Ecology and Evolution*, Vol. 14 No. 10, 401-405.
- [10] Wollkind, D. J., Collings, J.B. and Logan, J. 1988. Metastability in temperature-dependent model system for predator-prey mite outbreak interactions on fruit trees, *Bull. of Mathematical Biology*. Vol. 50 No.4, 379-409.
- [11] Turchin, P. 2003. *Complex population dynamics: a theoretical/ empirical synthesis*, Princeton University Press.

Coevolución de biohistorias entre depredadores y presas

Gómez S., V¹. y J.A. León.

¹Laboratorio de Ecología de comunidades y Conservación. Instituto de Zoología Tropical. Facultad de Ciencias. Universidad Central de Venezuela. Caracas-Venezuela. violecolorata@yahoo.com.

Una parte importante del ambiente de una población está constituida por el resto de las poblaciones de otras especies con las cuales coexiste. Esto implica que cambios evolutivos en una especie pueden producir evolución en otra especie con la cual interactúa. Cuando tales cambios ocurren recíprocamente entre dos especies, existe coevolución. Este trabajo estudia la coevolución en un sistema depredador-presa dado por un modelo Lotka-Volterra, donde los parámetros son función de rasgos individuales y están sujetos a modificaciones por selección natural. Se supone que ambas especies dedican toda su energía a sobrevivir, reproducirse y a producir rasgos que atenúan o intensifican la presión de depredación. La energía neta de la presa es constante, mientras que la del depredador depende de la tasa de captura de presas, que a su vez requiere una inversión. Esta vigencia de trueques permite el vínculo para explorar la coevolución de biohistorias entre depredadores y presas. El modelo intenta responder, mediante Teoría de Juegos Evolutivos, de qué forma la inversión en rasgos relacionados con la depredación por uno de los antagonistas influye sobre la estrategia evolutivamente estable de reparto energético entre los rasgos de la biohistoria de la otra especie, cuando sólo una está sujeta a evolución, y si la dinámica evolutiva difiere al considerar coevolución.

Los resultados indican que cuando se considera la evolución de uno sólo de los antagonistas, cada uno alcanza su Estrategia Evolutivamente Estable. En la presa la inversión en defensa es directamente proporcional a la inversión en rasgos relacionados con el ataque en el depredador, mientras que éste último se resigna cuando la presa incrementa sus defensas. El punto de equilibrio en este sistema es inestable, porque las variaciones en la inversión en defensa por parte de la presa causan la evolución fuera del punto de equilibrio, mientras que en el depredador, la inversión en ataque causa la evolución hacia éste, produciendo una ensilladura evolutiva. Por lo tanto, la evolución de la presa tiene un efecto desestabilizante sobre el sistema, mientras que el efecto de la evolución del depredador es más bien estabilizante. Cuando se consideran la posibilidad de adaptaciones simultáneas el punto de equilibrio del sistema se mantiene inestable, pero las variables evolutivas muestran un comportamiento cíclico estable, el cual continua indefinidamente generando una dinámica Reina Roja. Por lo tanto, el efecto de la coevolución en este sistema es estabilizante.

La retroalimentación entre el presupuesto energético del depredador y el de la presa, que constituye el rasgo original del modelo, es el supuesto que permite el efecto estabilizante de la evolución del depredador, responsable de la inestabilidad del punto de equilibrio y, por lo tanto, la oscilación en los rasgos evolutivos en un ciclo límite.

Coevolution of life histories between predators and prey

An important part of a population's environment is the presence of populations of different species with which the first coexists. This implies that evolutionary changes in a species may lead to evolution in another species with which it interacts. When such changes occur reciprocally between two species, there is coevolution. This work evaluates coevolution in a predator-prey system given by a Lotka-Volterra model, whose parameters are functions of individual traits and are subject to modification by natural selection. Both species are supposed to dedicate all their energy to survival, reproduction and producing traits that intensify or attenuate predation pressure. The prey's net energy is constant, while the predator's depends on the prey capture rate, which requires investment. This trade-off affords the link for evaluating the coevolution of life histories between predator and prey. The model intends to answer, using the Theory of Evolutionary Games, how the investment in predation-related traits in one of the antagonists influences the evolutionary stable strategy of energy allocation among traits of the life history of the other species when only one is subject to evolution, and whether the evolutionary dynamics differs when considering coevolution.

Results indicate that when only one of the antagonists' evolution is considered, each of them reaches the Evolutionary Stable Strategy. In the prey, investment in defence is directly proportional to investment in attack-related traits in the predator, while this last desists when the prey increases its defences. The equilibrium point in this system is unstable, because evolution in the prey causes the dynamics to move away from the equilibrium point, while evolution in the predator causes it to move towards it, producing an evolutionary saddle. When the possibility of simultaneous adaptations is considered, the equilibrium point remains unstable, but evolutionary variables show a stable cyclic behaviour which is continued indefinitely, leading to a Red Queen dynamics. Thus, the effect of coevolution in this system is stabilizing.

Feedback between the predator's energy budget and that of the prey's, which constitutes the original trait of the model, is the supposition which allows the stabilizing effect of the predator's evolution, responsible for the instability of the equilibrium point and, therefore, of the oscillation of the evolutionary traits in a limit cycle.

La pandemia esperada de la influenza aviar A(H5N1)

Guillermo Gómez Alcaraz
Universidad Nacional Autónoma de México
gomal@servidor.unam.mx

La ponencia versa sobre la Influenza Aviar A(H5N1) que ya ha dado visos como una nueva enfermedad viral con existencia en el Sudeste Asiático, la cual de darse como epidemia sería de alta velocidad de diseminación y alta mortalidad inicial tanto en aves como en humanos. La influenza A(H5N1) es una enfermedad altamente patogénica hasta ahora con presentación clínica variable, pero más grave que la influenza típica A(H3N2). Con un primer caso comprobado aparecido en Vietnam. Con síntomas parecidos a la de la Influenza usual, con período de incubación de 3 días y caracterizado por haber tenido contacto con aves infectadas con este mismo virus o sus secreciones. En las aves tienen sus reservorios naturales y hasta ahora pueden infectar a humanos, pero los humanos no lo transmiten a otros humanos, hasta ahora sólo en casos muy raros. Sin embargo con el rigor típico de médicos y veterinarios se concluye que es inminente el cambio genético del virus del subtipo H5N1 para que pueda ser transmitido de personas a personas, dada la persistencia de influenza H5N1 a humanos desde 1997. Por ello la OMS lanzó su Alerta internacional.

En la ponencia se plantea un Modelo Matemático de la Influenza Aviar H5N1 en 2 etapas: La primera consiste de un modelo fenomenológico de la influenza H5N1 cuya variable es el tiempo τ transcurrido desde el momento en que el susceptible es infectado por el patógeno. Este modelo resulta un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias sencillas, con ayuda del cual se estiman algunos de los parámetros. La segunda etapa consiste del modelo matemático en sí de la epidemia planteado con el tiempo t en el que transcurre la epidemia, además del tiempo τ ya introducido. El resultado es un sistema de ecuaciones integro diferenciales más complicado que el primero. La analogía científica aquí se logra mediante la utilización de la Mecánica de los Medios Continuos. El resultado consiste en el análisis de 2 escenarios extremos el primero corresponde a una epidemia controlada muy a tiempo, en donde no ocurre nada extraordinario y donde todo se cuenta con pocas centenas de individuos, mientras que el segundo escenario es catastrófico y los números tratados son de muchos miles de individuos incluso de millones de ellos según el tamaño de la población. Este escenario aunque poco probable correspondería principalmente a una epidemia no controlada con fuerte retraso en la detección de que se trata de la influenza H5N1.

The waited avian flu pandemics A(H5N1)

The paper is about the Avian Flu A(H5N1), a new viral disease which has already given signs of existence in the south-east of Asia, which in case that it becomes in epidemics, it would be in a high velocity rate of dissemination and, also a high initial mortality rate in humans, as much as in birds. The flu A(H5N1) is a highly pathogenical disease, until now it has a variable clinic appearance, but in any case, more serious than the tipic flu

A(H3N2). Starting in Vietnam, with the first proved case, with similar symptoms to the usual flu and an incubation period of 3 days, characterized for having get in contact with infected birds, or with its secretions, with the very same virus. The birds have their natural reservoirs and they can infect humans, at this time, they are rare cases and until now, humans can't infect humans. Nevertheless, helped by the common scientific rigour of the doctors and veterinarians, we can conclude that given the persistence of the H5N1 flu since 1997, the genetic changes that allow the humans to get infected by themselves, in the same subtype virus (H5N1) is imminent. That's the reason why the WHO let out an international alert.

In this paper a Mathematical Model is proposed to study the H5N1 Avian Flu in two stages: The first one is formed by a phenomenological model of the H5N1 flu, which has as its unique variable the passed time τ since the moment when the susceptible one is infected by the pathogenical agent. This model comes to a single system of ordinary differential equation that AIDS to estimate some of the parameters. The second stage consists in the very mathematical model, posed with the passed time (t) of the epidemics itself, as well as the τ ; time, that we had introduced already. The overall result is a system of integral-differential equations way much more complicated than the first one. The scientific analogy is achieved by the use of the Continuum Mechanics. This result lies in the analysis of two extreme scenarios: the former corresponds to a very-controlled-in-time epidemics, which is a stage where it doesn't happen nothing extraordinary and the people involved can be counted only by hundreds, meanwhile the latter is catastrophic and the numbers we deal with are counted by thousands, even millions, depending on the population size. Even this stage is not very likely, it would mainly correspond to a non-controlled epidemic with an important detection delay.

Referencias

- http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/en
- Alvarado de la BC, Reyes TG; Comunicación personal; Influenza: Forecast for an epidemia,...En prensa.
- Responding to the avian influenza pandemic threat; WHO /CDS /GIP /2005.8 http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/guidelines/global-surveillance/en
- Avian influenza: assessing the pandemic threat; WHO /CDS /GIP /2005.29 http://www.who.int/csr/resources/publications/influenza/WHO_CDS_CSR_NCS_2002.5/en
- Gómez AG, "Modelo Matemático del SARS para la Ciudad de México", 2003, Foro-Red-Mat:, 2003 , Vol. 13, No.5, 1-20; <http://www.red-mat.unam.mx/~foro> (conjunto con , Boyev BV)

Selección sexual y natural en un modelo de tiempo continuo

Jorge González-Guzmán
 Instituto de Matemáticas
 Pontificia Universidad Católica de Valparaíso
jgonzale@ucv.cl

En este trabajo se construye y estudia un modelo de la dinámica de una población con una estructura genética dada por dos genes alelos A y B en un locus. El modelo es de tiempo continuo, es decir, está dado por un sistema de ecuaciones diferenciales y considera selección natural (por fecundidades y sobrevivencias) y selección sexual (dada por una matriz de preferencias de apareamientos). El modelo general contempla 15 parámetros: 9 que gobiernan la selección sexual (preferencias de cruzamientos de los tres fenotipos hembras con los tres fenotipos machos), tres parámetros que corresponden a las fertilidades de los tres fenotipos hembras y, finalmente tres parámetros asociados a las mortalidades de los tres fenotipos considerados, iguales para machos que para hembras.

El modelo general es:

$$\begin{aligned}
 x' &= f_1 \frac{\alpha_{11}x^2}{\sigma_1} + f_1 \frac{\alpha_{12}xy}{2\sigma_1} + f_2 \frac{\alpha_{21}xy}{2\sigma_2} + f_2 \frac{\alpha_{22}y^2}{4\sigma_2} - (m_1 + \bar{m})x \\
 y' &= \frac{xy}{2} \left(f_1 \frac{\alpha_{12}}{\sigma_1} + f_2 \frac{\alpha_{21}}{\sigma_2} \right) + xz \left(f_1 \frac{\alpha_{13}}{\sigma_1} + f_3 \frac{\alpha_{31}}{\sigma_3} \right) + \frac{yz}{2} \left(f_2 \frac{\alpha_{23}}{\sigma_2} + f_3 \frac{\alpha_{32}}{\sigma_3} \right) + \\
 &\quad + \frac{y^2}{2} f_2 \frac{\alpha_{22}}{\sigma_2} - (m_2 + \bar{m})y \\
 z' &= f_3 \frac{\alpha_{33}z^2}{\sigma_3} + f_3 \frac{\alpha_{32}yz}{2\sigma_3} + f_2 \frac{\alpha_{23}yz}{2\sigma_2} + f_2 \frac{\alpha_{22}y^2}{4\sigma_2} - (m_3 + \bar{m})z
 \end{aligned} \tag{1}$$

donde x, y, z son las frecuencias relativas de los genotipos AA, AB y BB, f_1, f_2, f_3 son las tasas per-cápita de nacimiento de cada subpoblación (que estarán asociadas solamente a las hembras) m_1, m_2, m_3 son las tasas de muerte per-cápita correspondientes. Suponemos que la proporción macho-hembra es de 1:1 en cada subpoblación. La estrategia de apareamientos está dada por una matriz, que llamaremos "matriz de preferencias de apareamientos" (α_{ij}) , donde $\alpha_{ij} \geq 0$, $i, j = 1, 2, 3$, denota el grado de preferencia con que las hembras de genotipo i eligen a los machos de genotipo j . Finalmente, $\sigma_i = \alpha_{i1}x + \alpha_{i2}y + \alpha_{i3}z$ y $\bar{m} = (f_1 - m_1)x + (f_2 - m_2)y + (f_3 - m_3)z$.

En primer lugar se demuestra que el sistema anterior está bien planteado, en el sentido que el espacio de fase es positivamente invariante.

En segundo lugar, el sistema es analizado en cuatro casos especiales de interés:

- i) Panmixia, donde se obtiene una versión continua de la Ley de Hardy-Weinberg
- ii) Selección sexual pura sobre el fenotipo heterocigoto
- iii) Selección natural pura por sobrevivencia sobre el fenotipo heterocigoto
- iv) La interacción selección sexual-selección natural sobre el fenotipo heterocigoto.

Para los casos i), ii) y iii) el problema matemático se resuelve completamente, obteniéndose conclusiones esperables desde el punto de vista biológico y la representación completa del retrato de fase. En el cuarto caso se obtienen condiciones precisas para la existencia de tres puntos de equilibrio en el interior del espacio de fase, dos de los cuales aparecen como localmente estables en las simulaciones computacionales. En este caso se están dando los valores precisos de los parámetros que permiten, por ejemplo, anular una desventaja selectiva por mayor mortalidad con un grado adecuado de preferencia de apareamientos.

Sexual and natural selection in a continuous time model

We construct and analyze system (1) of differential equations as a model of the dynamics of a population with a simple genetical structure (one locus and two alleles). The general model consider sexual selection and natural selection (by fertility and mortality) and has 15 parameters: 9 for the sexual selection (matings preferences) 3 mortality and 3 fertility parameters. We show that the phase space is positively invariant.

We analyze 4 interesting particular cases:

- i) No selection (panmixia): we obtain a continuous version of the Hardy-Weinberg Law
- ii) Only sexual selection on the heterozygotic phenotype
- iii) Only natural selection by mortality on the heterozygotic phenotype
- iv) The interaction of sexual and natural selection on the heterozygotic phenotype

The i), ii) and iii) cases are mathematically completely solved and the results are biologically natural. For the iv) case we obtain condition for the existence of 3 equilibrium points in the interior of the phase space. In this case we obtain precise conditions on the parameters for the neutralization of a selective disadvantage due to higher mortality by a higher mating preference.

Dinámicas de modelos depredador-presa simples con uso de refugio por las presas. Una pequeña revisión y nuevos resultados

Eduardo González Olivares¹, Betsabé González Yañez¹ y Rodrigo Ramos-Jiliberto²

²*Grupo Ecología Matemática, Instituto de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.
Casilla 4950, Valparaíso, Chile.*

ejgonzal@ucv.cl, betsabe.gonzalez@ucv.cl,

¹*Departamento de Ciencias Ecológicas
Facultad de Ciencias, Universidad de Chile
Casilla 653, Santiago, Chile,
raramos@uchile.cl*

En Dinámica Poblacional, la llamada respuesta funcional de los depredadores se refiere a la densidad de presas atacadas por unidad de tiempo y por unidad de depredador como función de la densidad de presas [5]. En muchos modelos de depredación considerados en la literatura, la respuesta funcional es asumida como una función monótonamente creciente, con la suposición que más presas hay en el medio ambiente es mejor para el depredador.

Para incorporar más realismo biológico en el esquema básico formal, desarrollado en la primera mitad del siglo por Volterra y otros, las etapas iniciales fueron para incluir efectos densodependientes en la dinámica endógena de presas y depredadores y se propusieron funciones no lineales para el consumo de presas por los depredadores [3, 7].

Más recientemente, el comportamiento de las presas y sus consecuencias en los niveles de población han sido incorporados a la teoría de la depredación. En este contexto, uno de los más relevantes rasgos de comportamiento que afectan la dinámica de un sistema depredador-presa es el uso de un refugio espacial por parte de las presas. Consideraremos como refugio un lugar físico en el cual la presa vive o se esconde temporalmente [9], y donde los depredadores tienen poca o ninguna oportunidad para matar la presa.

De acuerdo a Taylor [15] las diferentes clases de refugio pueden ser clasificadas en tres tipos:

- a) aquellos que proveen una protección espacial permanente para un subconjunto pequeño de la población de presas.
- b) aquellos que proveen una protección espacial temporal, y
- c) aquellos que proveen un refugio temporal a una cantidad, i. e., decrece el riesgo de depredación al incrementar la abundancia de presas vulnerables.

Desde un punto de vista teórico, diferentes formas de representación del uso de refugio han sido presentados en un contexto poblacional. La mayoría de estos modelos incluye la heterogeneidad del medio ambiente o algún tipo de estructura fenotípica en las presas, fundados en diferentes supuestos básicos y por ello sus resultados son difícilmente comparables.

En este trabajo revisamos la conjetura usual que el refugio previene la extinción de las presas, ejerciendo una influencia estabilizante en el

punto de equilibrio y oscilaciones de población amortiguadas, analizando un modelo de depredación tiempo continuo descrito por el sistema:

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r(1 - \frac{x}{K})x - q(x - x_r)y \\ \frac{dy}{dt} = (p(x - x_r) - c)y \end{cases}$$

y considerando las siguientes hipótesis acerca del refugio de las presas: el número de presas protegidas x_r es ya sea una fracción constante del total, un número fijo [9], o proporcional a la abundancia de depredadores [11]. Nuestros resultados indican que el refugio puede preservar la estabilidad del punto de equilibrio positivo del sistema.

Dynamics of simple predator-prey models with prey refuge use. A small review and new findings

Within the field of population dynamics, the so-called *predator functional response* to prey density refers to the density of prey attacked per unit time per predator as a function of prey density [5]. In most predator-prey models considered in the literature, the functional response is assumed to be monotonically increasing, the inherent assumption being that the more prey in the environment, the better off the predator.

To incorporate biological realism into the basic formal framework developed in the first half of the XX century by Volterra and others, density-dependent effects on the endogenous dynamic of predators and prey, and non-linear functions for consumption of prey by predators were included [3, 7]. More recently, the behavior of prey and its consequences at the population level has been incorporated into the predation theory [13]. In this context, one of the more relevant behavioral traits affecting the dynamics of predator-prey systems is the use of spatial refuges by the prey. Here we consider a refuge as a physical location in which prey either live or temporarily hide [9], where predators have little or no chance to kill prey.

According to Taylor [15] the different kinds of refuges can be arranged into three types:

- a) those which provides permanent spatial protection for a small subset of the prey population,
- b) those which provide temporary spatial protection, and
- c) those which provide a temporal refuge in numbers, i.e. decrease the risk of predation by increasing the abundance of vulnerable prey.

From a theoretical point of view, different forms of mathematical representations of refuge use in a population context have been presented. These models, mostly invoking either environment heterogeneity or some type of phenotypic structure in the prey, relies on different basic assumptions and therefore their results are hardly comparable.

Different forms of mathematical representations of refuge have been used in a population context; some invoke environment heterogeneity while others some type of phenotypic structure in the prey. However, because they rely on different basic assumptions their results are hardly comparable.

By analyzing a continuous time predator-prey model described by the system:

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r(1 - \frac{x}{K})x - q(x - x_r)y \\ \frac{dy}{dt} = (p(x - x_r) - c)y \end{cases}$$

we test the usual conjecture that refuges prevent prey extinction, exert a stabilizing influence on an equilibrium point and damp population oscillations. In this model prey refuges are included by assuming that the number of protected prey x_r is either a constant fraction of the total, a constant number [9], or proportional to the abundance of predators [11]. Our results reveal that prey refuges can either increase or decrease the stability and oscillations of predator-prey system.

Referencias

- [1] P. T. Abrams and C. J. Walters, 1996, Invulnerable prey and the paradox of enrichment. *Ecology* 77(4) 1125-1133.
- [2] B. R. Anholt and E. E. Werner, 1999, Density-dependence consequences of induced behavior. In: R. Tollrian and C.D. Harvell (Ed.) *The ecology and evolution of inducible defenses*. Princeton University Press, 218-230.
- [3] A. A. Berryman, A. P. Gutierrez, and R. Arditi, 1995. Credible, parsimonious and useful predator-prey models - A reply to Abrams, Gleeson, and Sarnelle. *Ecology* 76 (6) 1980-1985.
- [4] C. Bronmark, L. B. Pettersson and P.A. Nilsson, 1999, Predator-induced defense in crucian carp. In: R. Tollrian and C.D. Harvell (Ed.) *The ecology and evolution of inducible defenses*. Princeton University Press 203-217.
- [5] H. I. Freedman, 1980, *Deterministic Mathematical Model in Population Ecology*. M. Dekker.
- [6] E. González-Olivares and R. Ramos-Jiliberto, 2003, Dynamic consequences of prey refuges in a simple model system: more prey, fewer predators and enhanced stability, *Ecological Modelling*, Vol. 166, Issues 1-2, 135-146.
- [7] R. M. May, 1974, *Stability and complexity in model ecosystems*. Princeton University Press.
- [8] J. Maynard Smith, 1974, *Models in Ecology*. Cambridge, At the University Press.
- [9] J. M. McNair, 1986, The effects of refuges on predator-prey interactions: a reconsideration. *Theoretical Population Biology*, 29, 38-63.
- [10] R. Ramos-Jiliberto and E. González-Olivares, 2000, Relating behavior to population dynamics: a predator-prey metaphysiological model emphasizing zooplankton diel vertical migration as an inducible response. *Ecological Modeling* 127, 221-233.
- [11] G. D. Ruxton, 1995, Short Term refuge use and stability of predator-prey models. *Theoretical population biology*, 47 1-17.
- [12] M. Scheffer and R. J de Boer, 1995, Implications of Spatial heterogeneity for the paradox of enrichment. *Ecology* 76 (7) 2270-2277.
- [13] A. Sih, 1987, Prey refuges and predator-prey stability. *Theoretical Population Biol.* 31 1-12.
- [14] R. J. Taylor, 1984, *Predation*. Chapman and Hall.
- [15] R. Tollrian and S. I. Dodson, 1999, Inducible defense in cladocera, costs and multipredator environments. In: R. Tollrian and C.D. Harvell (Ed.) *The ecology and evolution of inducible defenses*. Princeton University Press 177-202.
- [16] Turchin, P., 2003 *Complex population dynamics: a theoretical/ empirical synthesis*, Princeton University Press.

Un modelo epidemiológico con autómatas celulares

Juan Carlos Hernández Gómez
Centro de Investigación en Matemáticas
Guanajuato, México.
carloshg@cimat.mx

Cuando se hace el modelado de procesos epidemiológicos, normalmente se recurre al uso de las ecuaciones diferenciales. Aunque estos modelos han producido ya resultados interesantes, hay elementos que pueden ser mejor capturados con otras herramientas. Por ejemplo, en los modelos con ecuaciones diferenciales se hace uso de la ley de acción de masas para representar la forma de contagio de los individuos susceptibles. Y, en muchos casos, no es del todo cierto que la forma de contagio se dé de esta forma. Así mismo, si el modelo contempla un proceso de vacunación ésta no siempre se da en forma homogénea e indiscriminada. Partiendo de este hecho nos hemos propuesto modelar algunos procesos epidemiológicos utilizando Autómatas Celulares, los cuales nos permiten, además tener un control espacio temporal explícito, incorporar algunas políticas de vacunación y modelar los procesos de infección de una forma más realista, en particular se introducen efectos estocásticos en vacunación, lugar de nacimiento, muerte e infección.

Cuando se estudian procesos epidemiológicos, mediante ecuaciones diferenciales, uno de los parámetros importantes que aparecen es el llamado Número Reproductivo Básico (R_0), el cual es una combinación de los parámetros involucrados en el modelo. La importancia de este parámetro radica en el hecho de que puede ser utilizado como parámetro de bifurcación y se tiene que para valores de R_0 por debajo de uno, el punto de equilibrio trivial, (libre de enfermedad) es estable y si es mayor que uno, es inestable. Lo que esto significa básicamente es que si R_0 es menor que uno la enfermedad desaparecerá en algún momento y si R_0 es mayor que uno habrá un brote endémico. Sin embargo, en algunos modelos y bajo ciertos valores de los parámetros, se puede presentar un fenómeno conocido como bifurcación hacia atrás. El fenómeno de la bifurcación hacia atrás es por si solo materia de un estudio muy importante. Este fenómeno se presenta cuando para valores del parámetro R_0 menores que uno se tiene un punto de equilibrio no trivial el cual es estable. Entender las causas que provocan la bifurcación hacia atrás, pero aún más las formas en que puede desaparecer, es de suma importancia para los encargados de diseñar políticas de control de enfermedades. Este fenómeno ha sido estudiado ampliamente en algunos trabajos (Kribs-Zaleta y Jorge X. Velasco-Hernández, *Math Biosci.* Vol. 164, Issue 2, Mayo-Junio 2000, pp. 183-201; Julien Arino et al, *SIAM Appl. Math.*, Vol. 64, No. 1, pp. 260-276; J Dushoff, W. Huang y C. Castillo-Chavez, *J. Math. Biol.*, Vol. 36, pp. 227-248). Sin embargo su estudio se limita a modelos con ecuaciones diferenciales.

En este trabajo abordamos, empleando autómatas celulares, el problema del modelado de un sistema SIV, (Susceptible, Infectado, Vacunado) el cual presenta bifurcación hacia atrás. Para mostrar esto es necesario precisar qué se entenderá por parámetro de bifurcación y qué será el equivalente de puntos estacionarios.

Nuestros objetivos principales son estudiar el efecto espacial sobre la bifurcación hacia atrás, es decir si al considerar vecindades específicas de contagio éstas tienen algún tipo de efecto sobre la bifurcación hacia atrás. Adicionalmente, analizamos el efecto de la implementación de alguna política de vacunación sobre la bifurcación hacia atrás.

An epidemiological model using cellular automats

When we make epidemiological process models, usually we use differential equations. However, these models have had interesting results, there are elements which can be studied using other tools. For example, in the differential equations models the mass action principle is used to represent the form that diseases spread in the susceptible population. But, in many cases diseases do not spread in this way. On the other hand, if the model has a vaccination process, it is not always in a homogenous form in the real world. Understanding these facts we are modeling some epidemiological processes using Cellular Automats which permit us to have explicit spatial control, so we can prove some vaccination policies and have a more realistic model. Particularly stochastic effects are introduced in the vaccination process, birth place, death and transmission of the disease.

When epidemiological processes are studied using differential equations, one of the most important parameters is called Basic Reproductive Number (R_0), which is a combination of the parameters involved in the model. The importance of this parameter is in the fact that it can be used as a bifurcation parameter and we have that if R_0 is less than one, the trivial equilibrium point, (free of disease equilibrium) is stable and if it is greater than one, it is unstable. It means basically that if R_0 is less than one the disease will disappear in some time and if R_0 is greater than one there will be an endemic outbreak. However, in some models with specific values of the parameters, one phenomenon appears, known as backward bifurcation. Backward bifurcation is by itself an interesting phenomenon to study. This phenomenon appears when for values of the parameter R_0 less than one there is a non trivial bifurcation point which is stable. Understanding why the backward bifurcation appears, but yet more, how can it disappear, is very important for people who design disease control policies. This phenomenon has been studied widely in some works (Kribs-Zaleta and Jorge X. Velasco-Hernández, *Math Biosci. Book 164, Issue 2, May -June 2000*, pp. 183-201; Julien Arino et al the, *SIAM Appl. Math.*, Vol. 64, Issue 1, pp. 260-276; J Dushoff, W. Huang and C. Castillo-Chavez, *J. Math. Biol.*, Book 36, pp. 227-248). However their studies are limited to models with differential equations.

In this work we study, using cellular automats, a model SIV, (Susceptible, Infected, Vaccinated) which present backward bifurcation. To show it we need to answer the following questions: what will be understood by bifurcation parameter? and what will be an equilibrium point in this model?

Our principal goals are to understand the spatial effect on the backward bifurcation. When we consider specific transmission neighborhoods, does have they some effect on the backward bifurcation? And, we analyze the effect of the implementation of some vaccination policy on the backward bifurcation.

Aproximación saddlepoint para determinar la distribución del tamaño poblacional en el modelo logístico estocástico en estado de equilibrio

Amelia Herrera Briceño¹, Montserrat Soto Fullá¹, M. Angélica Maulén Yañez.¹,

Inés Guerrero Santana¹ y Eduardo González Olivares²

¹ Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias Básicas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso Blanco Viel 596, Cerro Barón, Valparaíso, Chile
"Amelia Herrera B." estadistico_pucv@yahoo.es, "Angélica Maulén" mmaulen@ucv.cl, "Montserrat Soto" montserratneus@yahoo.es

² Instituto de Matemáticas, Facultad de Ciencias Básicas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso Blanco Viel 596, Cerro Barón, Valparaíso, Chile
"Eduardo González" ejgonzal@ucv.cl

En este trabajo se considera un sistema ecológico con dinámica estocástica en que el tamaño o estado de la población es sólo afectado por muertes o nacimientos [1] y donde el tamaño de la población cambia continuamente a medida que transcurre el tiempo. El objetivo principal es conocer y encontrar la función de distribución del tamaño poblacional n a través del tiempo considerando una población en un medio ambiente estático [7], o sea, una población en que no hay migración; esto permite proponer medidas de manejo de la población y establecer conclusiones de acuerdo con esos objetivos. Se modela la dinámica de un sistema logístico estocástico, mediante una ecuación diferencial determinista que describe la distribución de probabilidad de la variable aleatoria N_t (tamaño poblacional) en cada instante $t \geq 0$. Se presenta un método de aproximación dado por Daniels [2, 3] para la f.d.p., llamada Saddlepoint, del que luego de algunas transformaciones se obtiene la aproximación Saddlepoint Truncada $f_m(x)$ [5, 6], obteniendo con $m = 2$ la distribución normal y con $m = 3$ la Aproximación Saddlepoint. En [4] se recomienda su uso y utiliza una aproximación por truncamiento para la aproximación Saddlepoint de la f.d.p. Se entregan ejemplos aplicados a poblaciones de caracoles de jardín, tejones y zorros, utilizando la aproximación por truncamiento para la f.d.p., mostrando las bondades de ajustes según las distintas aproximaciones realizadas para los parámetros involucrados en ella, utilizando cumulantes aproximados y exactos.

Approximation by the saddlepoint method for determine the population size distribution on the stochastic logistic model in equilibrium state

In this work a ecological system with a stochastic dynamics it is considered, in which population size (or state) is only affected by births or deaths and where the population size change continuously with time. The main goal is to know and to find the probability distribution function (p.d.f) [1] of population size n changing through the time, considering a static environment, [7], that is, a population in which migrations are not considered; this permits propose concrete measures for population management and to establish conclusions according with those objectives.

The dynamic of logistic stochastic system it is modeled by mean of a deterministic differential equation that describes the probability distribution of the stochastic variable N_t (population size) for each $t \geq 0$.

Let $(N_t)_{t \geq 0}$ a stochastic process of births and deaths [1] with rates λ_n and β_n respectively, the change of the probability distribution function (p.d.f) correspondent to population size n , when time t changes, it is modeled by the followings differential equations:

$$\frac{dP(n,t)}{dt} = P(n-1,t)\lambda_{n-1} + P(n+1,t)\beta_{n+1} - P(n,t)(\lambda_n + \beta_n)$$

$$\frac{dP(0,t)}{dt} = P(1,t)\beta_1$$

$$\frac{dP(1,t)}{dt} = P(2,t)\beta_2 - P(1,t)(\lambda_1 + \beta_1)$$

where $P(n, t)$ is the probability that in the instant $t \geq 0$ the population size let n .

This p. d. f., it is studied when the population is in equilibrium state, that is, in the instant when the births and deaths rates are equal. Therefore, it has that:

$$\frac{dP(n,t)}{dt} = 0$$

with

$$P(n-1,t)\lambda_{n-1} + P(n+1,t)\beta_{n+1} = P(n,t)(\lambda_n + \beta_n)$$

The method presented by Daniels [4] for the p.d.f., called Saddlepoint approximation is presented; after some transformations it is obtained the truncated saddlepoint approximation $f_m(x)$, [5. 6], resulting the normal distribution for $m = 2$ and the Saddlepoint approximation for determine the population distribution with $m = 3$. In [5] it is recommend its use and they employ a approximation by truncation for the Saddlepoint approximation of p.d.f.

Concretes examples applied for snail gardens, badgers and foxes populations are given, using the approximation by truncation p.d.f., showing the goodness adjustment for different approximations effectuated according the parameter involves and using approximate and exact cumulants.

Referencias

- [1] Bailey, N. T. 1964. "The Elements of Stochastic Processes", Wiley, New York.
- [2] Daniels, H. E. 1954. Saddlepoint approximations in statistics, Ann. Math. Statist., 25: 631-650.

- [3] Daniels, H. E. 1960. Approximate solution of Green's type for univariate stochastic processes, J. Roy. Statist. Soc., B22: 376-401.
- [4] Jensen, J.L. Renshaw, E 1995. Saddlepoint Approximations. Oxford University Press.
- [5] Matis, J., Kiffe, T.R., Hassan, J., Renshaw, E. 2003. A simple Saddlepoint approximation for the equilibrium distribution of the stochastic logistic model of population growth, Ecol. Mod., 161: 239-248.
- [6] Matis J. H, Kiffe,, 2004. On stochastic logistic population growth with immigration and multiples births. Theoretical Population Biology 65, 89-104
- [7] Maulén Yañez, M.A, González Olivares, E. 2004. Birth and death processes in a static environment, In R. Mondaini (Ed.) Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Serviços Editoriais Ltda, Rio de Janeiro , Vol. 1, 1-12.

Predicción cualitativa de los procesos biológicos utilizando la teoría de la percolación

Samuel Ángel Jaramillo Flórez

Facultad de Ingeniería - Ingeniería Electrónica

Facultad de Ciencias - Maestría en Biomatemáticas

Avenida Bolívar X Calle 12 Norte, Armenia - Colombia

samuelangel@uniquindio.edu.co

La palabra percolación significa infiltración y a la teoría que estudia estos fenómenos se la ha llamado teoría de la percolación, que estudia lo relacionado con flujos de fluidos en un medio aleatorio como, por ejemplo, moléculas penetrando en un sólido poroso, un fuego consumiendo un bosque o una epidemia propagándose en una población. Los problemas estudiados por esta teoría pertenecen a los llamados fenómenos críticos, caracterizados por un punto crítico en el cual las propiedades del sistema cambian abruptamente. En este trabajo se explica una simulación usando la teoría de la percolación y se muestra que esta puede ser utilizada en el estudio de los procesos biológicos evolutivos.

Se utiliza el modelo de un huerto frutal de grandes dimensiones en el que se han plantado árboles frutales que no están muy cerca uno del otro porque ello representa la rápida propagación de enfermedades, tampoco se encuentran muy lejos pues ello resultaría totalmente antieconómico, al desperdiciar grandes porciones de tierra. Se suponen que los árboles son plantados en los nudos de cierto retículo trazado en la superficie de la tierra. Existen muchos tipos de retículos pero los más comunes son: cuadrado, triangular y hexagonal. En el huerto se tienen las siguientes consideraciones: 1) Los árboles que se encuentran enfermos sólo pueden contagiar a los más inmediatos. 2) Existe la probabilidad de que los árboles inmediatos se contagien entre sí siempre que uno de ellos esté enfermo, lo que puede estar determinado por la distancia existente entre las ramas de los árboles. Un *par enlazado* son dos árboles inmediatos cuyo contagio mutuo es inevitable. 3) Existe una función $x(a)$ que define la probabilidad de que dos árboles inmediatos elegidos al azar formen un *par enlazado*. Esta depende básicamente de la distancia, lo que implica que al disminuir a , la probabilidad de contagio aumenta. En el lenguaje de los racimos, esto se puede ver así: si dos árboles forman un par enlazado, se representará entre ellos un alambre que los una, pero si siendo inmediatos no forman par enlazado, se dibujará un alambre roto entre ellos.

Se propone un modelo de la evolución pre-biológica que explica los procesos evolutivos en los seres vivos, encontrándose que, mientras mayor sea el número de estados críticos o de cambios de estados de fase que tenga un proceso biológico, mejor será la predicción que puede hacerse usando la teoría de la percolación, lo que puede ser utilizado para optimizar futuros estados del ser vivo, que tiene amplias aplicaciones en biotecnología.

Para simular estas situaciones, se realizaron dos experimentos:

En el *primero*, se emplea una rejilla que tiene dos electrodos soldados a sus lados. Este montaje es conectado a un circuito eléctrico. Se empieza a bloquear cada nudo cortando los cuatro alambres que lo enlazan, se hace un estudio de la resistencia eléctrica conforme a la cantidad de nudos

bloqueados. El nudo que debe ser sometido a bloqueo se elige aleatoriamente. Para ello se emplean números aleatorios obtenidos con el Método de Montecarlo para determinar las coordenadas de todos los nudos y luego mediante un sorteo se elige el nudo que debe ser bloqueado. También se ha implementado un programa de simulación computacional usando LabView.

En el *segundo* experimento, se realizó un montaje que consta de un grupo de mil esferas metálicas y mil esferas dieléctricas, las esferas fueron ubicadas en un recipiente de manera aleatoria donde a medida que ingresen las esferas a este se estará midiendo el nivel de percolación, es decir, el punto mínimo donde se puede establecer un camino de conducción de manera aleatoria. El nivel de percolación es igual al número de esferas conductoras dividido entre el número total de esferas. Cuando se tomaron mayor número de esferas, se obtuvo el nivel de percolación más cerca del valor teórico. Según el modelo de autoorganización de las macromoléculas, esta es posible si el sistema molecular abiogénico posee metabolismo, auto-reproducción y mutabilidad. El metabolismo significa que el sistema es abierto y en él ocurre la polimerización y descomposición de los polímeros. Ya que el sistema está lejos del equilibrio, estos dos procesos no están ligados por la condición de la reversibilidad microscópica. Para el mantenimiento del metabolismo es necesaria la afluencia de sustancias, que posea un exceso de energía libre. La auto-reproducción (copia matricial del polímero) significa un proceso auto catalítico, lo que asegura la autoorganización. La muta-génesis es necesaria para la creación de la información nueva. En este experimento, se tuvo en cuenta que la principal diferencia entre un proceso biológico y un proceso inerte es el nivel de fluctuaciones o inestabilidades, debido a que al aumentar la concentración de estas se está modificando el comportamiento futuro del ser vivo (evolución).

Qualitative prediction of the biologics processes using the percolation theory

The word percolation means infiltration and to the theory that studies these phenomenon is named percolation theory, that studies the related with flows of fluids in a random media, e.g., molecules penetrating in a porous solid, or a fire consuming a forest or an epidemic propagating in a population. The problems studied by this theory belong to the critical phenomenon, characterized by a critical point in which the properties of the system change abruptly. In this work a simulation is explained using the percolation theory and it appears that this one can be used in the study of the biological evolutionary processes.

Is used a model of a fruit garden of big dimensions where the fruit trees are not closely together one of other one because it represents the rapid propagation of diseases, and neither of they are very far because it would turn out to be totally uneconomical, on having big portions of land without using . Are supposed that the trees are planted on the nodes of certain grid drawing in the surface of the land. Many types exist of grids but the most common are: square, triangular and hexagonal. In the garden the following considerations are had: 1) The trees that are sick only can infect the most immediate. 2) There exists the probability of that the immediate

trees are contagious if one of them is sick, which can be determined by the existing distance between the branches of the trees. A *connected couple* are two immediate trees which mutual contagion is inevitable. 3) A function exists $x(a)$ that defines the probability of which two immediate trees chosen at random form a *connected couple*. This one depends basically on the distance, which implies that on having diminished a , the probability of contagion increases. In the language of the clusters, this can be seen this way: if two trees form a connected couple, a wire will represent a union among them, but if being immediate they do not form connected couple, a cutting wire will show among them.

A model of the evolution pre-biological is proposed that explains the evolutionary processes in the alive beings, and, while greater is the number of critical states or of changes of phase states of a biological process, better will be the prediction that can be done using the percolation theory, which can be used for to optimize states futures of the alive being, and this has wide applications in bio-technology.

To simulate these situations, two experiments were realized:

In the *first* one, there is used a grid that has two electrodes welded to your sides. This assembly is connected to an electrical circuit. One starts blocking every node cutting the four wires that connect it, there is done a study of the electrical resistance in conformity with the quantity of blocked nodes. The node that it must be submitted to blockade is chosen in random form. For it there are used random numbers obtained with the Montecarlo Method for to determine the coordinates of all the nodes and then by means of a selection there is chosen the node that must be blocked. Also a computational program of simulation has been implemented using LabView.

In the *second* experiment, there was realized an montage that consists of a group of thousand conductive spheres and thousand dielectrics spheres, and the spheres were located in a container in a random form and when they were deposited the percolation threshold is measuring, that is to say, the minimal point where it is possible to establish a way of conduction in a random form. The percolation threshold is equal to the number of conductive spheres divided among the total number of spheres. When a greater number of spheres were taken, the percolation threshold obtained was more near of the theoretical value. According to the model of auto organization of the macromolecules, this one is possible if the molecular system a-biogenic possesses metabolism, auto-reproduction and mutability. The metabolism means that the system is opened and that in it the polymerization and decomposition of the polymers occurs. Since the system is far from the equilibrium, these two processes are not tied by the condition of the microscopic reversibility. For the maintenance of the metabolism is necessary the abundance of substances, which possesses an excess of free energy. The auto-reproduction (copies matricial of the polymer) is an autocatalytic process, which the auto-organization assures. The mutagenesis is necessary for the creation of the new information. In this experiment, there was taken in account that the principal difference between a biological process and an inert process is the level of fluctuations or instabilities, due to the fact that on having increased the concentration of these there is modified the future behavior of the alive being (evolution).

Referencias

- Stauffer, D..(1979). Scaling Theory of Percolation Cluster, *Phys. Reports*, Vol. 54, p.1.
- Stauffer, D.(1985). Introduction to the Percolation Theory, Taylor and Francis.
- Castellani, C.(1982). Disordered Systems and Localization, *Lecture Notes in Physics*, Vol.149, Springer-Verlag.
- Deutscher, G. (1983). Percolation Structures and Processes, Adam Hilger.
- Shklovski, B. y Efros, A. L. (1984). Electronics Properties of Doped Semiconductor, Cap. 5, Springer-Verlag
- Efros, A. (1987). Física y Geometría del Desorden. Mir, Moscú.
- Deutscher G. Zallen, R.(1989). Percolation Structures and Processes, *Annals of the Israel Physical Society*, Vol 5.
- Liggett, T.M.(1985). Interacting Particle Systems, Springer Verlag.
- Nahmias, J. y Tephany H. (1989). *Rev. Phys, Appl.*, 24, 773.
- Ziff, R.M., y Gulari E. (1986). *Phys. Rev. Lett.*, 56, 2553.
- Eisewirth, R.M.y Krischer K..(1990). *Appl. Phys.*, A 51, 79.
- Stauffer, D.y Coniglio A.(1982). *Adv. Polymer. Sci.*, 44, 103.
- Grassberger, P.(1991). La Percolación o la Geometría del Contagio, *Mundo Científico*, Nº 115, p.764-770.
- Bak, P., Tang C. y Wiesenfeld K.(1988). *Phys. Rev.*, A 38, 364.
- Bak, P. y Chen K. (1989). *Physica*, D38, 5.
- Jaramillo, S.A., López L.F. y Villa J.M. (2003). Aplicación de la Teoría de la Percolación en las Predicciones Cualitativas de los Procesos Aleatorios, *Memorias del VI Simposio Brasileiro de Automação Inteligente*, SBAI 2003, Baurú, São Paulo, Brasil.
- Jaramillo, S.A., (2004). Aplicación de la Teoría de la Percolación en las Predicciones Cualitativas de los Procesos Biológicos, *Memorias del Congresso Brasileiro de Automática CBA2004*, Gramado, RGS, Brasil.
- Grassberger, P.(1991). La Percolación o la Geometría del Contagio, *Mundo Científico*, Nº 115, p.764-770.
- Volkenstein, M.V. (1985). *Biofísica*, Mir, Moscú.
- Jaramillo, S.A., (2005). Aplicación de la Teoría de la Percolación a la Inteligencia Artificial, *Memorias del Congreso Internacional de Inteligencia Computacional CIIC 2005*, Montería, Colombia.

Modelos para la dispersión de SIDA y su relación con los datos**Models of the spread of AIDS and their relation to data**

Helmut Knolle
Berna, Suiza

An interesting paper by Niels Becker, who has published more than 20 papers and a book on epidemic models in relation to data, has convinced me that epidemic models should be related to some empirical data (Becker 1979). Therefore a recently published model of the spread of HIV in the general population (Knolle 2004) is presented together with HIV-data from Colombia and some demographic data which have an impact on the assumptions of that model. The HIV-data come from anonymous unlinked tests (pruebas anónimas no ligadas) of large samples of pregnant women in prenatal care and persons in general medical consulting, and exhibit a characteristic age distribution. The correspondence of the predictions of the model with the existing data will be discussed, and it will be indicated what further data are needed in order to validate the model.

References

- Becker, Niels (1979) The uses of epidemic models. *Biometrics* 35, 295-305
- Knolle, Helmut (2004) A discrete branching process model for the spread of HIV via steady sexual partnerships, *Journal of Mathematical Biology* 48, 423-443

Un modelo dinámico de un sistema de engorde bovino de base pastoril: Predicción del consumo y la ganancia de peso vivo

Claudio F. Machado, ⁺Stephen Morris, ⁺John Hodgson y ^{}Horacio Berger

^{*}Facultad de Ciencias Veterinarias. Paraje arroyo seco, Tandil (7000) – Argentina.

cmachado@vet.unicen.edu.ar

⁺Universidad de Massey, Nueva Zelanda.

Los sistemas pastoriles ocupan alrededor del 20 % de la superficie de la tierra, y directa e indirectamente son responsables de satisfacer las necesidades económicas y materiales de una gran parte de la población mundial. Esta alta importancia también es válida para los esquemas productivos de Argentina, que son fundamentalmente pastoriles con la inclusión eventual de suplementos. En tales sistemas, el consumo en pastoreo (generado en la interacción planta / animal) es el principal determinante de la respuesta animal. Los modelos matemáticos son una importante herramienta en la investigación de la temática tanto como para la comprensión de las interacciones entre distintos componentes como para la predicción de respuestas ante diversas condiciones de alimentación. La mayoría de los modelos pastoriles requieren información sobre el consumo y la calidad del alimento para predecir la respuesta productiva. Para la representación de un modelo de una empresa ganadera, es fundamental contar con un modelo matemático del consumo asociado a un modelo de respuesta productiva animal que respondan aceptablemente bajo condiciones prácticas. Sin embargo la calibración y la evaluación de dichos desarrollos no es fácil, ya que normalmente no se dispone de datos precisos individuales de consumo y calidad de la dieta en condiciones pastoriles, fundamentalmente vinculado a dificultades técnicas para sus mediciones. El objetivo de este trabajo fue, como parte de un proyecto combinado de investigación de campo y de modelación, desarrollar y evaluar un modelo dinámico de engorde bovino de base pastoril para la predicción del consumo y ganancia de peso vivo sometidos a diferentes asignaciones (g de alimento g de peso vivo⁻¹) de forraje y grano de maíz.

A partir de la selección y adaptación de diferentes componentes de la bibliografía, se desarrolló un modelo dinámico y determinístico un modelo del consumo asociado a un modelo de respuesta productiva animal. Paralelamente se realizaron dos ensayos (88 animales en total) donde se registraron el consumo individual de pasto y grano (mediante una combinación de marcadores basados en n-alkanos y ¹³C), además de la ganancia de peso vivo en animales en pastoreo libre con asignaciones crecientes de pasto y grano de maíz.

De la evaluación estadística realizada se puede concluir que el modelo en su estado actual de desarrollo puede reproducir con certeza aceptable la información de campo obtenida en un amplio rango de condiciones de pastoreo, incluyendo el uso circunstancial de grano de maíz.

**A model of a beef cattle pasture-based finishing system:
intake and live weight gain prediction**

Pastoral agriculture occupies around 20 % of the land surface of the globe, and is directly or indirectly responsible for meeting the economic and material needs of a substantial proportion of its human population. This importance is similar for Argentinean ruminant productive systems, which are primarily under grazing conditions. In such systems, herbage intake (originated in the plant / animal interface) is the main determinant of the animal response. Mathematical models has shown to be an important research tool both for understanding and prediction. Most animal grazing models require in advance measures or estimates of animal intake and feed quality to predict animal performance. An intake model linked to an animal performance model are the key components for whole-farm simulation. Model calibration and evaluation is not a straightforward issue as individual herbage and maize grain intake are not always readily available. The objective of this study was, as part of a combined field and modelling experimentation project, to develop and to evaluate a beef cattle finishing model for predicting herbage intake and animal performance under different herbage and maize grain allowances (g feed . g live weight⁻¹).

Different component from the literature were selected, adapted and calibrated to develop a dynamic and deterministic intake model linked to an animal performance model. Two grazing experiments were carried out (88 animals) where herbage intake, maize grain intake (n-alkane and ¹³C markers) and liveweight gains were individually recorded in free grazing beef cattle fed a combination of herbage allowances and maize grain allowances.

From the statistical evaluation can be concluded that the model in its present state of development can reproduce experimental information under a wide range of grazing conditions (including maize grain supplementation) with acceptable accuracy and without bias.

**Un modelo en ecuaciones diferenciales para describir la
dinámica de población del ácaro *Varroa destructor* en colonias
de
Apis mellifera.**

Maidana, Norberto Anibal(1). Benavente, Miguel Alberto(1).
Eguaras, Martín (1, 2).

(1) Universidad Nacional de Mar del Plata. (2) CONICET.
Funes 3350. 3er Nivel. Facultad de Cs Exactas y naturales. UNMDP
nmaidana@mdp.edu.ar

En este trabajo estudiamos la dinámica del ectoparásito Varroa Destructor, que es un vector de ciertos virus, como Deformed Wing Virus, que afecta a las abejas *Apis mellifera*. Las hembras adultas del Varroa Destructor permanecen sobre la abeja adulta (fase forética) hasta que encuentran crías de abejas disponibles, ocasión en que abandonan la abeja, introduciéndose en las celdas de crías unas horas antes de la operculación para reproducirse. Después de los 14 y 12 días de operculación de las celdas de zánganos y obreras respectivamente, las hembras del ácaro, ya fecundadas, emergen sobre la abeja desarrollada para recomenzar el ciclo. [3], [4], [5].

El hospedador originario del Varroa Destructor es la *Apis Cerana*, la cuál tiene mecanismos naturales de defensa, como por ejemplo, limpieza de las celdas de obreras, permitiendo así la coexistencia de las dos especies. En el caso de la *Apis mellifera*, es necesario el control del crecimiento poblacional del ácaro para evitar que alcance valores poblacionales que conlleven al colapso de la colmena.

El modelo propuesto en este trabajo para analizar este crecimiento es un sistema de ecuaciones diferenciales para la dinámica del ácaro que consta de tres categorías: la del ácaro en su fase forética y dos categorías que consideran a la cría del ácaro, según se desarrolle en las celdas de zánganos o en las celdas de obreras, cada una con sus propios parámetros, como por ejemplo la reproducción, el tiempo de desarrollo y la mortalidad emergente.

También existen diferencias en la elección de celdas, marcando una notoria preferencia por las celdas de zánganos, hasta alcanzar su capacidad de soporte debido a la limitación de alimento y espacio [5], [7], [8]. Teniendo en cuenta también que la cantidad de celdas de zánganos es aproximadamente un 4% de las celdas de obreras disponibles, la preferencia se ve condicionada a medida que se incrementa la población de ácaros [5].

Una función anual basada en datos empíricos, la cuál se puede adaptar sin dificultad a distintas regiones climáticas, indica la disponibilidad de celdas con crías de abeja aptas para la invasión de ácaros durante el año.

Este nuevo modelo, como otros precedentes [1], permite el estudio detallado de la dinámica en función a los parámetros esenciales del fenómeno biológico. Además se reproducen los resultados obtenidos en modelos anteriores, discretos [2], [3] y continuos con retardos [6].

Finalmente, se evalúa la eficacia de ciertas estrategias de control biológico, como el reemplazo de cuadros de zánganos, procurando

minimizar la necesidad de aplicar controles químicos para mantener la población de ácaros en niveles aceptables. Esto constituiría un aporte muy importante en países productores y exportadores de miel y sus derivados, que deben adaptar las técnicas de control a las rígidas normas internacionales sobre índices de contaminación.

El sistema de ecuaciones diferenciales para la dinámica del acaro es el siguiente:

$$\begin{aligned}\frac{dM}{dt} &= \gamma_1 D + \gamma_2 W - \mu M \\ \frac{dD}{dt} &= r_1 \phi(t) (1 - \varsigma(D)) M (1 - \frac{D}{K_1}) - \gamma_1 D - \mu_1 D \\ \frac{dW}{dt} &= r_2 \phi(t) \varsigma(D) M - \gamma_2 W - \mu_2 W.\end{aligned}$$

En este trabajo la función de elección de celda es:

$$\begin{aligned}\varsigma(D) &= \theta + \xi \frac{D}{K_1}. \\ \theta + \xi &= 1.\end{aligned}$$

Y la función anual de celdas disponibles:

$$\phi(t) = \sum_{i=0}^N \text{Exp}(-\alpha(t - 180 - i365)^2).$$

A model in differential equations to describe the mite *Varroa destructor* population dynamic in *Apis mellifera* colonies.

The aim of this work is describe the population dynamic of Varroa Destructor, a vector of naturally occurring honeybee viruses such as the deformed wing virus (DWV) [Martin, Medina]. The female of V. Destructor remain over the adult bee (phoretic stage), and as honey bee brood becomes available, the mites leaves de adult bees to reproduce inside the bee brood cells [3], which it invades just prior to it being capped [5]. After 14 and 12 days of drone and worker respective cells capped, the mite mother and her adult female progeny emerge over the developed bee to begin the life cycle once again [3], [4], [5].

The original host of V. Destructor is Apis Cerana, which have natural mechanism of defense, like removal of infested brood, limiting the growth of the mite population. This not occurs in Apis Mellifera, being necessary human control to avoid the hive collapse.

The model proposed in this work to analyses the mite increase is a system of differential equations for the mite dynamic with three categories: the phoretic stage of the mite and two categories considering the mite brood, in drone and worker cells, with their owns parameters, as reproduction, developed time and emergent mortality.

The mite show a preference to reproduce in drone cells, but soon become overcrowded as the mite population increase. This leads to inter-mite competition for limited food and space (the carrying capacity) [5],[7],[8]. The drone cells available, in this work, are approximately 4% of the worker cells.

A yearly function based in empiric data, which can be adapted to different climatic regions, represent the brood bee cells available to the mite invasion during the year.

This new model, like others of the same type [1] allow to study the dynamic details as functions of the important biological parameters. Otherwise, the model agree with the results in other models of Varroa Destructor used before, like discrete model [2] [3] and continuous with lags [6].

Finally, certain biological control strategy be evaluated as diminish the number of available drone cells, by replacing comb cells, to decrease the use of chemicals. This can be important for countries that produce and exports bee's honey, because they must be adapted to the rigid international norms.

The system of differential equation for the growth of the mite population is the following:

$$\begin{aligned}\frac{dM}{dt} &= \gamma_1 D + \gamma_2 W - \mu M \\ \frac{dD}{dt} &= r_1 \phi(t) (1 - \varsigma(D)) M (1 - \frac{D}{K_1}) - \gamma_1 D - \mu_1 D \\ \frac{dW}{dt} &= r_2 \phi(t) \varsigma(D) M - \gamma_2 W - \mu_2 W.\end{aligned}$$

In this work we take the preference function:

$$\begin{aligned}\varsigma(D) &= \theta + \xi \frac{D}{K_1}. \\ \theta + \xi &= 1.\end{aligned}$$

And a seasonal function which describe the laying rate as:

$$\phi(t) = \sum_{i=0}^N \text{Exp}(-\alpha(t - 180 - i365)^2).$$

Referencias

- [1] Tiemi Takahashi, L., Maidana, N.A., Castro Ferreira Jr., W., Petronio, P., Yang, H.M. (2005). Mathematical models for the Aedes aegypti dispersal dynamic: travelling waves by wings and wind. Bulletin of mathematical biology 67. 509-528.
- [2] Wilkinson, D., Smith, G.C. (2002). A model of the mite parasite, Varroa Destructor on Honeybees (Apis mellifera) to investigate parameters important to mite population growth. Ecological Modelling 148. 263-275.

- [3] Calis, J.N.M., Fries, I., Ryrie, S.C. (1999). Population modeling of *Varroa jacobsoni* Oud. *Apidologie* 30. 111-124.
- [4] Eguaras, M., del Hoyo, M., Ruffinengo, S. (1999). Varroasis en la Argentina. PRO-API Nº6.
- [5] Martin, S. (1998). A population model for the ectoparasitic mite *Varroa jacobsoni* in honey bee (*Apis mellifera*) colonies. *Ecological Modelling* 109. 267-281.
- [6] Fries, I., Camazine, S., Sneyd, J. (1994). Population dynamics of *Varroa jacobsoni*: a model and a review. *Bee world* 75. 4-28.
- [7] Eguaras, M. (1993). Variaciones en las tasas de reproducción del ácaro *Varroa Destructor* en colonias de *Apis Mellifera*. Tesis de Doctorado. Facultad de Cs. Exactas y Naturales. UNMDP.
- [8] Fuchs, S. (1992). Choice in *Varroa jacobsoni* Oud. between honey bee drone or workerbrood cells for reproduction. *Behav. Ecol. Sociobiol* 31. 429-435.

Ondas viajantes en un modelo que describe el mal de caderas en el carpincho (*Hydrochaeris hydrochaeris*) con presencia del vector.

Maidana, Norberto Anibal (1). Castro Ferreira Jr., Wilson (2)

(1) *Universidad Nacional de Mar del Plata.*

(2) *UNICAMP. Universidad Estadual de Campinas. Brasil.*

Funes 3350. 3er Nivel. Facultad de Cs Exactas y naturales. UNMDP
nmaidana@mdp.edu.ar

En este trabajo se estudia la dinámica del carpincho (*Hydrochaeris hydrochaeris*). En el modelo, propuesto por Silvio Pregnolato en [5], es considerada la presencia de la "mutuca" (Diptera: Tabanidae), vector transmisor de la enfermedad que provoca el mal de las caderas en el Estero del Ibera, Argentina. El estudio de este problema tiene importancia de carácter ecológico, así como económicos, pues puede utilizarse, por ejemplo, la carne del carpincho y la piel, siendo conveniente realizar una explotación adecuada del recurso. Un estudio sobre este aspecto fue realizado en [2].

El modelo consta de un Sistema de Ecuaciones Diferenciales Parciales de Reacción-Difusión y transporte, donde cuatro clases son estudiadas. Estas son los carpinchos susceptibles e infectados y los insectos portadores y no portadores. La dinámica está dada de la siguiente manera: un carpincho susceptible pasa a la clase de infectados al entrar en contacto con un insecto portador. Un insecto no portador pasa a la clase de portadores al entrar en contacto con un carpincho infectado. Esta es la forma de propagación de la enfermedad.

Se considera también las mortalidades del carpincho susceptible e infectado que puede estar dada por factores externos como predación, explotación, y la mortalidad por enfermedad. En los insectos se considera la misma mortalidad por causas externas. La dinámica de crecimiento de ambas especies está dada por una función Logística (Verhurst).

Se considera la locomoción intrínseca de cada especie, coeficiente de difusión, que es mayor en los insectos que en los carpinchos. No se considera locomoción en los carpinchos infectados por que la enfermedad afecta su movilidad.

Se determina primero un valor límite en función de los parámetros del modelo, obteniéndose una capacidad de soporte crítica para la propagación de la enfermedad o erradicación [10]. Dadas las condiciones analíticas de existencia de la enfermedad, se estudia la existencia de soluciones de ondas viajantes [3], [8], determinándose la velocidad mínima de propagación de la enfermedad en función de los parámetros de interés [1], [4], [9]. La solución con velocidad mínima es de interés, pues estable y entonces la que representa la dinámica del sistema [6], [7]. Se consideran velocidades independientes para los carpinchos susceptibles, insectos no portadores y para la enfermedad. Se discuten estrategias de control convenientes para disminuir la velocidad de propagación de la enfermedad, con el fin de controlarla.

**Travelling Waves in a Model describing “mal de las caderas”
in capybaras (*Hydrochaeris hydrochaeris*)
including the vector presence.**

The aim of this work is to describe the capybara (*Hydrochaeris hydrochaeris*) dynamic. The model, proposed by Silvio Pregnotatto in [5], considers the presence of the “Mutuca” (Diptera: Tabanidae), vector which transmit the disease called “mal de las caderas” in Estero del Ibera, Argentina. The study of this problem have ecological and economical importance: for example de meat and the hide of the capybara can be an exploitable resource. An analysis of a possible exploitation has been made in [2].

The model is a system of partial differential equation of reaction-diffusion and transport. Four classes are studied: susceptible capybaras, infected capybaras, infected insects and non-infected insects. The dynamic is as follows: a susceptible capybara moves into the infected class by contact with an infected insect. A non-infected insect moves into the infected class by contact with an infected capybara. This is how the disease spreads.

The mortality of the susceptible and infected capybaras are considered, and include external factors, such as predation, exploitation, or disease-related mortality. The mortality considered in the infected and non-infected insects is assume to be the same. The growth dynamic of both species is given by a logistic function.

The diffusion is considered in both species, and is greater for the insects than for capybaras. The diffusion in infected capybaras is not considered because the disease affects the capybara’s mobility.

At first, a threshold value is determined as a function of the model parameters, obtaining a critical carrying capacity for the disease propagation or eradication [10]. As the carrying capacity condition for the disease existence is satisfied, the existence of travelling wave solution is studied [3], [8]. Independent velocities are considered for the susceptible capybaras, the non-infected insect and the disease.

The minimum speed of the disease propagation for this model is obtained [1], [4], [9], because the travelling wave solution with minimum speed is stable and represent the dynamic of the system [6], [7]. Control strategies are discusses to decrease the minimum speed of propagation in function of the model parameters.

References

- [1] Tiemi Takahashi, L. Maidana, N.A., Castro Ferreira Jr., W. Petronio, P. Yang, H.M. (2005). Mathematical models for the *Aedes aegypti* dispersal dynamic: travelling waves by wings and wind. *Bulletin of mathematical biology* 67. 509-528.
- [2] Federico, P. Canziani, G.A. (2005). Modeling the population dynamic of capybara *Hydrochaeris hydrochaeris*: a first step towards a management plan. *Ecological Modelling* 186. 111-121.
- [3] Maidana, N.A. (2004). Algumas aplicações das ondas viajantes a fenômenos biológicos. Ph. D. Tesis. IMEC-UNICAMP, CAMPINAS, BRASIL.
- [4] Abramson, G. Kenkre, V.M. (2003) Traveling waves of infections in the Hantavirus Epidemic. *Bulletin of mathematical biology* 65. 519-534.

- [5] Pregolatto S. de A. (2002). O mal das cadeiras em capivaras: estudo, modelagem e simulcao deum caso. Ph. D. Tesis. BAE-UNICAMP, CAMPINAS, BRASIL.
- [6] Sandstede, B. (2002). Stability of travelling waves. In: Fiedler, B. (Ed), Handbook of Dynamical System II. Elsevier, Amsterdam, pp 983-1059.
- [7] Volpert, A.I., Volpert, V.A. (1994). Travelling Waves Solutions of Parabolic System. American Mathematical Society, Providence, RI.
- [8] Murray, J.D. (1989). Mathematical Biology. Springer-Verlag, Berlin.
- [9] Murray, J.D. Stanley , E.A. Brown, D.L. (1986). On the Spatial Spread of Rabies Foxes. Proc. R. Soc. Lond. B229. 111-150.
- [10] Anderson, R.M., Jackson, H.C., May, R.M., Smith, A. (1981). Population dynamic of fox rabies in Europe. Nature, Lond. vol. 289. 765-771.

Modelo para estimar el peso de hembras de *Prochilodus lineatus* Holmberg, 1880 (*Pisces, Prochilodontidae*)

Alberto Marcial Manlla (1); Geraldine Ramallo (2) y Dolores Regina Solbes (1)

Fac. de Agronomía y Zootecnia-Universidad Nacional de Tucumán (1) y Fundación Miguel Lillo (2)

Avenida Roca 1900 – San Miguel de Tucumán – Argentina

amanlla@hotmail.com

En la actividad pesquera el *peso* es una variable más importante que la *longitud*. Sin embargo, raramente se obtienen datos sobre el peso de los ejemplares capturados, por lo que, conocida la longitud del pez se hace necesario efectuar transformaciones para determinar el peso correspondiente.

El ajuste de un modelo matemático que relacione ambas variables permitirá contar con una herramienta analítica que oriente en la estimación del peso esperado en individuos de *Prochilodus lineatus* (n.v.: sábalo), una especie de particular interés por tratarse de la especie dominante en la Cuenca del Plata.

Con este modelo, será posible conocer el peso al primer desove para ajustar el tamaño de la malla pesquera, como también tener una aproximación del porcentaje de embande de las redes agalleras. Todo esto llevará a lograr una mejor estimación del volumen de captura para la planificación del uso de los recursos.

Para ajustar el modelo se realizaron cinco muestreos estacionales entre verano de 1998 y primavera de 1999. Se capturaron 480 ejemplares (hembras, machos y juveniles), de los cuales se registraron longitud, peso, sexo y además se calcularon indicadores de infección parasitaria.

En todos los casos hubo un buen ajuste lineal entre las dos variables, siendo mayor en primavera ($R^2 = 0,8677$) y menor en otoño ($R^2 = 0,6378$).

Los resultados obtenidos servirán para planificar posteriores investigaciones y eficientizar la actividad pesquera de la región.

Model to estimate weight of female *Prochilodus lineatus* Holmberg, 1880 (*Pisces, Prochilodontidae*)

In the fishing activity the weight is more important than the length. Nevertheless, not very often is information obtained on the weight of the captured specimens, for that reason, once the length of the fish is known, it is necessary to make transformations to determine the corresponding weight.

The adjustment of a mathematical model that relates both variables will allow to rely on an analytical tool that might orientate the estimated weight of the *Prochilodus lineatus* (n.v.: sábalo) individuals, a dominant species in the Cuenca del Plata.

With this model, it will be possible to know the weight of the first spawning so as to adjust the size of the fishing mesh and to have an approximation to the percentage of the 'embande' of the gill nets.

All this will enable us to obtain a better volume estimation of the catch for the future planning of resource usage.

To adjust the model, five seasonal samplings were carried out between the summer of 1998 and the spring of 1999.

480 specimens were caught (females, males and young). Their length, weight and sex were registered, and indicators of parasitic infection were calculated.

In all the cases, there was a good linear adjustment between both variables, being bigger in spring ($R^2 = 0,8677$) and smaller in autumn ($R^2 = 0,6378$).

The results obtained will serve to plan later investigations and improve the fishing activity of the region.

Modelo espacial de control de la mosca de la fruta usando técnica de esterilización de insectos en la primera región de Chile

Jaime Mena-Lorca¹ y José D. Flores²

¹ *Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Matemáticas, Grupo de Ecología Matemática*

² *The University of South Dakota, Department of Mathematics*

Se presenta un modelo matemático del control de la mosca de la fruta en la Primera Región de Chile usando la técnica de esterilización de insectos mediante irradiación. Se considera un modelo espacial en el marco de la teoría de metapoblaciones. Se usa un modelo mixto, continuo y discreto; se considera la introducción de moscas estériles (machos) en poblaciones locales, las cuales están reguladas por factores densos dependientes y por efecto Allee. Se estudian diferentes tipos de controles, se consideran los procesos migratorios hacia las regiones y las interacciones entre parches debido a las actividades socio-económicas de las poblaciones locales.

Spatial model for the fruit flies using the sterile insect technique in the northern region in Chile

We present a mathematical model to control the fruit flies in the first region of Chile using the Sterile Insect Technique (SIT). We consider a spatial model with a metapopulation framework. Our approach is a continuous and discrete mixed model introducing sterile individuals into the wild local population regulated by density-dependent factors and Allee effect. We study different types of controls considering the migrations into the region and the patches interrelations due to the social economical interaction.

Extensión de un modelo de difusión de partículas contaminantes a la superficie esférica.

Rosa María Méndez Parra
Facultad de Ciencias Básicas- Universidad del Quindío
rosamendez@uniquindio.edu.co

El trabajo es una extensión de un modelo de difusión, empleado por Meyer sobre la difusión de partículas contaminantes en medios planos. La extensión se hace para encontrar un modelo equivalente de difusión de tales partículas en la superficie esférica. El modelo propuesto por Meyer es:

$$\frac{\partial C(x, y, t)}{\partial t} = D \nabla^2 C - V(y) \frac{\partial C}{\partial x} - \sigma C + f(x, y, t)$$

$$(x, y) \in \Omega, \Omega \subseteq \mathbb{R}^2, t \in (0, T]$$

donde C es la concentración de las partículas; σ representa la tasa de degradación de las partículas (constante); $V = V(x; y; z; t)$ es un campo de velocidades, V tiene una componente nula en y , la otra componente en dirección de x ; depende de y ; D es el coeficiente de difusión (constante); $f(x; y; z; t)$ es una fuente neta de partículas.

Condiciones de frontera:

$$C|_{\Gamma_0} = 0. \quad \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_1} = 0. \quad \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_2} = kc.$$

Meyer propone una aplicación del modelo en mares costeros utilizando el siguiente modelo:

$$\frac{\partial C(x, y, t)}{\partial t} = \text{div}(D \nabla C - VC) - \sigma C + f(x, y, t)$$

$$(x, y) \in \Omega, \Omega \subseteq \mathbb{R}^2, t \in (0, T]$$

Condición inicial: $C(x, y, 0) = C_0(x, y)$

Condiciones de frontera:

$$\begin{aligned} 1 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_0} = g_0(x, y, t). \\ 2 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_1} = g_1(x, y, t). \\ 3 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_2} = qV_n C. \end{aligned}$$

Hipótesis del modelo en la superficie esférica:

1. D y el índice de reacción σ son considerados constantes.
2. La velocidad del fluido es variable.
3. El radio es 1.

Teniendo en cuenta lo anterior, el modelo bidimensional queda expresado como:

$$\begin{aligned}\frac{\partial C(\lambda, \phi, t)}{\partial t} &= D \left[\frac{1}{\cos^2 \phi} \left(\frac{\partial^2 C}{\partial \lambda^2} \right) + \frac{\partial^2 C}{\partial \phi^2} - \tan \phi \frac{\partial C}{\partial \phi} \right] \\ &\quad - \left[\frac{V_1}{\cos \phi} \frac{\partial C}{\partial \lambda} + V_2 \frac{\partial C}{\partial \phi} \right] - \sigma C + f(\lambda, \phi, t), \\ (\lambda, \phi) &\in \Omega, \Omega \subseteq S^2 \text{ y } t \in [0, T], \\ \Omega &= \phi_0 \cup \lambda_0 \cup \phi_1 \cup \lambda_1,\end{aligned}$$

Condición inicial:

$$C(\lambda, \phi, 0) = C_0(\lambda, \phi)$$

Condiciones de frontera:

$$\begin{aligned}1. \quad C|_{\phi_1} &= 0; & 2. \quad C|_{\lambda_1} &= 0; \\ 3. \quad \frac{\partial C}{\partial n}|_{\lambda_0} &= 0; & 4. \quad -\alpha \frac{\partial C}{\partial n}|_{\phi_0} &= kC.\end{aligned}$$

donde σ es directamente proporcional a la concentración del contaminante; la velocidad V de la corriente marina está dado por $V = (V_1(\lambda; \phi); V_2(\lambda; \phi))$; f es una fuente neta de partículas.

Las condiciones indican que las fronteras en λ_1 y ϕ_1 están muy lejos de la región, por lo que es probable que no alcanzarán a difundirse partículas contaminantes. La condición en λ_0 expresa que si la velocidad de la corriente marina va en esa dirección, no habrá difusión de contaminante en dirección opuesta a dicha velocidad. Finalmente, la condición de frontera en ϕ_0 nos indica que el paso de contaminante es proporcional a la cantidad de contaminante presente.

Se hizo un análisis del modelo obtenido haciendo simulaciones para los modelos cartesianos y esféricos.

Extension of a model of diffusion of particles pollutants to the spherical surface.

The work is an extension of a diffusion model, used by the Doctor Meyer, (Brazil), on the diffusion of polluting particles in plane regions. The extension it is made to find an equivalent model, in the spherical surface, the diffusion of such particles.

Pattern used by Meyer is

$$\begin{aligned}\frac{\partial C(x, y, t)}{\partial t} &= D \nabla^2 C - V(y) \frac{\partial C}{\partial x} - \sigma C + f(x, y, t) \\ (x, y) &\in \Omega, \Omega \subseteq R^2, t \in (0, T],\end{aligned}$$

where C it is the concentration of the particles; σ represents the rate of degradation of the particles (constant); $V = V(x; y; z; t)$: it is a field of speeds, V it has a null component in y , the other component in address of x ; it depends of y ; D is the diffusion coefficient (constant); $f(x; z; t)$ is a net source of particles;

Frontier conditions:

$$C|_{\Gamma_0} = 0. \quad \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_1} = 0. \quad \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_2} = kc.$$

Meyer, also makes an application of the pattern in coastal seas. For this case, Meyer uses the following model:

$$\frac{\partial C(x, y, t)}{\partial t} = \operatorname{div}(D \nabla C - VC) - \sigma C + f(x, y, t)$$

$$(x, y) \in \Omega, \Omega \subseteq R^2, t \in (0, T]$$

Initial condition:

$$C(x, y, 0) = C_0(x, y)$$

Frontier conditions:

$$\begin{aligned} 1 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_0} = g_0(x, y, t). \\ 2 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_1} = g_1(x, y, t). \\ 3 \quad & -D \frac{\partial C}{\partial \eta}|_{\Gamma_2} = qV_n C. \end{aligned}$$

Hypotheses for the model in the spherical surface:

1. D and σ are considered constant
2. the speed V of the fluid takes as variable.
3. the radius is 1

Keeping in mind the above-mentioned, the bi-dimensional pattern is expressed as:

$$\begin{aligned} \frac{\partial C(\lambda, \phi, t)}{\partial t} &= D \left[\frac{1}{\cos^2 \phi} \left(\frac{\partial^2 C}{\partial \lambda^2} \right) + \frac{\partial^2 C}{\partial \phi^2} - \tan \phi \frac{\partial C}{\partial \phi} \right] \\ &\quad - \left[\frac{V_1}{\cos \phi} \frac{\partial C}{\partial \lambda} + V_2 \frac{\partial C}{\partial \phi} \right] - \sigma C + f(\lambda, \phi, t), \\ (\lambda, \phi) &\in \Omega, \Omega \subseteq S^2 \text{ y } t \in [0, T], \\ \Omega &= \phi_0 \cup \lambda_0 \cup \phi_1 \cup \lambda_1, \end{aligned}$$

where:

σ it is directly proportional to the concentration of the pollutant; the speed V of the marine fluid is given for: $V = (V_1(\lambda; \phi); V_2(\lambda; \phi))$; f is a net source of particles.

Initial condition:

$$C(\lambda, \phi, 0) = C_0(\lambda, \phi)$$

Conditions of frontier:

$$\begin{aligned} 1. \quad & C|_{\phi_1} = 0; \quad 2. \quad C|_{\lambda_1} = 0; \\ 3. \quad & \frac{\partial C}{\partial n}|_{\lambda_0} = 0; \quad 4. \quad -\alpha \frac{\partial C}{\partial n}|_{\phi_0} = kC. \end{aligned}$$

These conditions means that the frontiers in ϕ_1 and λ_1 ; they are very far from the region, for that that somewhere around wont reach to spread

particles. The condition in λ_0 ; expressed that if the speed of the marine fluid, goes in that address, there wont be difusion of pollutant, in opposed address to this speed; finally, ϕ_0 it indicates us that the pollutant step, is proportional to the quantity of present pollutant.

An analysis of the obtained pattern was made making simulations for the Cartesian and spherical models.

Referencias

- [1] J.D. Murray. Mathematical Biology. Second Edition. Springer (1991)
- [2] Cranck, J. The Mathematics of Difusión. Oxford at the Clarendon Press. 1964
- [3] Edelstein-Keshet. Mathematical Models in Biology. Mc Graw -Hill (1988)
- [4] Pita Ruiz, C. Cálculo Vectorial. Prentice Hall. México. 1995
- [5] Richmond B. McQuistan. Campos Escalares y Vectoriales.
- [6] Meyer J.F.C.A. Modelos Matemáticos de Impacto Ambiental: una visao introductoria. [7] Departamento de Física Aplicada III. Sistemas de Coordenadas Ortogonales. Universidad de Sevilla. 2003/2004

Comparación de Enfoques de Aprendizaje Supervisados para la Detección Temprana de Áreas Invasidas por Paraíso (*Melia azedarach*) en Imágenes Landsat ETM del Parque Nacional El Palmar

Priscilla Minotti¹, Anal Scopel², Diana Stuart Sinton^{2,3} y Fernando Ruiz Selmo²

¹ Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad CAECE, Buenos Aires, Argentina, Av. De Mayo 866, (1084) Buenos Aires, Argentina, pminotti@caece.edu.ar

² IFEVA, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

³ GIS Program, National Institute for Technology & Liberal Education, Middlebury, Vermont USA

El Parque Nacional El Palmar (PNEP) es un relicto de 8400 Ha de sabanas templadas de la palmera *Butia yatay* con serios problemas de conservación debidos a la invasión de varias especies de leñosas exóticas, entre las cuales se destaca el Paraíso (*Melia azedarach*). En este trabajo, evaluamos la capacidad de detección del estado de invasión por paraíso en imágenes Landsat ETM, usando enfoques de aprendizaje automático supervisado cuya aplicación en teledetección de invasiones biológicas es aún incipiente.

Se compilaron posiciones de muestras de vegetación obtenidas con GPS no diferencial considerando tres estados: sin invasión; invasión incipiente e invadida. Se utilizaron dos imágenes Landsat ETM de épocas contrastantes (invierno 2000 y verano 2001) calibradas radiométrica y geométricamente, extrayéndose los valores espectrales de la ventana de 3x3 píxeles correspondientes a la ubicación de la muestra. Se evaluaron cinco inductores de clasificación -Bayes ingenuo, k-vecinos más cercanos (k-nn), árboles de decisión con J48, reglas de decisión con JRip, y red neuronal con arquitectura de perceptrón de tres capas con retropropagación- utilizando curvas ROC, matrices de confusión, tasa total de aciertos positivos y tasa total de falsos positivos.

El estado de invasión pudo ser detectado por las siguientes variables: diferencia entre fechas de las reflectividades en el infrarrojo cercano y en valores de los índices NDVI, SAVI y NDWI; reflectancia de verano en el azul y reflectancia en invierno en el infrarrojo medio (banda 5). Las clases invadida y sin invasión son fácilmente identificables por todos los métodos analizados, con valores de performance superiores al 70%. La invasión incipiente, en cambio, fue detectada con errores razonables por k-nn (con un vecino más cercano) y en menor medida por la red neuronal propuesta. La aplicación de k-nn para clasificación supervisada de imágenes satelitales es muy promisorio ya que es de fácil implementación para el monitoreo semestral y también de interpretación conceptual para los administradores del PNEP.

Comparison of Supervised Learning Approaches to Detect Early Landscape Invasion of Chinaberry Trees (*Melia*

***azedarach*) in El Palmar National Park Using ETM Landsat images**

El Palmar National Park (EPNP) is a 8400 Ha relict of temperate savannas of *Butia yatay* palms with serious conservation threats due to exotic woody expansion, mainly produced by chinaberry (*Melia azedarach*). In this presentation we assess the ability of several supervised machine learning approaches to detect the stage of invasion from Landsat ETM spectral data.

Data were compiled from non-differential GPS located vegetation samples, which were classified as not-invaded, incipient and established, according to the presence and relative age of *Melia* trees. Spectral data for these locations were extracted from two Landsat ETM radiometric and geometrically calibrated images, corresponding to winter 2000 and summer 2001. A 3x3 pixel window was used to reduce the effect of positional errors. Five different learning approaches were used: Naive Bayes, k-nearest neighbors (k-nn), C4.5 decision trees, Jrip rules, and a backpropagation thrilayered perceptron neural net. Performance was evaluated using ROC curves, confusion matrices, total positive rate and total false positive rate.

The following variables resulted selected as indicators of invasion stage: summer-winter differences in the near infrared spectral reflectance, NDVI, SAVI and NDWI; summer reflectance in the blue region, and winter reflectance in the middle infrared. Not-invaded and established stages could be identified by all methods with greater than 70% confidence. The incipient stage instead, which is the most critical in terms of park management decisions, was detected with acceptable performance only by 1-nn and neural nets with very long training periods. The use of k-nn as classification algorithm in satellite image processing looks promising because it is both easy to implement for semestral monitoring, and to interpret conceptually by park managers.

Refúgios Espaciais e Movimento Orientado em um Modelo Parasitóide-Hospedeiro

Diomar Cristina Mistro¹, Maria Cristina Varriale² e Veraci Lúcia Grings²

¹*Departamento de Matemática, UFSM*

Santa Maria, RS, Brasil

dcmistro@smail.ufsm.br

²*Instituto de Matemática, UFRGS*

Porto Alegre, RS, Brasil

cris@mat.ufrgs.br

Uma questão fundamental em Ecologia é a coexistência de espécies. Sabe-se que em meios homogêneos, as populações de parasitóides e hospedeiros com gerações discretas, descritas pelo modelo de Nicholson-Bailey, não apresentam persistência, freqüentemente observada na natureza. Um sistema parasitóide-hospedeiro, descrito por este modelo, apresentará oscilações divergentes que conduzem à extinção global. Em meios heterogêneos, entretanto, a dispersão difusiva tem um efeito estabilizante e conduz à coexistência das espécies para tempos suficientemente grandes (Hassell et al., 1991).

Refúgios espaciais que representam locais físicos nos quais uma fração da população dos hospedeiros pode recolher-se para proteger-se dos parasitóides. Os refúgios servem como sítios de preservação de espécies vulneráveis que, de outra maneira, poderiam tornar-se extintas. Tais sítios também beneficiam indiretamente as espécies parasitóides, uma vez que uma reposição maior de hospedeiros nas áreas desprotegidas, garante uma fonte constante de alimento. Além da questão dos refúgios espaciais, outro ponto importante é o da taxia dos parasitóides. Grande parte dos modelos, na literatura da área, consideram que os parasitóides procuram por seus hospedeiros aleatoriamente. Sabe-se, entretanto, que parasitas tendem a se agregar nas regiões de maior concentração de hospedeiros, o que invalida, portanto, a hipótese de procura aleatória de presas.

Neste trabalho, consideramos um modelo de reticulado de mapas acoplados, no qual os indivíduos de ambas as populações se movimentam em um domínio bidimensional. Através destes modelos analisamos os efeitos de refúgios espaciais para os hospedeiros e da movimentação direcionada dos parasitóides, sobre a dinâmica parasitóide-hospedeiro de Nicholson-Bailey.

The Role of Spatial Refuge and Oriented Movement on the Host-Parasitoid Model

A very important question in Ecology is the coexistence of species. In homogeneous habitats, the nontrivial equilibrium of discrete Nicholson-Bailey model is never stable. However, when individuals are allowed to disperse to neighboring patches, the host and parasitoid populations can persist together (Hassell et al., 1991).

Spatial refuges are sites where a fraction of hosts may hide and be protected against the parasitoid. Spatial refuges operate as preservation sites for vulnerable species, that otherwise could go to extinction. Another

important question is the taxis of parasitoid related to the host individuals. Though most models consider that parasitoid individuals search their hosts randomly, it is known that parasitoid populations tend to group in regions of higher concentrations of hosts.

In this work, we analyze the impact of spatial refuges and taxis movement in host-parasitoid systems. Based on a coupled map lattice model, we investigate the effects of habitat fragmentation induced by the refuges, considering spatial variations of the parasitoid efficiency, and heterogeneous spatial pattern originated from taxis movement.

Keywords - Host-Parasitoid systems, spatial refuges, taxis.

Reference

- HASSELL, M. P.; COMINS, H. N.; MAY, R. M. Spatial Structure and Chaos in Insect Populations Dynamics. *Nature, Lond.*, V.353, 1991. P.255-258.

La dinámica del seston en la laguna de Chascomús (Argentina) y su relación con el oxígeno disuelto

Fernando Momo¹, Horacio Zagarese² y Emma Ferrero³

5. *Universidad Nacional de General Sarmiento. Instituto de Ciencias. J.M. Gutierrez 1150, B1613GSX, Los Polvorines, Argentina.*

6. *CONICET-INTECH. Chascomús, Argentina.*

7. *Universidad Nacional de Luján. Argentina.*

fmomo@ungs.edu.ar

La de Chascomús es la laguna de mayor extensión del sistema de las encadenadas de la provincia de Buenos Aires (Argentina), con una superficie de 3044 ha., un largo de 15 km y un ancho de 5 km, su profundidad media es de 1,52 m y la máxima es de 2,50 m. El fondo es de limo, arcilla limosa y arena limosa y alberga una gran variedad de peces de interés comercial. Muchos de estos peces se ven amenazados por las crisis anóxicas que sufre la laguna en épocas de alta temperatura y lluvias escasas. Estudios anteriores han demostrado una estrecha asociación entre la concentración de oxígeno disuelto y la cantidad de material en suspensión (seston), que incluye organismos vivos, materia orgánica muerta y materia inorgánica.

Se elaboró un modelo matemático de la dinámica del seston en la laguna. El modelo se parametrizó con los datos existentes y a partir de la correlación negativa conocida entre seston y oxígeno disuelto, se realizó una predicción de esta última variable.

Se planteó la dinámica del seston como gobernada por una ecuación diferencial sencilla con una tasa de crecimiento (fundamentalmente relacionada con el crecimiento de las algas) dependiente de la temperatura y la luz, y una tasa de mortalidad/descomposición correlacionada con la temperatura. Tanto la temperatura como la luz son variables periódicas a lo largo del año. La tasa de crecimiento se consideró asintótica para tener en cuenta el efecto de saturación de la fotosíntesis con la luz. La ecuación diferencial es:

$$\frac{ds}{dt} = \left[(B \sin t + k_0) (1 - e^{-k_1 \sin t}) - C \sin t - q_0 \right] \cdot s$$

y su solución:

$$\ln(s) = (C - B) \cos t + (k_0 - q_0) \cdot t + \frac{e^{-k_1 \sin t}}{\cos t} \left(\frac{B}{k_1} \sin t + \frac{k_0}{k_1} \right) + E.$$

El modelo tiene un punto de equilibrio que fluctúa a lo largo del año según van cambiando las variables forzantes (temperatura y luz).

Se logra un ajuste muy bueno a los datos y, prediciendo la concentración de oxígeno disuelto a partir del valor del seston, también se consigue un ajuste muy bueno a los valores observados.

Este modelo permitiría estimar el riesgo de crisis anóxicas en la laguna y así tomar medidas de prevención.

The dynamics of seston in the Chascomús lagoon (Argentina) and its relationships with dissolved oxygen

The lagoon of Chascomús is the largest one pertaining to the "Linked Lagoons" of the province of Buenos Aires (Argentina); it has a surface of 3044 ha, a length of 15 km and a wide of 5 km; its average depth is 1.52 m and its maximum depth is 2.50 m. The lagoon bottom is composed of muddy clay and muddy sand, and lodges a great variety of fish of commercial interest. Many of these fish are affected by periodic anoxic crises that occur in association with high temperatures and low rain. Previous studies have demonstrated a strong association between dissolved oxygen (DO) concentration and the amount of suspended matter (seston). Seston includes live organisms, dead organic matter and inorganic matter. We present here a mathematical model of the seston dynamics. The model was parametrised with existing data and a DO prediction was made taking into account the negative correlation between seston and DO.

We consider that seston dynamics can be represented by a differential equation including a growth rate (algae growth) related to light and temperature, and a mortality/decomposition rate correlated with temperature only:

$$\frac{ds}{dt} = \left[(B \sin t + k_0) (1 - e^{-k_1 \sin t}) - C \sin t - q_0 \right] \cdot s$$

Temperature and light are periodic variables throughout the year. The growth rate is considered asymptotic with light.

The solution of the equation is:

$$\ln(s) = (C - B) \cos t + (k_0 - q_0) \cdot t + \frac{e^{-k_1 \sin t}}{\cos t} \left(\frac{B}{k_1} \sin t + \frac{k_0}{k_1} \right) + E$$

The model has an equilibrium point that fluctuates throughout the year following the forcing variables (temperature and light). The model fits very well to experimental data of seston and DO. This model can help us to predict anoxic crises and to predict them.

Dinámica poblacional del *Aedes aegypti*: Modelo estocástico y determinista aplicados a una ciudad de clima templado

Marcelo Otero y Hernán Solari(1) Nicolás Schweigmann(2)

(1).Departamento de Física, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Universidad de Buenos Aires.

(2).Departamento de Genética y Ecología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Universidad de Buenos Aires.

mjotero@df.uba.ar

El *Aedes aegypti* es el principal vector del Dengue y la Fiebre Amarilla Urbana. Está extendido mundialmente, no solo en regiones tropicales sino también más allá, alcanzando regiones de clima templado. Debido a su importancia como vector de enfermedades, la significancia de su distribución en áreas urbanas y la posibilidad de cría en laboratorio, es el *Aedes aegypti* uno de los mosquitos más conocidos y estudiados. En este trabajo se desarrolló un modelo estocástico de dinámica poblacional, basado en la biología del *Aedes aegypti*, capaz de estudiar y modelar situaciones de extinción total y endemia e incorporando en forma explícita la dependencia con la temperatura. Los parámetros ecológicos del modelo fueron sintonizados a las poblaciones presentes de *Aedes aegypti* en la ciudad de Buenos Aires, la cual se encuentra actualmente en el borde de la distribución geográfica del mosquito en América del Sud. El modelo permite describir la variación estacional de las poblaciones de mosquitos adultos y sus estadios inmaduros, y permite el cálculo de umbrales de extinción / supervivencia del mosquito basados en la temperatura media anual, la amplitud térmica anual y la disponibilidad de sitios de cría. En este trabajo se analizan los umbrales de extinción predichos por el modelo estocástico para distinta disponibilidad de sitios de cría y se comparan con resultados del modelo determinista asociado.

Palabras clave: Ecología Matemática, Dinámica Poblacional, Dinámica Estocástica.

Population dynamics of *Aedes aegypti*: stochastic and deterministic model applied to a city with temperate climate.

Aedes aegypti is the main vector for Dengue and Urban Yellow Fever. It is extended around the world not only in the tropical regions but also beyond them, reaching temperate climates. Because of its importance as a vector of deadly diseases, the significance of its distribution in urban areas and the possibility of breeding in laboratory facilities, *Aedes aegypti* is one of the best-known mosquitoes. In this work the biology of *Aedes aegypti* is incorporated into the framework of a stochastic population dynamic model able to describe the seasonal changes of the mosquito populations and handle seasonal and total extinction as well as endemic situations. The model incorporates explicitly the dependence with temperature. The ecological parameters of the model are tuned to the present populations of *Aedes aegypti* in Buenos Aires city, which is at the border of the present-

days geographical distribution in America. Temperature thresholds for the mosquito survival are computed as a function of average yearly temperature and seasonal variation as well as breeding site availability. We analyze the stochastic thresholds and compare these results with those predicted by the associated deterministic model.

Keywords: Mathematical Ecology, Population Dynamics, Stochastic Dynamics

Aproximación y simulación de un modelo de dispersión de contaminantes en superficies esféricas

Carmen Alicia Ramírez Bernate¹, Geraldo Lúcio Diniz²

¹ *Maestría en Biomatemáticas, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Quindío
Carrera 15 Calle 12 Norte A.A. 460 – Armenia, Quindío, Colombia.*

aliciarb@uniquindio.edu.co

² *Mathematics Department, ICET, Federal University at Mato Grosso
Av. Fernando Correa, 78.060-900 – Cuiabá/MT, Brazil*

gerald@cpd.ufmt.br

En este trabajo, presentamos una aproximación y simulación del proceso evolutivo de la dispersión de contaminantes en superficies esféricas. El código numérico para la simulación es hecho por el método de elementos finitos (MEF). En el modelo, consideramos el proceso de la difusión, el fenómeno de transporte por el medio, el decaimiento en sentido global y un término de fuente. Para la clásica ecuación de difusión-reacción obtuvimos la formulación débil en el sentido de aplicar el método de elementos finitos. Los autores creen que la importancia del trabajo desarrollado conduce a su uso potencial en procesos de medio ambiente para la definición de estrategias evaluativas, preventivas y de limpieza.

Palabras Claves: Aproximación Numérica, Simulación Computacional, Dispersión, Método de Elementos Finitos, Superficie Esférica.

Approximation and simulation for a model of pollutant dispersal in spherical surfaces

In this paper, we present an approach and simulation of evolutionary process of pollutant dispersal on spherical surfaces. The numerical code of simulations is made by finite elements method (FEM). In the model, we consider the diffusion process, the transport phenomena by the mean, the decay in global sense and a source term. For the classical diffusion-reaction equation we obtained the weak formulation in the sense of applying the finite elements method.

This model is being studied by group of Phenomena Modelling of Macroscopic Diffusion in the Master of Biomathematics program at the University of Quindío, Colombia. The authors believe that the relevance of the developed work lies in its potential use in environmental assessment processes for the definition of evaluative, preventive and clean-up strategies.

Keywords— Numerical Approximation, Computational Simulation, Dispersion, Finite Elements Method, Spherical Surface.

Um modelo em elementos finitos com estrutura de idade para a dinâmica da população das cracas intertidais

A. P. C. RIO DOCE¹, R. C. ALMEIDA², M. I. S. COSTA³

¹Programa de pós-graduação em modelagem computacional

²Coordenação de mecânica computacional

³Coordenação de sistemas e controle

Laboratório nacional de computação científica

Av. getúlio vargas 333, petrópolis, rj, brasil, cep: 25651-075

rियोdoce@lncc.br, rcca@lncc.br y michel@lncc.br

A maioria das espécies marinha tem um ciclo de vida complexo onde a fase adulta é precedida por uma fase larval planctônica que vive e se alimenta nas águas costeiras durante poucos dias até alguns meses, dependendo da espécie [1]. A dinâmica da fase adulta é fortemente influenciada por processos de transporte (advecção e difusão turbulenta) na coluna d'água que afeta as larvas planctônicas (estágios de pré-competência e competência). O valor biológico de reconhecer a correlação entre os processos de transporte na água e o recrutamento costeiro motiva o desenvolvimento de modelos para a dinâmica populacional destes organismos que combinem processos oceanográficos e biológicos.

No trabalho apresentado por Roughgarden et al. [1], e estendido posteriormente em [2, 3], a dinâmica populacional de um organismo marinho que habita a zona intertidal rochosa da Califórnia Central (*Balanus glandula*) foi modelada levando-se em consideração os eventos de ressurgência na região. Eles usaram um modelo numérico em diferenças finitas clássico, em uma e duas dimensões, para resolver o problema. Mais recentemente, Gaylor and Gaines [4] estenderam o modelo [1] introduzindo, no modelo bidimensional em diferenças finitas, quatro simples representações de padrões de circulação oceânica associadas à fronteiras biogeográficas. Eles também incluíram dois novos estágios de vida no modelo.

Neste trabalho, os processos oceanográficos são acoplados a um modelo em elementos finitos com estrutura de idade para a craca *Balanus glandula*. Além dos estágios larvais de competência e pré-competência, o modelo com estrutura de idade inclui os estágios juvenil (não reprodutor) e adulto reprodutor. O modelo bidimensional em elementos finitos proposto para resolver este problema é um próximo passo para combinar os modelos de dinâmica populacional aos modelos de circulação. Além de introduzir um ciclo de vida mais realista, este modelo usa um método de elementos finitos preciso e estável para problemas de reação-convecção-difusão. Esta metodologia permite flexibilidade em lidar com domínios complexos, condições de contorno e é facilmente combinada com os procedimentos adaptativos da malha. A partir de dados discretos sobre o campo real de velocidades, neste trabalho também desenvolvemos uma metodologia consistente para a representação deste campo no domínio, o qual é assimilado ao modelo de transporte previamente desenvolvido [5]. Estas características permitem investigar como a população de cracas pode responder a uma variedade de mudanças físicas no ambiente. Muitos cenários são simulados a fim de demonstrar as características do modelo (escoamento, transporte de larvas e dinâmica dos adultos).

An age-structured finite element model for the population dynamics of intertidal barnacles

The majority of marine species have a complex life cycle where the adult phase is preceded by a planktonic larval phase that lives and feeds in the coastal waters for a few days to a few months, depending on the species [1]. The dynamics of the adult phase is strongly influenced by the transport processes (advection and eddy diffusion) in the water column that affect the planktonic larvae (pre-competency and competency stages). The biological value of recognizing the correlation between transport processes in the water and coastal recruitment motivates the development of models for the population dynamics, which combine oceanographic and biological processes.

In the work presented by Roughgarden et al. [1], and extended later in [2, 3], the population dynamics of a marine organism that inhabits the rocky intertidal zone of central California (*Balanus glandula*) was modeled taking into account the upwelling event in the region. They used an one- and two-dimensional standard finite difference numerical model to solve the problem. More recently, Gaylor and Gaines [4] extended that work introducing in the two-dimensional finite-difference model four simple representations of circulation patterns associated with biogeographic boundaries. They also included two additional age stages in the model.

In this work, the oceanographic processes are coupled with an age-structured finite element model for barnacle *Balanus glandula*. Besides the larval competency and pre-competency stages, the age-structured model includes the non-reproducing juveniles and reproducing adults stages. The two-dimensional finite element model proposed to solve this problem is a next step toward linking populational dynamics models to numerical circulation models. Besides introducing a more realistic life cycle, it uses an accurate and stable finite element method for reaction-convection-diffusion problems that allows flexibility in dealing with complex domains, boundary conditions and it is easily combined with an adaptive mesh procedure. From discrete data on the real velocity field, in this work also we develop a consistent methodology for the representation of this field in the domain, which is assimilated to the transport model previously developed [5]. These features allow investigating how barnacle population might respond to a variety of physical changes in the environment. Many scenarios are simulated in order to demonstrate the features of the model (i. e., flow, larval transport and adults dynamics).

Referencias

- [1] J. Roughgarden, S. D. Gaines and H. P. Possingham, "Recruitment Dynamics in Complex Life Cycles", *Science*, v.241, p.1460-1466, 1988.
- [2] H. P. Possingham and J. Roughgarden, "Spatial population dynamics of a marine organism with a complex life cycle", *Ecology*, v.71(3), p. 973-985, 1990.
- [3] S. E. Alexander and J. Roughgarden, "Larval transport and population dynamics of intertidal barnacles: a coupled benthic/oceanic model", *Ecological Monographs*, v.66(3), p.259-275, 1996.

- [4] B. Gaylord and S. D. Gaines, "Temperature or Transport? Range limits in marine species mediated solely by flow", *The American Naturalist*, v.155(6), p.769-789, 2000.
- [5] A. P. C. Rio Doce, R. C. Almeida and M. I. S. Costa, "Um modelo em elementos finitos para a dinâmica da população de um organismo marinho", *In XXVI Iberian Latin American Congress on Computational Methods in Engineering*, 2005, Guarapari, ES, Brasil. Proceedings of the XXVI CILANCE (CD-Rom), 2005 (to appear).

Respuestas demográficas a la temperatura de cladóceros coexistentes: un experimento de respuesta de tabla de vida

Rodrigo Ramos-Jiliberto y Adriana Aránguiz-Acuña

*Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile
Casilla 653, Santiago, Chile*

El zooplancton de agua dulce es a menudo expuesto a severos cambios de condiciones bióticas y abióticas que definen su desempeño individual y poblacional. El objetivo de este estudio es indagar los efectos de la temperatura en la demografía de la fauna cladóceras de un lago templado en la zona central de Chile (El Plateado). Se utilizó un acercamiento de experimento de respuesta de tabla de vida (LTRE) para estimar las respuestas demográficas de cuatro especies *Daphnia ambigua*, *Ceriodaphnia dubia*, *Diaphanosoma chilensis* y *Moina micrura* cultivadas bajo diferentes temperaturas constantes cubriendo su rango ambiental. Para ello, a partir de tablas de vida individuales se estimaron matrices poblacionales edad-estructuradas, que posteriormente fueron reducidas mediante una transformación-z (análogo discreto de la transformada de Laplace) del grafo de ciclo de vida, a matrices de dos estados, lo que permite explicitar el parámetro de edad a la primera reproducción, junto a los de sobrevivencia juvenil, sobrevivencia adulta y fertilidad promedio. Se calculó la contribución de estos parámetros a la tasa de crecimiento poblacional para los cuatro tratamientos, y se estimaron intervalos de confianza para cada contribución mediante un re-muestreo bootstrap.

Nuestros resultados sugieren que, en general para las cuatro especies estudiadas, cuando la temperatura disminuye, la consecuente disminución del crecimiento poblacional es fundamentalmente dirigida por un retraso en la edad de primera madurez y secundariamente por fertilidades reducidas. Estos efectos no son compensados por la leve contribución positiva de una alta sobrevivencia adulta, mientras que la sobrevivencia juvenil no representa ninguna contribución significativa a los cambios en crecimiento.

Demographic responses to temperature of coexisting cladocerans: a life-table response experiment

Freshwater zooplankton is often exposed to severe changes of biotic and abiotic conditions in their natural habitats which defines its individual as well as its population performance. In this work we are interested in the effects of temperature on the demography of the cladoceran fauna of a Chilean temperate lake (lake El Plateado). It was used a life-table response experiment (LTRE) approach to estimate the demographic responses of four species: *Daphnia ambigua*, *Ceriodaphnia dubia*, *Diaphanosoma chilensis* and *Moina micrura* cultured below four different temperatures (treatments) along their environmental range. For this, with individual life-tables were estimated population age-structured matrices, which were reduced by a z-transformation of life-cycle graph to two stages-matrices, what to make explicit the age of first reproduction parameter, with those of juvenile survival, adult survival and mean fertility. It was calculated the contribution

of these parameters to population growth rate for four treatments, and were estimated confidence intervals for each contribution by a bootstrap re-sample.

Our results suggest that, for four analyzed species, when temperature decrease, the consequent decrease of population growth is mainly driven by a delayed age maturity and, secondarily by reduced fertilities. These effects are not overwhelmed by the slight positive contribution of a high adult survival, while the juvenile survival does not represents any significant contribution to growth changes.

Modelando el efecto Allee: derivaciones alternativas siguiendo razonamientos biológicos

Rodrigo Ramos-Jiliberto¹, Eduardo González-Olivares² y Betsabé González-Yañez²

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile
Casilla 653, Santiago, Chile, roramos@uchile.cl

²Grupo Ecología Matemática, Instituto de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Casilla 4950, Valparaíso, Chile. ejgonzal@ucv.cl, betsabe.gonzalez@ucv.cl

El *efecto Allee* se refiere al decrecimiento en el fitness individual cuando el tamaño poblacional decrece a bajos niveles [16 y referencias allí señaladas]. Este fenómeno es llamado también *dependencia* [3, 6, 11], o *efecto de competición negativa* [19]. En años recientes ha habido un creciente interés por este efecto entre ecólogos, biólogos evolucionistas y conservacionistas, debido principalmente a su aparente ubicuidad en la naturaleza y también a que las predicciones teóricas sobre poblaciones sujetas al efecto Allee incluyen umbrales de extinción y múltiples dominios de atracción [2, 6, 8, 11, 16]. Muchos modelos han sido construidos para representar el efecto Allee, los cuales pueden ser clasificados entre aquellos que imitan la llamada denso-dependencia "inversa" a través de una función de crecimiento dada, y aquellos que especifican un mecanismo causante del efecto Allee. Dentro de la última clase de modelos, la mayor parte está dirigida hacia la disminución de la probabilidad de apareamiento como mecanismo causante del efecto Allee [2].

El objetivo de nuestro trabajo es proporcionar una derivación biológica de modelos en tiempo continuo para una población sujeta al efecto Allee, y especificar criterios matemáticos simples para comprender los resultados dinámicos esperados de los modelos aquí presentados y otros ya en uso. Puesto que trabajos anteriores se han focalizado en modelos sobre la probabilidad de apareamiento, aquí presentaremos derivaciones de modelos poblacionales donde los principales mecanismos responsables del efecto Allee están relacionados con el decrecimiento de las respuestas funcional y numérica cuando el tamaño de la población disminuye a muy bajos niveles.

El modelo más simple que considera el efecto Allee es la ecuación derivada de la ecuación de crecimiento logístico que se obtiene adicionando un nuevo parámetro:

$$a) \quad \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m) x, \quad [1, 3, 4, 7]$$

donde m representa el *mínimo de población viable*. Cuando $m > 0$, la población exhibe un *efecto Allee fuerte*, y si $m = 0$ exhibe *efecto Allee débil*. Otras ecuaciones presentadas en la literatura son:

$$b) \quad \frac{dx}{dt} = \left(r \left(1 - \frac{x}{R} \right) \left(\frac{x}{x+C} \right) - D \right) x, \quad [19]$$

$$c) \quad \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) \left(1 - \frac{b+C}{x+C} \right) x \quad [2]$$

$$d) \quad \frac{dx}{dt} = \left(r - \frac{rx}{K} - \frac{b}{x+C} \right) x \quad [16, 18]$$

$$e) \quad \frac{dx}{dt} = r x \left(\frac{x}{x+C} \right) \quad [20]$$

Para discutir las diferentes razones biológicas que conducen a un efecto Allee consideraremos el siguiente modelo con auto limitación lineal

$$\frac{dx}{dt} = x g(x, \phi(x)) - bx^2$$

donde ϕ representa la tasa de extracción por unidad de consumidores y g representa la tasa de conversión desde recursos hacia tasa de crecimiento poblacional per capita. Varias formas funcionales pueden ser encontradas en [9, 11, 15, 18]. Nosotros asumiremos que a bajas densidades poblacionales la reproducción o la sobrevivencia están disminuidas o las pérdidas metabólicas son incrementadas. Entonces la población requiere consumir más recursos para balancear la pérdida adicional o la ganancia disminuida. Considerando la función de conversión más simple y más ampliamente usada g dependiendo de x , tenemos:

$$g(x) = \varepsilon(\phi - \kappa(x))$$

La función de conversión g describe el crecimiento base de la población como una función de la tasa de forrajeo ϕ y del parámetro κ que representa el nivel de consumo requerido para un crecimiento cero. Estudiamos la equivalencia matemática derivada de esta modelación con respecto a las ya presentadas en la literatura ecológica y biomatemática.

Modelling Allee effect: alternative derivations following biological reasoning

Allee effect refers to a decreasing in individual fitness as population size decreases to very low levels [16 and references therein]. This phenomenon has also been called *depensation* [3, 6, 11], or *negative competition effect* [19]. In recent years, ecologists, evolutionary biologists and conservation biologists have been increasingly interested in this effect mainly because it has been noticed to be ubiquitous in nature and the dynamic predictions of populations subjected to the Allee effect include extinction thresholds and multiple domains of attraction [2, 6, 8, 11, 16].

Many models have been constructed to account for Allee effects, and they can be broadly classified into those which mimic the so-called "inverse" density-dependence by a given growth function, and those which specify a given mechanism causing the Allee effect. Among the last kind of models, most address the diminishing mating probability as the mechanism driving the effect [2].

In this work our purpose is to provide a biological derivation of continuous-time models for population subjected to Allee effect, and specify simple mathematical criteria for understand the expected dynamic outcomes of the models offered here and others already in use. Since previous works have focused on mating probability models, here we present derivations of population models where the main mechanism responsible of

the Allee effect are those related to decreasing functional and numerical responses as population size drops to very low levels.

The most simple model which incorporates Allee effect is the equation derived from the logistic growth adding a new parameter:

$$a) \quad \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m) x, \quad [1, 3, 4, 7]$$

where m represents the *minimum viable population*. With $m > 0$, the population exhibits *strong* Allee effect, and with $m = 0$ it exhibits a *weak* Allee effect. Another equations presented in the literature are:

$$b) \quad \frac{dx}{dt} = \left(r \left(1 - \frac{x}{R} \right) \left(\frac{x}{x+C} \right) - D \right) x \quad [19]$$

$$c) \quad \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) \left(1 - \frac{b+C}{x+C} \right) x \quad [2]$$

$$d) \quad \frac{dx}{dt} = \left(r - \frac{rx}{K} - \frac{b}{x+C} \right) x \quad [16, 18]$$

$$e) \quad \frac{dx}{dt} = r x \left(\frac{x}{x+C} \right) \quad [20]$$

In order to discuss the different biological reason that leads to an Allee effect, we are going to consider the following baseline model with linear self-limitation

$$\frac{dx}{dt} = x g(x, \phi(x)) - bx^2$$

where ϕ represents the extraction rate of resources per unit consumer and g represents the conversion rate resource to per capita population growth rate. Various functional forms can be found in [9, 11, 15, 18]. Let us assume that at low population density, the reproduction or the survival are diminished or metabolic losses are increased. Then, the population requires to consume more resources in order to balance the extra losses or the diminished gain. Considering the simplest and more widely used (linear) conversion function g depending on x we have:

$$g(x) = \varepsilon(\phi - \kappa(x))$$

The conversion function g describes the basal growth of population as a function of the feeding rate ϕ and the parameter κ which represents the consumption level required for zero growth. We study the mathematical equivalences derived from this modeling approach respect to the ones already presented in the ecological and biomathematical literature.

References

- [1] Brauer, F., and Castillo-Chávez, C., 2001 Mathematical models in Population Biology and Epidemiology, TAM 40, Springer-Verlag.
- [2] Boukal, D. S. and L. Berec, 2002, Single-species models and the Allee effect: Extinction boundaries, sex ratios and mate encounters, Journal of Theoretical Biology, Vol 218, 375-394.
- [3] Clark, C. W., 1990. Mathematical Bioeconomic: The optimal management of renewable resources, (second edition). John Wiley and Sons.

- [4] Conway E. D. and Smoller, J. A., 1986, Global Analysis of a System of Predator-Prey Equations. *SIAM J. Applied Mathematics*, Vol. 46, No.4, 630-642.
- [5] Courchamp, F., Clutton-Brock, T., and Grenfell, B., 1999. Inverse dependence and the Allee effect, *Trends in Ecology and Evolution* Vol 14, No. 10, 405-410.
- [6] Dennis, B., 1989. Allee effects: population growth, critical density, and the chance of extinction, *Natural Resource Modeling*, Vol 3, No. 4, 481-538.
- [7] Edelstein-Keshet, L., 1988, *Mathematical models in Biology*, Birkhäuser Mathematics series, Mc-Graw Hill, Inc.
- [8] Fowler, M. S. and Ruxton, G. D. 2002, Population dynamic consequences on Allee effects, *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 215, 39-46.
- [9] Getz, W. M., 1991 A unified approach to multispecies modeling. *Natural Resources Modeling* 5 393-421.
- [10] González-Olivares, E., Meneses-Alcay, H., and González-Yañez, B., 2005, Metastable dynamics by considering strong and weak Allee effect on prey in Rosenzweig-McArthur predator-prey model, submitted.
- [11] Gutierrez, A. P. 1996. *Applied Population Ecology. a Supply-Demand Approach*
New York: Wiley & Sons
- [12] Kent, A., Doncaster, C. P., and T. Sluckin, 2003. Consequences for predators of rescue and Allee effects on prey, *Ecological Modelling* Vol. 162, 233-245.
- [13] Liermann, M. and R. Hilborn, 2001, Depensation: evidence models and implications, *Fish and Fisheries*, Vol. 2 33-58.
- [14] McCarthy, M. A., 1997. The Allee effect, finding mates and theoretical models. *Ecological Modelling* 103, 99-102.
- [15] Ramos-Jiliberto, R. 2005. Resource-consumer models and the biomass conversion principle, *Environmental Modelling and Software* 20 (1) , 85-91.
- [16] Stephens, P. A., and Sutherland, W. J., 1999. Consequences of the Allee effect for behavior, ecology and conservation, *Trends in Ecology and Evolution*, Vol.14(10) 401-405.
- [17] Thieme, H. R., 2003. *Mathematics in Population Biology*, Princeton Series in Theoretical and Computational Biology, Princeton University Press.
- [18] Turchin, P., 2003 *Complex population dynamics: a theoretical/empirical synthesis*, Princeton University Press.
- [19] Wang, G., Liang, X-G., and Wang, F-Z., 1999. The competitive dynamics of populations subject to an Allee effect, *Ecological Modelling* 124, 183-192.
- [20] Zhou, S-R., Liu, Y-F. and Wang, G., 2005. The stability of predator-prey systems subject to the Allee effect, *Theoretical Populations Biology* 67, 23-31.

Tratamientos de endometritis en yeguas bajo un diseño crossover con variables categoricas.

Rodríguez, E.M.⁽¹⁾, Cepeda, R.⁽²⁾, Marinelli, C.⁽²⁾, Fumuso, E.⁽¹⁾ Sanchez Bruni, S.⁽¹⁾.

⁽¹⁾ Fac. de Ciencias Veterinarias, UNCPBA. Tandil. Argentina

⁽²⁾ Fac. Ciencias Exactas UNCPBA. Tandil. Argentina

Algunas investigaciones han demostrado una reducción significativa de las infecciones de endometritis así como también una acción antiinflamatoria en el endometrio de las yeguas (Rogan, et al 2004), utilizando extractos celdas de *Mycobacterium* (formulación inmunoestimulante). En este estudio se evaluó la eficacia y el efecto anti-inflamatorio de diferentes dosis de un inmunomodulador, *Streptococcus zooepidemicus*, de administración intrauterina (IU), en la eliminación de endometritis infecciosa.

Para este propósito, se utilizaron un total de 24 yeguas en un diseño experimental crossover en dos períodos, para evaluar cuatro tratamientos (tres dosis diferentes y un control). El diseño experimental involucró seis yeguas por grupo en dos períodos (o fases) con doce observaciones por tratamiento. Antes de asignar el tratamiento todas las yeguas fueron diagnosticadas como libres de cualquier infección bacteriana uterina y luego fueron expuestas a un inoculador estandarizado IU de *Streptococcus zooepidemicus* vivos para inducir endometritis clínico. Los animales experimentales fueron divididos en cuatro grupos iguales. Para evaluar el estado de endometritis en cada individuo, se detectó fluido intrauterino con ultrasonografía, se muestrearon esponjas uterinas y se tomaron muestras de biopsia en cuatro momentos diferentes durante el estudio. La eficacia de cada tratamiento fue evaluada por las variables que fueron expresadas como datos categóricos (cultivo positivo o negativo, grados de biopsia entre I y IV, el fluido uterino positivo o negativo, y la citología exfoliativa positiva o negativa). Todas las muestras fueron analizadas, usando el procedimiento PROC GENMOD, Versión 8 (SAS, el Instituto la S.A., Cary, NC, EE.UU.) para ajustar modelos lineales generalizados, utilizando las opciones DIST=BINOMIAL o DIST=MULTINOMIAL en la declaración del modelo.

Cuando se detectaron diferencias estadísticamente significativas ($P < 0.05$), se realizaron contrastes para la comparación de diferentes dosis. Este test ha mostrado ser conveniente para el análisis del diseño experimental mencionado.

Palabras claves: endometritis en yeguas, diseño crossover, modelo lineal generalizado.

Endometritis treatments in mares under crossover design with categorical response

Some investigations using a *Mycobacterium* cell wall extract (MCWE) (immunostimulant formulation) have shown a significant reduction of infectious endometritis as well as an anti-inflammatory action on the endometrium of mares (Rogan et al, 2004). In this study the efficacy and

anti-inflammatory effect of different doses of a immunomodulator via intrauterine (IU) administration was evaluated in the elimination of induced infectious endometritis with *Streptococcus zooepidemicus*.

For this purpose a total of twenty-four mares were used in a two period crossover experimental design to evaluate 4 treatments (3 different doses and a control). The experimental design involved six mares per group in two periods (or phases), with 12 observations per treatment. Before treatment assignment, all mares were first diagnosed as free of any uterine bacterial infection, and then they were challenged with a standardized IU inoculum of live *Streptococcus zooepidemicus* to induce clinical endometritis. Experimental animals were divided into four equal groups. To assess the status of endometritis for each individual, ultrasonography detection of intrauterine fluid, uterine swabs and biopsy samples were collected at four different points during the study. The efficacy of each treatment was evaluated by variables that were expressed as categorical data (culture positive or negative, biopsy grades between I and IV, positive or negative for uterine fluid, and exfoliative cytology positive or negative). All samples were analyzed, using PROC GENMOD procedure of Statistical Analysis Systems, Version 8 (SAS, Institute Inc., Cary, NC, USA) to fit generalized linear models, using options DIST=BINOMIAL or DIST=MULTINOMIAL in the MODEL statement.

Significant statistical differences were detected in culture, biopsy and cytology ($P < 0.05$). Contrast were performed to compared different doses: in all cases the control group was significantly different with 1500 doses group. To the uterine fluid no difference was detected ($P > 0.05$).

This test has shown to be suitable for analysis of the mentioned experimental design.

Keyword: mare endometritis, crossover design, generalized linear model

Implicaciones del efecto Allee en un modelo de depredación del tipo Gause con respuesta funcional sigmoidea

Alejandro Rojas Palma, Eduardo González Olivares, Betsabé González Yañez
Grupo Ecología Matemática. Instituto de Matemáticas
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso
Casilla 4950, Valparaíso, Chile
alejandro_roj5@hotmail.com, ejgonzal@ucv.cl, betsabe.gonzalez@ucv.c

En este trabajo analizamos un modelo de depredación determinista tiempo continuo que se obtiene asumiendo dos importantes aspectos en un modelo de depredador-presa del tipo Gause (Freedman, 1980)

i) La respuesta funcional o tasa de consumo es del tipo Holling III o sigmoidea (Turchin, 2003)

ii) La función de crecimiento de las presa considera el fenómeno llamado efecto Allee.

Un estudio general de este tipo de modelos es realizado en (Conway and Smoller 1986), pero algunos de sus resultados no son válidos para el modelo a estudiar.

En Dinámica Poblacional, cualquier proceso por medio del cual alguna componente del fitness (adecuación) individual está correlacionada positivamente con el tamaño poblacional puede ser llamado un mecanismo de *efecto Allee* (Kent et al. 2003, Stephens and Sutherland 1999) o *depensation* (descompensación) (Clark 1990, Dennis 1989), o *efecto de competición negativa* (Wang et al. 1999).

Las poblaciones pueden exhibir dinámicas del efecto Allee debido a un amplio rango de fenómenos biológicos que incluye: el éxito (o dificultad) de apareamiento (McCarthy 1997), termoregulación social, reducida defensa antidepredador, alimentación menos eficiente a bajas densidades, reducida eficacia de la vigilancia antidepredador, etc.

El efecto Allee es un importante e interesante fenómeno tanto en sentido matemático como ecológico. Desde un punto de vista ecológico, es una situación que se produce en bajas densidades poblacionales donde la tasa de crecimiento individual es una función creciente de la densidad (Dennis 1989), lo cual aumenta sus posibilidades de extinción (Courchamp et al. 1999); la importancia de este fenómeno ha sido enfatizado por los recientes desarrollos en algunos ámbitos de la ecología y la conservación de especies pudiendo ser considerado como la base de la sociabilidad animal (Stephens and Sutherland 1999).

Matemáticamente, los modelos más simples para este efecto pueden revelar bastante acerca de esta dinámica (Stephens and Sutherland 1999), pudiendo implicar la aparición de nuevos puntos de equilibrio que cambian la estabilidad estructural del sistema o pueden ocurrir cambios en la estabilidad de otros puntos de equilibrio.

Algunos autores estiman que los modelos poblacionales denso-dependiente para una sola especie que asumen el efecto Allee, deben considerar que la rapidez de crecimiento de estas poblaciones decrece si el tamaño poblacional está bajo un cierto nivel umbral m (Brauer and Castillo-Chávez 2001). Sin embargo, el efecto Allee, que da cuenta del fenómeno que aparece en ciertas poblaciones de animales a bajas densidades puede

ser modelado de otras formas (ver Thieme 2003, Wang et al. 1999, Zhou et al. 2005).

El modelo que estudiamos es descrito por el sistema de ecuaciones diferenciales del tipo Kolmogorov (Freedman 1980)

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m) x - \frac{qx^2}{x^2 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px^2}{x^2 + a} - c \right) y \end{cases}$$

donde $x = x(t)$ e $y = y(t)$ indican los tamaños poblacionales (número de individuos, densidad o biomasa) de las presas y depredadores respectivamente, y todos los parámetros son positivos, teniendo diferentes significados y por razones biológicas a y $m < K$. Si $m = 0$, se dice que la población está afectada por el *efecto Allee débil* (González-Olivares et al. 2005).

Obtenemos condiciones en los parámetros para

- a) Determinar cantidad de los puntos de equilibrio en el primer cuadrante.
- b) Determinar la naturaleza de los puntos críticos.
- c) Establecer la existencia de curvas separatrices, curvas homoclínicas o heteroclínicas.
- d) Determinar la cantidad de ciclos límites

Implications of the Allee effect in a Gause type predator-prey models with sigmoid functional response

In this work we analyze a deterministic continuous-time predator-prey models of Gause type (Freedman, 1980) considering two important aspects:

En este trabajo analizamos un modelo de depredación determinista tiempo continuo que se i) The functional response o consumption rate is Holling type III or sigmoid (Turchin, 2003)

ii) In the prey growth function the Allee effect it is considered.

A study for this type of models is made in (Conway and Smoller 1986), but some of its results are not fulfilled in the model that we study.

In Population Dynamic, any ecological mechanism that can lead to a positive relationship between a component of individual fitness and either the number or density of conspecifics can be termed a mechanism of the Allee effect (Kent et al. 2003, Stephens and Sutherland 1999) or *depensation* (Clark 1990, Dennis 1989), or *negative competition effect* (Wang et al. 1999).

Populations can exhibit allee dynamics due to a wide range of biological phenomenon such as reduced antipredator vigilance, social thermoregulation, genetic drift (Stephens and Sutherland, 1999), mating difficulty (McCarthy 1997), and so on.

The Allee effect is a important and interesting phenomenon in both biological and mathematical sense. From biological point wise, Allee effect it produces to low population densities when the individual growth rate is a increasing function with density (Dennis 1989), and for this its possibilities of extinction increases (Courchamp et al. 1999); the importance of this

phenomenon has been emphasized by recent developments in diverse areas of ecology and conservation, and can be regarded as the basis of animal sociability (Stephens and Sutherland 1999).

Mathematically, more simple models can show enough about this dynamic (Stephens and Sutherland 1999), and it can imply the apparition of new equilibrium points that changes the structural stability of system and to occur changes in the stability of other equilibrium points.

Some authors estimate that the dense-dependent population models for single species that assume the Allee effect, must consider that the population growth rate of this populations decreases if the population size is below a threshold level m (Brauer and Castillo-Chávez 2001). However, the Allee effect can be modeled by different forms as is presented in

Sin embargo, el efecto Allee, que da cuenta del fenómeno que aparece en ciertas poblaciones de animales a bajas densidades puede ser modelado de otras formas como es presentado in (Thieme 2003, Wang et al. 1999, Zhou et al. 2005).

Model that we study is described by the Kolmogorov type differential equation system (Freedman 1980).

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m)x - \frac{qx^2}{x^2 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px^2}{x^2 + a} - c \right) y \end{cases}$$

where $x = x(t)$ and $y = y(t)$ indicate the predator and prey population size respectively for $t > 0$ (number of individual, density or biomass), and the parameters are all positives, having different biological meanings. By biological reason a and $m < K$. If $m = 0$, it say that the population is affect by a *weak Allee effect* (González-Olivares et al. 2005).

We obtain restrictions dependent of parameter values for:

- a) To determine the quantity of equilibrium points at the first quadrant.
- b) To determine the nature of those equilibrium points.
- c) To establish the existence of separatrix curves and homoclinic or heteroclinic curves.
- d) To establish the quantity of limit cycles.

Referencias

- [1] Brauer, F., and Castillo-Chávez, C., 2001 Mathematical models in Population Biology and Epidemiology, TAM 40, Springer-Verlag.
- [2] Clark, C. W., 1990. Mathematical Bioeconomic: The optimal management of renewable resources, (second edition). John Wiley and Sons.
- [3] Conway E. D. and Smoller, J. A., 1986, Global Analysis of a System of Predator-Prey Equations. SIAM J. Applied Mathematics, Vol. 46, No.4, 630-642.
- [4] Courchamp, F., Clutton-Brock, T., and Grenfell, B., 1999. Inverse dependence and the Allee effect, Trends in Ecology and Evolution Vol 14, No. 10, 405-410.

- [5] Dennis, B., 1989. Allee effects: population growth, critical density, and the chance of extinction, *Natural Resource Modeling*, Vol 3, No. 4, 481-538.
- [6] Freedman, H. I., 1980 *Deterministic Mathematical Model in Population Ecology*. Marcel Dekker.
- [7] González-Olivares, E., Meneses-Alcay, H., and González-Yañez, B., 2005, Metastable dynamics by considering strong and weak Allee effect on prey in Rosenzweig-McArthur predator-prey model, submitted.
- [8] Kent, A., Doncaster, C. P. and T. Sluckin, 2003. Consequences for depredators of rescue and Allee effects on prey, *Ecological Modelling* Vol. 162, 233-245.
- [9] McCarthy, M. A., 1997. The Allee effect, finding mates and theoretical models. *Ecological Modelling* 103, 99-102.
- [10] Stephens, P. A., and Sutherland, W. J., 1999. Consequences of the Allee effect for behavior, ecology and conservation, *Trends in Ecology and Evolution*, Vol.14(10) 401-405.
- [11] Thieme, H. R. 2003. *Mathematics in Population Biology*, Princeton Series in Theoretical and Computational Biology, Princeton University Press.
- [12] Turchin, P., 2003 *Complex population dynamics: a theoretical/ empirical synthesis*, Princeton University Press.
- [13] Wang, G., Liang, X-G., and Wang, F-Z., 1999. The competitive dynamics of populations subject to an Allee effect, *Ecological Modelling* 124, 183-192.
- [14] Zhou, S-R., Liu, Y-F. and Wang, G., 2005. The stability of predator-prey systems subject to the Allee effect, *Theoretical Populations Biology* 67, 23-31.

Dinámica individual y colectiva: relaciones caóticas¹

H. Román-Flores², Y Chalco-Cano² y Rodney C. Bassanezi³

²Departamento de Matemática, Universidad de Tarapacá, Casilla 7D, Arica, Chile

³IMECC-UNICAMP, CP6065, 13081-970, Campinas-SP, Brasil

hroman@uta.cl

Es conocido que una amplia variedad de problemas reales pueden ser modelados mediante un sistema discreto del tipo

$$x_{n+1} = f(x_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots \quad (1)$$

en donde (X, d) es un espacio métrico y $f: X \rightarrow X$ es una función continua.

Un aspecto esencial en el sistema dinámico discreto (SDD) (1) es comprender el comportamiento de todas sus órbitas $x, f(x), f^2(x), \dots, f^n(x)$ cuando n tiende a infinito y, generalmente, esta es una tarea compleja.

En cierto sentido, el estudio de las órbitas en un SDD nos dice como se mueven los puntos en el espacio base X y, en muchos casos, estas órbitas presentan una estructura caótica.

Por otro lado, algunas veces no es suficiente conocer esta dinámica individual, sino que necesitamos saber como se mueven conjuntos de puntos en el espacio base X , y esto nos lleva al análisis de sistemas dinámicos discretos multívocos (SDDM).

Por ejemplo, hoy en día es usual colocar transmisores especiales sobre diferentes especies biológicas para saber como ellas se desplazan dentro de su hábitat.

Así, si denotamos por X el hábitat de una especie dada y elegimos un representante individual $x \in X$, entonces podemos obtener información acerca del movimiento de x en el ecosistema X y, de esta forma, podemos construir una función de desplazamiento individual $f: X \rightarrow X$.

Eventualmente, esta función puede ser caótica o no, pero la cuestión fundamental es la siguiente: ¿Cuál es la relación entre la dinámica del movimiento individual y la dinámica del movimiento colectivo?

En esta dirección, dado el SDD (1) consideremos el SDDM asociado a f :

$$A_{n+1} = f(A_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots \quad (2)$$

en donde $\bar{f}$ es la extensión natural de f a $K(X)$.

En este contexto, nuestra motivación es estudiar la siguiente cuestión esencial: ¿Caos individual implica caos colectivo?, y ¿recíprocamente?.

Como respuesta parcial a este problema, si consideramos el espacio $(K(X), H)$ de todos los subconjuntos compactos no vacíos de X , equipado con la métrica de Hausdorff inducida por d , y definimos la extensión natural $\bar{f}: K(X) \rightarrow K(X)$, $\bar{f}(A) = f(A) = \{f(a) / a \in A\}$, entonces mostramos las siguientes relaciones caóticas entre f y $\bar{f}$:

- $\bar{f}$ transitiva $\Rightarrow f$ transitiva
- $\bar{f}$ sensitivamente dependiente $\Rightarrow f$ sensitivamente dependiente

¹ Trabajo financiado por Conicyt-Chile vía Proyecto 1040303 y Dipog-UTA vía Proyecto 4731-04.

- Si X es compacto entonces: f periódicamente densa $\Rightarrow \bar{f}$ periódicamente densa
- f es mezclante $\Leftrightarrow \bar{f}$ es mezclante
- f tiene entropía topológica positiva $\Leftrightarrow \bar{f}$ tiene entropía topológica positiva

También, diversos aspectos teóricos y aplicados en abierto serán discutidos.

Individual and collective dynamics: chaotic relations²

It is well known that a numerous class of real problems are modelled by a discrete dynamical system

$$x_{n+1} = f(x_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots \quad (1)$$

where (X, d) is a metric space and $f: X \rightarrow X$ is a continuous function.

The basic goal of the theory of discrete dynamical systems (DDS) is to understand the nature of all orbits $x, f(x), f^2(x), \dots, f^n(x)$ as n becomes large and, generally, this is an impossible task. In certain sense, the study of the orbits in a DDS says us as are moved the points in the base space X and, in many cases, these orbits presents a chaotic structure.

On the other hand, sometimes is not sufficient to know as are moved the points in the base space X but it is necessary to know as are moved the subsets of X what carries us to the problem of analyzing the dynamics of set-valued dynamical discrete systems (SDDS).

For example, it is usual today to put special transmitters on different types of biological species to know their movements within their habitats. Thus, if we denote by X the habitat of a given specie and we choose an individual representative $x \in X$, then we can obtain information about the movement of x in the ecosystem X and, of this way, we can construct an individual displacement function $f: X \rightarrow X$. Eventually, this function could be chaotic or not, but the question now it is the following: What is the connection between the dynamic of individual movement and the dynamic of collective movement?

In this direction, given a dynamical discrete system (1) we consider the set-valued dynamical discrete system (SDDS) associated to f :

$$A_{n+1} = f(A_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots \quad (2)$$

where $\bar{f}: K(X) \rightarrow K(X)$, $\bar{f}(A) = f(A) = \{f(a) / a \in A\}$, is the natural extension of f to $K(X)$.

In this context, our main goal in this work is studying the following fundamental question: individual chaos implies collective chaos? and conversely?

As a partial response to this question above, if we consider the space $(K(X), H)$ of all nonempty compacts subsets of X endowed with the Hausdorff metric induced by d , then the following chaotic relationships between f and $\bar{f}$ are showed:

- $\bar{f}$ transitive $\Rightarrow f$ transitive
- $\bar{f}$ sensitively dependent $\Rightarrow f$ sensitively dependent
- If X is compact then: f periodically dense $\Rightarrow \bar{f}$ periodically dense

² Trabajo financiado por Conicyt-Chile vía Proyecto 1040303 y Dipog-UTA vía Proyecto 4731-04.

- $f \text{ mixing} \Leftrightarrow \bar{f} \text{ mixing}$
 - $\text{The topological entropy of } f \text{ is positive} \Leftrightarrow \text{the topological entropy of } \bar{f} \text{ is positive}$
- Also, several open theoretical and applied topics will be discussed.

Referencias

- [1] J. Banks, Chaos for induced hyperspace maps, *Chaos, Solitons & Fractals* 25 (2005), 681-685.
- [2] J. Cánovas and G. Soler, Topological entropy for induced hyperspace maps, pre-print.
- [3] A. Fedeli, On chaotic set-valued discrete dynamical systems, *Chaos, Solitons & Fractals* 23 (2005), 1381-1384.
- [4] A. Peris, Set-valued discrete chaos, *Chaos, Solitons & Fractals* 26 (2005), 19-23.
- [5] H. Román-Flores, A note on transitivity in set-valued discrete systems, *Chaos, Solitons & Fractals* 17 (2003), 99-104.
- [6] H. Román-Flores and Y. Chalco-Cano, Robinson's chaos in set-valued discrete systems, *Chaos, Solitons & Fractals* 25 (2005), 33-42.

Desarrollo de una estrategia para promover una gestión sustentable del agua en la cuenca del valle de Puebla

Arturo Romero Flores Granados y Ricardo Pérez Avilés

Instituto de Ciencias

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Edificio 76, Planta baja, Ciudad Universitaria

Puebla, Puebla, México. C.P. 72570

Apartado Postal 1292

Tel. 52- 222-2295500 ext.7056, 7353

aromero@siu.buap.mx

Introducción

La investigación esta enmarcada dentro de la colaboración existente entre el posgrado en Matemáticas de la Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas y el posgrado en Ciencias Ambientales del Instituto de Ciencias de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP) y esta enfocada en encontrar una respuesta a los problemas ambientales, sociales y económicos en relación con el importante recurso que es el agua, en la subcuenca del valle de Puebla, mediante el desarrollo de una estrategia que promueva un aprovechamiento sustentable del recurso por parte de todos los sectores involucrados en el problema.

La cuenca del valle de Puebla se ubica en la región central de México a una altitud media de 2180 metros sobre nivel del mar, abarcando 38 municipios de los estados de Puebla y Tlaxcala con una superficie de 2,366 Km² y una población de 2'000,000 de habitantes aproximadamente (INEGI, 2001) formando parte de la cuenca del Río Atoyac.

Objetivo General

Proponer una estrategia de manejo sustentable a mediano y largo plazo mediante la identificación de las relaciones físicas, económicas, sociales y políticas entre los diferentes usos del agua, que han evitado un manejo sustentable del recurso en la cuenca del valle de Puebla.

Objetivos Particulares

- Desarrollar un modelo matemático que describa de manera dinámica los principales procesos que intervienen en el balance hídrico de la cuenca y permita conocer la disponibilidad y distribución del agua dentro de la subcuenca del valle de Puebla.
- Identificar las interrelaciones entre los factores físicos, sociales, económicos e institucionales que provocan la actual problemática del agua dentro de la subcuenca del valle de Puebla, con el objeto de identificar las relaciones de conflicto y entender de manera sistémica e integral la dinámica de la subcuenca del valle de Puebla.
- Seleccionar los indicadores adecuados para monitorear y evaluar el desempeño de la estrategia.

Development of a strategy to promote water sustainable management in then Puebla valley watershed

Introduction

The investigation is framed within collaboration existing between Graduate Program in Mathematics of the Faculty of Physics-Mathematics Sciences and Graduate Program in Environmental Sciences of Sciences Institute of the University of Puebla (BUAP) and is searching an answer to the environmental, social and economical problems in relation to the important resource that is the water, in the Puebla valley watershed, by means of the development of a strategy that promotes a sustainable management of the resource for all sectors involved in the problem.

The Puebla valley watershed is located in the central region of Mexico to an average altitude of 2180 meters above sea level, including 38 municipalities of the states of Puebla and Tlaxcala with an approximate area of 2.366 Km² and a population of 2'000,000 inhabitants (INEGI, 2001) is part of the Atoyac river basin.

General objective

Propose a medium and long term sustainable management strategy through of the identification of physical, economical, social and political relations between different water users, that have avoided a water sustainable management in the Puebla valley watershed.

Particular objectives

- Develop a mathematical model that describes of dynamic way the main processes that take part in the hydric balance of the Puebla valley watershed that allows to know water availability and distribution within watershed.
- Identify interrelations between physical, social, economical and institutional factors that causes Actual water problems in the Puebla valley watershed, with the intention of identifying conflict relations and understand, in a sistemic way, Puebla valley watershed dinamyc.
- Select suitable indicators to check and evaluate strategy performance.

Análisis de perfiles genéticos: Selección de atributos

M. del C. Romero¹ y Julio A. Di Rienzo²

¹ Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires
Campus Universitario, Paraje Arroyo Seco, Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Universidad Nacional de Córdoba

romero@econ.unicen.edu.ar

Los microarreglos de ADN son un ejemplo típico de contextos de alta dimensionalidad y constituyen una parte de una nueva clase de biotecnologías que permiten el monitoreo (y cuantificación) de los niveles de expresión de miles de genes simultáneamente - perfiles genéticos.

Estos datos suelen contener más variables que observaciones (se tienen pocos perfiles y cada perfil cuantifica los niveles de expresión de varios miles de genes). Es por esto que los métodos multivariados tradicionales de clasificación pasan a ser obsoletos ya que tienden a producir resultados inestables por efecto de la sobreparametrización. En este contexto adquiere importancia la problemática de la selección de atributos.

En clasificación supervisada, todas las definiciones de "selección de atributos" enfatizan el problema de *seleccionar un subconjunto mínimo de atributos relevantes que permita caracterizar y discriminar entre clases en conjuntos distintos al de entrenamiento*.

Se analiza un experimento con microarreglos de ADN utilizando plantas normales (Col-0) y mutantes (Npr-1 -mutante en la vía de defensas mediadas por ácido salicílico y Jar-1 -mutante incapaz de activar las defensas mediadas por metiljasmonato) de *Arabidopsis thaliana*. La expresión génica fue evaluada sobre 11250 secuencias de genes que fueron evaluados en un tiempo previo al inóculo con el hongo *Erysiphe cichoracearum* y 18 horas después.

El objetivo es seleccionar un conjunto manejable de genes en el que estén representados aquellos cuya activación o represión, por efecto de la infección, sea clara y a su vez diferencie los tipos de plantas.

Es importante obtener subconjuntos pertinentes de atributos para la clasificación ya que la corroboración experimental de los hallazgos estadísticos sólo puede realizarse sobre un conjunto pequeño de genes mediante costosas técnicas de laboratorio.

En este trabajo se realiza una comparación empírica del rendimiento de diferentes métodos de selección de atributos sobre el conjunto de datos descripto. Se trabaja con métodos basados en medidas de distancia y de consistencia, contruidos a partir de procedimientos ya conocidos tales como el filtro RELIEF (Kira and Rendel, 1992).

Se intentan dar enfoques viables y eficientes algorítmicamente y "buenas" soluciones. Para ello, es necesario tener en cuenta que la selección de atributos en un contexto de alta dimensionalidad debe considerar integralmente la complejidad y viabilidad computacional, la significación estadística y la significación biológica.

Gene expression profiles analysis: feature selection

DNA microarrays are typical examples of high dimensionality context. They are part of a new class of biotechnologies which allow the monitoring (and quantification) of expression levels for thousands of genes simultaneously – gene expression profiles.

DNA microarrays data contain more variables than observations (few profiles that quantify the expression levels of several thousands of genes). For this reason, traditional classification multivariate methods tend to produce unstable results due to overparametrization. In this context, the feature selection acquires relevance.

In supervised classification, all the definitions for “feature selection” emphasize the problem of choosing a minimum subset of relevant features to characterize and discriminate between classes in datasets different from the learning set.

We analyze a data set from an experiment with DNA microarrays comparing wild type (Col-0) and mutant plants (Npr-1, Jar-1) of *Arabidopsis thaliana*. There were evaluated 11250 gene expression profiles, previously and 18 hours after the inoculation with the fungus *Erysiphe cichoracearum*.

The goal is to choose a manageable set of genes composed by those which are clearly activated or repressed by the infection, and by those which distinguish among the different kinds of plants.

Obtain pertinent feature subsets is very important for the classification task because the experimental confirmation of the statistic discoveries only can be done with a small set of genes by costly laboratory techniques.

An empirical comparison of the performance of different feature selection methods with the dataset presented is carried out in this work. The methods presented here are based on distance and consistency measures and built from known procedures such as the filter RELIEF (Kira and Rendel, 1992).

Inhibition effects of inorganic and organic compounds on *Saccharomyces cerevisiae* metabolism: NMR and mathematical modelling studies

Claudio Rossi[#], Annalisa Santucci^o, Fiora Bartolini[#], Maso Ricci[#],
Silvia Martini[#], Claudia Bonechi[#]

[#] Department of Chemical and Biosystem Sciences - University of Siena
Via Aldo Moro, 2 53100 Siena, Italy

^oDepartment of Molecular Biology - University of Siena
Via Fiorentina, 1 - 53100 Siena, Italy

In vivo NMR spectroscopy, together with the use of ^{13}C labelled substrates, is an elective tool to investigate metabolic processes occurring in complex systems such as cellular cultures. Because of its "non invasive" nature, NMR spectroscopy can be useful in kinetic studies in which several samplings are required during metabolic activity. In fact, selective enriched substrates allow the mapping of the fate of the metabolite during the fermentation process.

In this work, an approach based on *in vivo* ^{13}C NMR and mathematical modelling was presented in order to develop a basis for a deeper understanding of eukaryotic responses to environmental stresses. The model considers three distinct compartments interacting each other: the carbon source, the main end product and the yeast cells. A set of non-linear differential equations was developed to describe the time evolution of glucose and ethanol concentrations and the number of active yeast cells. The kinetic constants in each equation were optimised by a non-linear least-square fitting procedure (Marquardt-Levenberg) representing the kinetic constants associated to degradation of glucose (k_D), production of ethanol (k_P) and inhibition of active cells (k_I). These constants, having a biological meaning, have been used in order to understand and describe the response of *Saccharomices cerevisiae* to external stimuli (such as exogenous ethanol). The k_P/k_D ratio has been found to simulate correctly the yield of the fermentation process, allowing the prediction of the effects of external stress to metabolic activity of the yeast.

Referencias

- [1] M. Ricci, S. Martini, C. Bonechi, A. Santucci, L. Trabalzini, C. Rossi: "Inhibition Effects of Ethanol on the Kinetics of Glucose Metabolism by *S. Cerevisiae*: NMR and Modelling Study", *Chemical Physics Letters*, 387 (4-6), 377-382, 2004.
- [2] S. Martini, M. Ricci, C. Bonechi, L. Trabalzini, A. Santucci, C. Rossi: "In Vivo ^{13}C -NMR and Modelling Study of Metabolic Yield Response to Ethanol Stress in a Wild-Type Strain of *Saccharomyces cerevisiae*". *FEBS Letters* 564, 63-68, 2004.
- [3] S. Bastianoni, C. Bonechi, A. Gastaldelli, S. Martini and C. Rossi: "Modelling interpretation of kinetics of metabolic processes". In: "Chemistry at the Beginning of the third Millennium", Fabbrizzi L: and Poggi A., Eds, Springer and Verlag (2000) pp 305-328.

V. *Cholerae*: Primeros pasos hacia un modelo espacialmente explícito

Ruiz-Moreno, Diego

Ecology and Evolutionary Biology - University of Michigan
Instituto Multidisciplinario sobre Ecosistemas y Desarrollo Sustentable
Facultad de Ciencias Exactas
Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires
drmoreno@umich.edu

Ha sido posible relacionar la ocurrencia de pandemias de cólera con variabilidad ambiental así como con heterogeneidad espacial. Sin embargo, no se ha desarrollado aún un modelo espacialmente explícito que incorpore dichas características. Los primeros pasos para poder desarrollar un modelo espacialmente explícito para cólera consisten en la identificación de la influencia de procesos y patrones a diferentes escalas espaciales: micro (la escala espacial que resulta cuando se considera cada huésped como una isla a ser colonizada por el patógeno, (Keeling et al. 2004)), media (la escala espacial determinada por la agregación de los huéspedes en comunidades) y macro (la escala espacial regional definida por conjuntos de comunidades (Keeling et al. 2004) y las conexiones entre las mismas). Se propone realizar un análisis aplicando conocidas técnicas de análisis de Patrones de Puntos, de Geoestadística y Epidemiología para poder realizar dicha caracterización espacial sobre datos de ocurrencia de cólera en Matlab, Bangladesh, durante los últimos 23 años.

Para poder estimar en forma precisa los parámetros correspondientes a un modelo espacialmente explícito para la dinámica de cólera, diferentes estrategias pueden ser utilizadas. Una de particular valor es la determinación del "*Tamaño Crítico de Comunidad*".

Teniendo registros de la ocurrencia de la enfermedad al nivel de detalle de pequeños barrios, es posible calcular el conocido índice *Ripley's K*, el cual mide las escalas de agregación (*clustering*) utilizando simulaciones Monte Carlo. Es posible además capturar el nivel de agregación de los datos evitando así mezclar las escalas de la enfermedad con las de los asentamientos.

Resultados preliminares permiten cuantificar el hecho de que siempre que ocurrieron epidemias violentas, toda el área de estudio muestra un cierto nivel de sincronía. Mientras que en el caso de las epidemias endémicas, la escala del agrupamiento espacial se reduce a uno pocos cientos de metros. Estos resultados sugieren que la ruta de contagio denominada '*hombre-a-hombre*' juega un rol importante y cuantificable en la dinámica de la enfermedad.

V. *Cholerae*: First steps towards a spatially explicit model

The recurrent cholera pandemics have been related to environmental variability and spatial heterogeneity. However, no spatially explicit model has been developed in order to consider such variations. The first step towards a spatially explicit model for cholera consists of the identification of

the influence of processes and patterns at different spatial scales: micro (the spatial scale resulting from considering each host as an island to be colonized by the pathogen, Keeling et al. 2004), meso (the spatial scale determined by the aggregation of hosts into communities) and macro (the regional spatial scale defined by set of communities (Keeling et al. 2004) and the connections among them). Analyses applying Point Pattern Analysis, Geostatistical and Epidemiological techniques are proposed in this work to perform such spatial characterization on cholera occurrence data from the last 23 years in Matlab, Bangladesh.

In order to find accurate parameter values for a spatially explicit model for cholera dynamics, different methodological approaches may be used including the determination of the Critical Community Size among others.

Having records of the occurrence of the disease at the household level, it is possible to calculate the popular index *Ripley's K*, which measures the scale of clustering and uses Monte Carlo simulations in order to capture the natural spatial aggregation of the data avoiding confounding effects.

Preliminary results were able to measure the fact that whenever violent epidemics had occurred, the whole area exhibits a degree of synchrony. On the other hand, in the case of endemic outbreaks the scale of the spatial clustering reduces to a few hundred meters. These findings suggest that the so called '*human-to-human*' transmission route plays an important and measurable role in the dynamics of the disease.

Referencia

- [1] Keeling, M. J., Bjørnstad, O. N., and Grenfell, B. T. (2004) "Metapopulation dynamics of infectious diseases" in "Ecology, Genetics and Evolution of Metapopulation" Hanski and Gaggiotti (Eds).

Análisis cuantitativo de la conducta trófica de *Leishmania chagasi* in vitro.

¹Sabino A, Durán, ²C. E. y ²Tejero, F .

²*Instituto de Zoología Tropical*

. *Facultad de Ciencias.*

Universidad Central de Venezuela.

Caracas – Venezuela

asabino@euler.ciens.ucv.ve.

El ciclo de vida de *Leishmania chagasi* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) involucra la intervención de dos hospedadores, uno invertebrado (Psychodidae: Phlebotominae) y otro vertebrado (Mammalia). El desarrollo de este parásito en un hospedador particular está determinado, entre otras características, por un marcado cambio de forma que, en investigaciones recientes, se ha asociado a modificaciones medioambientales. En este estudio examinamos la relación entre la densidad de parásitos y la diversidad de los estadios presente en cultivos axénicos con los cambios en las concentraciones de sustratos tróficos potenciales presentes en un medio de cultivo particular.

Se sembraron promastigotes ($5 \times 10^4/\text{ml}$) en fioles (500 ml) que contenían 150 ml medio BHI. Un día después de la siembra e interdiariamente hasta la muerte de los organismos, se tomó 1 ml de sobrenadante para determinar la densidad poblacional, la diversidad de estadios (promastigotes, esferomastigotes y micromastigotes) y las concentraciones de albúmina, colesterol, glucosa, proteínas totales y triglicéridos. Cada sustrato presentó una velocidad de consumo diferente en cada par de días durante el crecimiento. Se calculó la velocidad de consumo a partir de la siguiente ecuación, $V = \frac{Y_2 - Y_1}{X_2 - X_1}$ donde "y" representa el

tratamiento y "x" la densidad. Igualmente se estimó la aproximación al porcentaje de replicación vs. el porcentaje de muerte como $y = \frac{200}{\pi} \text{Arctg}(x)$ encontrándose diferencias elocuentes entre cada uno de los tratamientos, asociado al cambio de forma.

Palabras clave: Leishmania chagasi, velocidad de consumo, conducta trófica.

***Leishmania chagasi* in vitro trophic behavior. A quantitative approach.**

The life cycle of *Leishmania chagasi* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) is completed with the participation of two hosts, an invertebrate (Psychodidae: Phlebotominae), and a vertebrate (a mammal). The development in a particular host is determined, among other characteristics, by a marked change of shape related to environmental modifications.

The present investigation examines the relationship between the population density and the morphological stage of *L. chagasi* presents *in vitro* with the changes in concentration of trophic substrates in the culture medium.

In such a way, promastigotes (5×10^4 /ml) were seeded in screw cap plastic flasks (500 ml) containing 150 ml of BHI culture medium. A day after the sowing of the parasites, and every other day until the death of the organisms, one ml of culture medium supernatant was picked up in order to determine the population density, the diversity of stages (promastigote, sphaeromastigote and micromastigote), as well as the concentrations of albumin, cholesterol, glucose, total proteins and triglycerides.

Each substrate showed a particular velocity of consumption. Using the graphic representation of every treatment in function of the population

density, we calculated the velocity from $V = \frac{Y_2 - Y_1}{X_2 - X_1}$, where "y" represents

the treatment and "x" the population density. Likewise, we estimated an approximation to the replication percentage vs. death percentage expressed

as $y = \frac{200}{\pi} \text{Arctg}(x)$. Eloquent differences were found among treatments in relation to the changes of shape.

Keywords: Leishmania chagasi, velocity of consumption, trophic behavior.

Dinámica de un modelo polinizador-planta-herbívoro

Faustino Sánchez Garduño
*Departamento de Matemáticas,
Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México,
faustino@servidor.unam.mx*

A pesar de lo frecuente en la naturaleza las relaciones mutualistas han recibido poca atención desde el punto de vista teórico, sobre todo cuando se le compara con la teoría desarrollada para relaciones de competencia o de depredación. En particular, uno de los aspectos poco estudiados es la influencia que tiene una tercera población en la dinámica que mantienen dos mutualistas. En la plática se presentarán un modelo para en la que un herbívoro interviene en la dinámica de dos mutualistas.

Dynamics of a herbivore-plant-pollinator model

The mutualistic relationships are quite common in nature. In spite of this they have not received much attention from the theoretical point of view. This is particularly true when one compares the theory developed for competition or for predation interactions. One of the specific problems of interest is the role played by a third interacting with two which already maintain a mutualistic interaction. In the talk I will present a model for a herbivore-plant-pollinator interaction.

Eutacticidad en la evolución de la clase *Echinoidea*

J. López Saucedo, J.L. Aragón
*Centro de Física Aplicada y Tecnología Avanzada. UNAM.
Juriquilla, Querétaro. CP. 76230. México.*

Los erizos de mar pertenecientes a la clase Echinoidea son un grupo importante en lo que se refiere a estudios evolutivos y de desarrollo. El disco apical de los erizos marinos, representa un agregado de estructuras biológicas en el ápice de los individuos. Está conformado por las placas genitales (PG), las placas oculares (PO) y la madreporita (MD). Esta estructura ha sido sometida a diversos cambios a través del tiempo geológico topológica y funcionalmente. Hace falta contrastar los registros fósiles y los ejemplares actuales para observar que tales transformaciones, aún cuando no son siempre son claras en un sentido empírico, ocurren de manera común como es de esperarse para un sistema biológico.

La eutacticidad es una propiedad matemática que se presenta en ciertas estrellas con un alto grado de regularidad en términos matemáticos. Esta propiedad, una vez que se establece en términos de un parámetro (CosPhi), permite reconocer transformaciones a través del tiempo geológico en una escala macroevolutiva. Las PO son usadas como los vértices de las estrellas en este análisis. Las estrellas fueron generadas gráficamente por medio de fotografía digital y el los programas MakeFan6 y tpsDig2, para posteriormente obtener el parámetro CosPhi en Matemática. Se detalla un análisis estadístico que indica los cambios y transformaciones en tiempo geológico y a niveles taxonómicos. Tal análisis indica que la propiedad de eutacticidad, no surge como un proceso aleatorio. También se indica, como un alto grado de eutacticidad se ha disminuido en pocas veces a través del tiempo.

Eutacticity in Sea Urchin evolution

An eutactic star, in a N-dimensional space, is a set of N vectors which can be viewed as the projection of N orthogonal vectors in a N-dimensional space. In this work, we shall show that this mathematical property (eutacticity) is clearly present in sea urchins belonging to the Echinoidea Class. Since, from the mathematical point of view eutacticity is associated with regularity, our results suggest a high degree of regularity in the shape of these organisms. To each sea urchin we associate a vector star, with vectors pointing to the ocular plates. In this way, we analyze a collection of 157 sea urchins, by using digital photography and morphometric software packages, MakeFan6 and tpsDig2. A statistical analysis, showing the degree of eutacticity and changes in a macroevolutionary and taxonomic level in this biological group, indicates that eutacticity is far from being just a random process. On the other hand, we show that there is a slight deviation from high eutacticity through time.

Obtención de parámetros poblacionales para *Rhea americana* a partir de características individuales.

María Verónica Simoy y Graciela Canziani

Instituto Multidisciplinario sobre Ecosistemas y Desarrollo Sustentable

Facultad de Ciencias Exactas

Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires

7000 Tandil

mvsimoy@exa.unicen.edu.ar

En este trabajo se persigue obtener los parámetros de la ecuación de Shape-Lotka mediante la cual se modelará la dinámica poblacional del ñandú (*Rhea americana*). El modelo está definido por:

$$\rho(a, t) = \begin{cases} L(a) B(t-a) & 0 \leq a \leq t \\ \pi(a-t, a) \varphi(a-t) & t < a \end{cases}$$

$$B(t) = \int_0^{\infty} \beta(a) \rho(a, t) da \quad (\text{C.B.})$$

donde $B(t)$ representa la función de nacimientos, $\beta(a)$ la tasa de natalidad, $\rho(a, t)$ la cantidad de individuos de edad a en t , $L(a)$ la probabilidad de que un individuo sobreviva hasta la edad a , $\pi(\alpha, a)$ probabilidad de que un individuo de edad α sobreviva a la edad a y $\varphi(a-t)$ la cantidad de individuos de edad $a-t$ en el tiempo inicial^[5].

Los parámetros a determinarse son dos: la fertilidad (β) y la supervivencia (L) dado que $\pi(\alpha, a)$ y $B(t)$ se deducen de éstos.

Con el fin de estimar la fertilidad se realizó un balance energético^[3], ya que a partir de éste, se puede determinar si un individuo ha acumulado la energía necesaria para poder reproducirse y, si es así, estimar con cuántos pichones contribuirá a la población.

Para que un individuo pueda reproducirse es necesario que durante la época no reproductiva haya podido almacenar la energía necesaria para poder afrontar los gastos que le genera la reproducción. Entonces es necesario conocer la cantidad y las características del alimento ingerido por cada individuo para determinar la energía metabolizable que éste le está proporcionando. Los costos diarios se pueden estimar de dos formas diferentes: una es mediante ecuaciones alométricas que involucran el peso del individuo^[1, 2, 4], mientras que la otra se logra a través del tiempo que el individuo asigna a cada actividad y el costo energético que cada una de ellas tiene para el individuo^[6, 7, 8].

Tanto la cantidad de alimento que un individuo ingiere como los costos diarios están relacionados con su peso, y por esta razón es importante conocer la relación entre edad y peso. Con tal fin se realiza un seguimiento en el peso de ñandúes desde su nacimiento hasta que alcanzan su crecimiento máximo. Este seguimiento se realiza diferenciando hembras de machos ya que el tamaño difiere según el sexo. Una vez que se conoce la energía diaria asimilada y el costo diario total de energía que tiene un individuo para vivir, se puede determinar si éste es capaz de reproducirse. La supervivencia se estimará a partir de la construcción de la curva que se obtendrá del seguimiento de pichones nacidos en criaderos extensivos.

Obtaining population parameters for *Rhea americana* from individual characteristics.

The aim of this work is obtain the parameters for the Shape-Lotka's equation, to be used for modeling the population dynamics of ñandú. The model is defined by:

$$\rho(a,t) = \begin{cases} L(a) B(t-a) & 0 \leq a \leq t \\ \pi(a-t, a) \varphi(a-t) & t < a \end{cases}$$

$$B(t) = \int_0^{\infty} \beta(a) \rho(a,t) da \quad (\text{B.C})$$

where $B(t)$ is the number of births at time t , $\beta(a)$ is the maternity function, $\rho(a,t)$ is the number of individuals between age a and $a+da$ at time t , $L(a)$ is the probability of an individual living to age a , $\pi(\alpha, a)$ is the probability the individual will be alive at age a if it is alive at age α and $\varphi(a-t)$ is the number of individuals alive at age a at time t [5].

The parameters to calculate are two, the fertility (β) and the survival (L) since $\pi(\alpha, a)$ and $B(t)$ are deduced from them.

For estimating the fertility, an energy balance was done since it is possible to determine from it if an individual has the energy needed to be able to reproduce. Hence the number of offspring can be estimated.

For an individual to reproduce it is necessary that during the non breeding season sufficient energy had been stored to face the costs of reproduction. So it is necessary to know the amount and the characteristics of food ingested by each individual to determine the metabolizable energy that is provided. The daily costs can be estimated through two different forms: one by means of allometric equations that involve the weight of the individual^[1, 2, 4], whereas the other is obtained through the time that the individual allocates to each activity and the energetic cost of every one of them^[6, 7, 8].

Both the amount of food that an individual ingests and the daily activity costs are related to the weight of the individual. Therefore it is important to know the relationship between age and weight. With such aim the weight of rheas from birth until reaching the maximum size are being monitored. This monitoring requires differentiating females from males because size is sex dependent. Once the daily assimilated energy and total daily energy costs for an individual are known, it is possible determine if he will be able to reproduce.

The survival function will be estimated from the curve obtained from monitoring of offspring born and reared in extensive farms.

Referencias

- [1] Grawford E.C. y R.C. Lasiewski. (1968). Oxygen Consumption and Respiratory Evaporation of the Emu and Rhea. The Condor 70: 333-339.
- [2] Jensen J. y J. Harvey Johnson. (1992). Husbandry and Medical Managment of Ostriches, Emus and Rheas. Chapter 4: Nutrition. College Station, Tx., pp. 129.
- [3] Kooijman S. A. L. M. (2000). Dynamic Energy and Mass Budgets in Biological Systems. 2 ed. Cambridge University Press.

- [4] Nagy K. A (1987) Field Metabolic Rate and Food Requirement Scaling in Mammals and Birds. *Ecology Ecological Monographs*. 57(2). pp 111-128
- [5] Nisbet R.N. y Gurney W.S.C (1986) The Formulation of Age-Structure Models. *Biomathematics*, Vol.17, *Mathematical Ecology*. Edited by T.G.Hallam and S.A Levin.
- [6] Roberts T, Kram R, Weyand P: G y Taylor C. R (1998) Energetics of Bipedal Running. *The Journal of Experimental Biology* 201, 2745-2751
- [7] Taylor C.R, Dmpel R, Fedak M y Schmidt-Nielsen (1971) Energetic cost of running and heat balance in large birds, the rhea. *American Journal of Physiology* . Vol 221.Nº 2.
- [8] Williams J.B., W. R. Siegfried, S.J. Milton, N.J. Adams, W.R.J. Dean, M.A. Du Plessis, S. Jackson y K.A. Nagy. (1993). Field Metabolism, Water Requirements, and Foraging Behavior of Wild Ostriches in the Namib. *Ecology* 74(2): 390-404.

Clasificación automática de voces patológicas

M. E. Torres y Gastón Schlotthauer

Laboratorio de Señales y Dinámicas no Lineales,

Facultad de Ingeniería, Univ. Nac. de Entre Ríos,

Ruta Prov. 11, Km 10, E3100HIB, Oro Verde, Entre Ríos, Argentina.

CC 47 Suc. 3 - E3100 Paraná, Entre Ríos, Argentina.

metorres@ceride.gov.ar, gschlotthauer@bioingenieria.edu.ar

Aun cuando la fonación normal y los desordenes de la voz pueden ser distinguidos cualitativamente por el oído humano debidamente entrenado, no existen en la actualidad sistemas que permitan realizar una cuantificación y estimación de la distribución de los datos correspondientes a las diferentes patologías. Este trabajo está motivado por el interés clínico puesto de manifiesto por los fonoaudiólogos y la necesidad de contribuir al desarrollo de técnicas que se orienten en este sentido.

En el área de la fonoaudiología es de interés clínico determinar, en primer lugar, si la fonación de un paciente es normal o patológica. Esta tarea resulta más complicada cuando se necesita precisar la patología, dado que en ciertos casos las voces de los pacientes suelen tener características similares aunque con patologías diferentes. Un caso importante es discriminar entre dos disfonías: disfonía por tensión muscular (muscular tension disphonia, MTD) y disfonía espasmódica (spasmodic disphonia, SD). La importancia yace en que los tratamientos para cada una de ellas son totalmente diferentes, y solamente pocos especialistas altamente entrenados pueden realizar un diagnóstico diferencial correcto. Las medidas temporales clásicas, basadas en la variación de la frecuencia fundamental y de la amplitud de períodos consecutivos de la señal de voz respectivamente, resultan de ayuda para distinguir entre voces normales y patológicas, pero no han sido suficientes para discriminar entre las disfonías arriba mencionadas. En la actualidad no existen herramientas que permitan la clasificación automática de estas patologías. Tal ausencia nos motivó a desarrollar nuevas técnicas que resulten de utilidad en el diagnóstico automático a partir del registro de la fonación de la vocal /a/ sostenida. En el presente trabajo en primer lugar realizamos una clasificación entre voces normales y patológicas. Posteriormente, procedemos a discriminar entre las dos patologías de interés. Para este fin utilizamos diferentes parámetros calculados a partir de la señal de voz. Estos son la fracción de señal localmente no vocalizada, el grado de quiebre vocal, tres medidas distintas de jitter (grado de variación de frecuencias fundamentales consecutivas de la voz en vocales sostenidas), y tres medidas distintas de shimmer (grado de variación de la amplitud de períodos consecutivos en vocales sostenidos). Con estos parámetros construimos los patrones para representar a cada uno de los pacientes. Se analiza el comportamiento como reconocedor automático de patrones de redes neuronales y de máquinas de soporte vectorial (support vector machines, SVM). Las redes neuronales se entrenaron mediante diferentes métodos, obteniendo resultados dependientes de tales métodos. En el caso de las SVMs se estudia aquí su comportamiento para diferentes kernels. Los avances aquí presentados indican una vía para el desarrollo de un método de diagnóstico

diferencial automático que puede resultar de ayuda al profesional fonoaudiólogo.

Automatic classification of pathological voices

Even if normal phonation and voice disorders can be qualitatively distinguished by the well trained human ear, nowadays it does not exist any system capable to perform a quantification and estimation of the distribution of the data corresponding to different pathologies. This work is motivated by the clinical interest made clear by the phonoaudiology community and the need to develop new techniques that could orientate in this sense.

In phonoaudiology it is clinically interesting to determine normal for pathological phonations. This task results more complicated when it is necessary to precise the pathology, given that in certain cases the voices of the patients can have similar characteristics but different pathologies. An important case is to discriminate between two dysphonias: muscular tension dysphonia (MTD) and spasmodic dysphonia. This importance lies in that the treatments are totally different, and only a few highly trained specialists can correctly diagnose the pathology. Classic temporal measures based on the fundamental frequency and consecutive periods amplitude variations help to distinguish between normal and pathological voices, but they are not enough to discriminate between the dysphonias above mentioned. At the present time there are no tools that allow the automatic classification of these pathologies. This absence motives us to develop new techniques that help in the automatic diagnosis from a sustained vowel /a/ record.

In the present work, we first classify the data in normal and pathological voices. Next, we proceed to discriminate between the two pathologies of our interest. With this aim in view we use different parameters calculated from the voice signal. The parameters are: the fraction of locally unvoiced signal, degree of vocal breaks, three different measurements of jitter (degree of difference between consecutive fundamental frequencies of sustained voice signal), and three different measurements of shimmer (degree of difference between the amplitudes of consecutive periods). With these parameters we build the patterns representing each patient. Neural networks (NN) and support vector machines (SVM) performances as automatic pattern recognizers are analyzed. Neural networks are trained by different methods, obtaining results that depend on such methods. In case of SVMs, its performance for different kernels is studied here. The presented advances point out a way for developing an automatic differential diagnosis method that could help to the phonoaudiologist.

Modelo metaquiral para la cabeza humana radiada por microondas y campos magnéticos emitidos por teléfonos celulares

H. Torres-Silva, M. Zamorano
Departamento de Electrónica
Universidad de Tarapacá, Casilla 6-D
18 Septiembre # 2222, Arica, Chile
htorres@uta.cl

Un método matemático numérico (diferencias finitas en el dominio del tiempo FDTD) para una señal de microondas magnetizada, propagándose en un modelo de cabeza humana es presentado. Los diferentes tejidos biológicos son caracterizados por el formalismo de Born-Fedorov. Para teléfonos GSM/PCS campos magnéticos de muy baja frecuencia son agregados al modelo cuando viajan a través de la cabeza del usuario (10 a 60 miligauss). Los puntos calientes encontrados dentro del tejido cerebral son debidos a la combinación de la microonda y el campo magnético producido por la batería del celular. Los resultados en un modelo de 2 D muestran la evolución de la tasa de absorción específica (SAR) con la distancia de penetración. Los picos de SAR son claramente sensibles al factor magnético quiral, que es importante en la capa de cerebro tipo metamaterial. El método FDTD fue usado para computar la SAR dentro de modelos MRI de cabeza consistente de varios tejidos para 0.9 GHz. Los picos localizados de SAR tienen un máximo dentro de la cabeza sobre 5 tejidos incluyendo piel, grasa, músculo, hueso y cerebro. La mas importante conclusión de nuestro trabajo es que la absorción global en la cabeza es mayor que los resultados encontrados para un modelo clásico.

Palabras claves: Ecuaciones de Maxwell; Meta magneto quiralidad; FDTD; SAR

Metachiral model for human head radiated by microwaves and magnetic field emitted from cellular phones

A mathematical numerical method (Finite-Difference Time-Domain FDTD) for a magnetized microwave signal emitted by a cellular phone, propagating in a human head model is presented. The different biological tissues are characterized by the Born-Fedorov formalism. For GSM/PCS phones extremely low frequency real pulsed magnetic fields are added to the model as they travel right through the whole of the user's head (10 to 60 milligauss).. The hot spots founded inside the brain layer are due to the combination of microwave and the magnetic field produced by the phone's battery. The results on a 2-D model show the evolution of the specific absorption rate, (SAR coefficient) with the distance inside the brain. The spatial peaks specific absorption rate (SAR) are clearly sensitive to the magnetic-chiral factor, which is important in the brain metamaterial layer. The FDTD method was used to compute the SARs inside the MRI based head models consisting of various tissues for 0.9 GHz.

The localized peaks SAR reach maximum inside the head for over five tissues including skin, fat, muscle, bone, and brain. The more important conclusion of our work is that the global head absorption, is bigger that the results founded for a classical model

Keywords: Maxwell equations, meta magnetochirality, FDTD, SAR

Dinámicas del modelo de depredación de Rosenzweig-McArthur considerando una forma aditiva para el efecto Allee

Fulvia E. Torres-Bravo¹ y Eduardo González-Olivares²

¹ Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Quindío

Carrera 15 Calle 12 Norte, Armenia, Quindío, Colombia

fulvia_esperanza@uniquindio.edu.co 57 (6) 746 0441 Fax: 57 (6) 7460 228

² Grupo de Ecología Matemática, Instituto de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso

Blanco Viel 596, Cerro Barón, Valparaíso, Chile

ejgonzal@ucv.cl 56 (32) 27 4001 Fax: 56 (32) 27 4041

La dinámica de una población se relaciona con su desarrollo en el tiempo y en el espacio, y esta determinada por factores que actúan en el organismo, en la población y en el medio ambiente. El tamaño que la población alcanza en un momento determinado depende entre otros aspectos, de su tasa de natalidad, mortalidad, migración y algunas poblaciones dependen, además, de la densidad inicial para poder crecer y permanecer en el tiempo.

En este trabajo analizamos un modelo de depredación determinista tiempo continuo del tipo Gause [FREED 1980], asumiendo que el crecimiento natural de las presas está afectado por el fenómeno llamado efecto Allee. En Dinámica Poblacional, cualquier mecanismo ecológico que permita establecer una relación positiva entre un componente medible de la adaptación (fitness) individual y el número o densidad de los conspecíficos es llamado un mecanismo de *efecto Allee* [KEN 03, STE 99], *depensación* [CLARK 90, DENN 89, LIER 01], o *efecto de competencia negativa* [WANG 99].

El efecto Allee es un importante e interesante fenómeno tanto en sentido matemático como ecológico. Desde un punto de vista ecológico, es una situación que se produce en bajas densidades poblacionales donde la tasa de crecimiento individual es una función creciente de la densidad [DENN 89], la cual aumenta sus posibilidades de extinción [COURC 99]; la importancia de este fenómeno ha sido enfatizado por los recientes desarrollos en algunos ámbitos de la ecología y la conservación de especies pudiendo ser considerado como la base de la sociabilidad animal [STE 99].

Matemáticamente, los modelos más simples para este efecto pueden revelar bastante acerca de esta dinámica [STE 99], porque puede implicar la aparición de nuevos puntos de equilibrio que cambia la estabilidad estructural del sistema y ocurrir cambios en la estabilidad de otros puntos de equilibrio.

Usualmente el efecto Allee se expresa modificando la función de crecimiento logístico de las presas por una función que incluye un nuevo factor $x - m$ como se hace en [BRAUER 01, CLARK 90], quedando la función de crecimiento de las presas descritas por la ecuación.

$$\frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m)x$$

donde $x = x(t)$ indica el tamaño de la población; en este trabajo esta forma la denominaremos *efecto Allee multiplicativo*.

En [MEN 04] se analizan las consecuencias que implica esta forma del efecto Allee en el conocido modelo de Rosenzweig-McArthur [TURC 03],

obteniéndose que siempre existe una curva separatriz que divide el comportamiento de las trayectorias de modo que si la relación presa-depredador es pequeña implica la extinción de ambas poblaciones.

En este trabajo se utiliza la alternativa propuesta en [STE 99, WANG 99] modificando la función de crecimiento logística mediante la agregación de un término de mortalidad adicional representando el efecto Allee, el cual ahora es descrito por la función $A(x) = \frac{nx}{x+b}$, la cual crece asintóticamente

con la densidad de las presas. En el libro de Thieme [THI 03] se hace una deducción matemática de esta forma que llamaremos *efecto Allee aditivo*. La interacción queda expresada por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales del tipo Kolmogorov [FREED 1980]:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= rx \left(1 - \frac{x}{K} - \frac{n}{x+b} \right) - \frac{qxy}{x+a} \\ \frac{dy}{dt} &= \left(\frac{px}{x+a} - c \right) y\end{aligned}$$

donde $x = x(t)$ y $y = y(t)$ son los tamaños poblacionales de las presas y los depredadores, respectivamente, para $t > 0$ y los parámetros tienen diferentes significados biológicos.

Se puede demostrar que ambas formas del efecto Allee son topológicamente equivalentes, pero estudiaremos si las consecuencias de la forma aditiva son similares a las de la forma multiplicativa. Se hace entonces un análisis cualitativo del modelo obtenido mediante la teoría de los sistemas dinámicos y obtenemos condiciones en los parámetros para establecer el diagrama de bifurcaciones determinando: la cantidad de los puntos de equilibrio en el primer cuadrante, la naturaleza de cada uno de ellos, la existencia de curvas separatrices, curvas homoclínicas o heteroclínicas, la cantidad de ciclos límites, etc.

Dynamics of Rosenzweig-McArthur predation model considering an additive form for the Allee effect

The dynamics of a population is its development in space and time; it is determined by factors that act in the organism, in the population and in the environment. The population size depend on their natality, mortality, migration and some depend besides the initial density to be able to grow and to remain in the time.

In this work we analyze a Gause type predator-prey model [FREED 1980], assuming that the natural prey growth it is affected by the Allee effect. In Population Dynamics, any ecological mechanism that can establish a positive relationship between measurable component of individual fitness) and either the number or density of conspecifics can be called mechanism of *Allee effect* [KEN 03, STE 99] or *depensation* [CLARK 90, DENN 89, LIER 01], or *negative competition effect* [WANG 99].

The Allee effect is an important and interesting phenomenon in both biological and mathematical sense. From biological point of view, the Allee effect it produces to low population densities when the individual growth rate is a increasing function with density [DENN 89], and for this its possibilities of extinction increases [COURC 99]; the importance of this

phenomenon has been emphasized by recent developments in diverse areas of ecology and conservation, and can be regarded as the basis of animal sociability [STE 99].

Mathematically, more simple models can show enough about this dynamic [STE 99], and it can imply the apparition of new equilibrium points that changes the structural stability of system and to occur changes in the stability of other equilibrium points.

Usually the Allee effect it is expressed modifying the logistic growth function by including a new factor $x - m$ as in [BRAUER 01, CLARK 90], obtaining that.

$$\frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) (x - m)x$$

where $x = x(t)$ indicates the prey population size that in this work we name *multiplicative Allee effect*.

In [MEN 04] the consequences that it implies the Allee effect in the well known Rosenzweig-McArthur model [TURC 03], modifying the logistic growth function of prey for a function that includes a new factor $(x - m)$ to represent the Allee effect or additional mortality, being $x = x(t)$ the prey population size. If $x < m$, the growth of prey population is negative and tends to 0.

Here, the alternative proposed in [STE 99, WANG 99] is used, modifying the natural growth function by adding an extra mortality term for represent the Allee effect, which is described by the function $A(x) = \frac{nx}{x+b}$,

which increase with density; but when x tends to 0, this function tends to zero. In the book by Thieme [THI 03] a mathematical deduction is made of this form that we call *additive Allee effect*. Now, the interaction is represented for the bidimensional Kolmogorov type differential equations system given by [FREED 1980]:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= r x \left(1 - \frac{x}{K} - \frac{n}{x+b} \right) - \frac{qxy}{x+a} \\ \frac{dy}{dt} &= \left(\frac{px}{x+a} - c \right) y \end{aligned}$$

where $x = x(t)$ and $y = y(t)$ indicate the predator and prey population size respectively for $t > 0$ (number of individual, density or biomass), and the parameters are all positives, having different biological meanings.

It can demonstrate that two forms for Allee effect are topologically equivalent, but we study if the consequences of additive form are similar to multiplicative form. We make a qualitative analysis of model using theory of dynamical systems and we obtain conditions in the parameter space for to establish the bifurcation diagram, determining the quantity of equilibrium point at the first quadrant, its nature, the existence of separatrix curves, heteroclinic or homoclinic curves, the number of limit cycles, and so on.

Referencias

[BRAUER 01] Brauer, F., and Castillo-Chávez, C., 2001 Mathematical models in Population Biology and Epidemiology, TAM 40, Springer-Verlag.

- [CLARK 90] Clark, C. W., 1990. Mathematical Bioeconomic. The optimal management of renewable resources, John Wiley and Sons.
- [COURC 99] Courchamp, F., Clutton-Brock, T., and Grenfell, B., 1999. Inverse dependence and the Allee effect, Trends in Ecology and Evolution Vol 14, No. 10, 405-410.
- [DENN 89] Dennis, B., 1989. Allee effects: population growth, critical density, and the chance of extinction, Natural Resource Modeling, Vol 3, No. 4, 481-538.
- [FREED 80] Freedman, H. I., 1990. Deterministic Mathematical Model in Population Ecology. Marcel Dekker.
- [KEN 03] Kent, A., Doncaster, C. P. and Sluckin, T. , 2003. Consequences for predators of rescue and Allee effects on prey, Ecological Modelling, Vol 162, 233-245.
- [LIER 01] Liermann, M. and R. Hilborn, 2001, Depensation: evidence models and implications, Fish and Fisheries, Vol. 2 33-58.
- [MEN 04] Meneses-Alcay, H. and González-Olivares, E., 2004. Consequences of the Allee effect on Rosenzweig-McArthur predator-prey model, In R. Mondaini (Ed.) Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Serviços Editoriais Ltda, Rio de Janeiro, Vol. 2 264-277.
- [STE 99] Stephens, P. A. and Sutherland, W. J. , 1999. Consequences of the Allee effect for behaviour, ecology and conservation. Trends in Ecol. Evo., Vol.14 n. 10, 401-405.
- [THI 03] Thieme, H. R. Mathematics in Population Biology, Princeton University Press.
- [TURC 03] Turchin, P., 2003 Complex population dynamics: a theoretical/ empirical synthesis, Princeton University Press .
- [WANG 99] Wang, G., Liang, X-G and Wang, F-Z. , 1999. The competitive dynamics of populations subject to an Allee effect, Ecological Modelling, Vol 124 183-192.

Modelación matemática de la cinética viral intracelular

Cruz Vargas De-León

Universidad Autónoma de Guerrero, Facultad de Matemáticas,
Av. Lázaro Cárdenas, S/n, Ciudad Universitaria, C.P. 39000, Guerrero, México.
czvdleon@yahoo.com.mx

Los virus son parásitos intracelulares microscópicos que requieren de una célula huésped. El virus es un agente genético que posee un ácido nucleico que puede ser ADN o ARN, rodeado de una envuelta de proteína. El proceso de multiplicación viral intracelular incluye la replicación del ácido nucleico, síntesis y degradación de RNA mensajero, síntesis y degradación de proteínas virales, ensamblaje de la cápside y escape del virus de la célula.

En este trabajo analizamos dos modelos matemáticos de la cinética intracelular para virus genéricos, desarrollado por Srivastava et al. "[Ver en: Stochastic vs. deterministic Modeling of intracellular viral kinetics". (2002). J. Theor. Biol. 218. pp. 309-321] y Zhdanov [Ver en: "Bifurcation in a generic model of intracellular viral kinetics". (2004). J. Phys. A: Math. Gen. 37 L36-L66].

Los modelos matemáticos están basados en sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias no-lineales. Los sistemas presentan un punto de equilibrio trivial y el punto de equilibrio de producción-viral. Proveemos resultados del análisis de estabilidad.

Se realizan simulaciones numéricas con el paquete *Maple*, Versión 9. Los parámetros requeridos para las simulaciones se deducen de la literatura. Nuestro estudio teórico revela que la tasa de multiplicación viral depende de la cinética de reacciones bioquímicas.

Palabras Claves: Cinética viral intracelular, EDO, Estabilidad Local, Equilibrio de producción-viral, Simulaciones numéricas

Mathematical modeling of intracellular viral kinetics

Viruses are submicroscopic obligate intracellular parasites that require a host cell. At their simplest, they consist of a nucleic acid genome, which may be DNA or RNA, surrounded by a protective shell of repeating protein subunits. The intracellular multiplication of virus include viral genome replication, mRNA synthesis and degradation, protein synthesis and degradation, capsid assembly and virion release from a cell.

In this paper we show two mathematical models of the intracellular kinetics of a generic virus, developed by Srivastava et al. [See also: "Stochastic vs. deterministic Modeling of intracellular viral kinetics". (2002). J. Theor. Biol. 218 pp. 309-321] and Zhdanov [See also: "Bifurcation in a generic model of intracellular viral kinetics". (2004). J. Phys. A: Math. Gen. 37 L36-L66].

The models are represented by systems of nonlinear ordinary differential equations (ODEs). Equilibria of the systems are given by trivial virus equilibrium and the virus production equilibrium. We then study the local stability of these equilibria.

Numerical algorithms to solve the given systems of ODEs are provided by *Maple Version 9*. Kinetic parameters required can be deduced from literature.

Our theoretical studies aim to reveal how the growth rate of a virus depends on the kinetics of its constituent biochemical reactions.

Keywords: Intracellular viral kinetics, ODEs, Local Stability, Virus-production equilibrium, Numerical simulations

Análisis de un modelo para la dinámica de infecciones virales

Cruz Vargas De-León

Universidad Autónoma de Guerrero, Facultad de Matemáticas, Av. Lázaro Cárdenas, S/n, Ciudad Universitaria, C.P. 39000, Guerrero, México.

czvdleon@yahoo.com.mx

Los virus son agentes infecciosos, parásitos intracelulares obligados que requieren de una célula huésped. Las partículas virales libres invaden a las células huésped y las convierten en células infectadas. Y las células infectadas producen nuevas partículas virales capaces de iniciar otros ciclos de infección.

En este trabajo se describe la dinámica de infecciones virales a través de un modelo matemático basado en ecuaciones diferenciales ordinarias que involucra tres variables: población de células huésped (células susceptibles al virus), $C(t)$; células infectadas, $I(t)$; y partículas virales libres, $V(t)$. El término de infección viral es de la forma bilineal de la ley de "acción de masas".

Se muestra que el análisis de estabilidad local está completamente determinado por el número reproductivo básico, R_0 . Si $R_0 < 1$, el estado de equilibrio libre de infección, E_0 es el único en la región de sentido biológico y es local asintóticamente estable, en este caso el virus declina y la infección decae. Si $R_0 > 1$, entonces E_0 es inestable y existe un estado de equilibrio endémico-infectado, E_1 es local asintóticamente estable, en este caso la infección viral se convierte en persistente.

El segundo método de Lyapunov provee la estabilidad global de los estados de equilibrio E_0 (para $R_0 \leq 1$) y E_1 (para $R_0 > 1$).

Se realizan simulaciones numéricas con el paquete *Maple*, versión 9. Los parámetros requeridos para las simulaciones se deducen de la literatura.

Palabras claves: Dinámica Viral, Número reproductivo básico, Estabilidad Local, Función Lyapunov, Simulaciones numéricas

Analysis of a model for the dynamics of viral infections

Viruses are infectious particles, obligate intracellular parasites that require a host cell. Virus particles invade host cells and transform them into infected cells. Infected cells produce new virus particles.

In this paper we described the dynamics of viral infections a through of mathematical model based on ordinary differential equation involving three variables: population sizes of uninfected cells (host cells), $C(t)$; infected cells, $I(t)$; and free virus particles, $V(t)$. The viral infections term is of the bilinear "mass-action" form.

We show that the study of local stability is completely determined by the basic reproductive number, R_0 . If $R_0 < 1$, infection-free equilibrium, E_0 is the only in the feasible region and it is locally asymptotically stable, in this case the virus cleared and the disease dies out. If $R_0 > 1$, then E_0 is unstable and there exists an unique endemic equilibrium, E_1 is locally asymptotically stable, in this case the viral infections becomes in persistent.

The second method of Lyapunov proving global stability of the equilibria E_0 (for $R_0 \leq 1$) and E_1 (for $R_0 > 1$).

Numerical algorithms to solve the given systems of ODEs are provided by *Maple, Version 9*. Required parameters can be obtained from literature.

Keywords: Virus Dynamics, Basic reproductive number, Local Stability, Functions Lyapunov, Numerical simulations

Estudio comparativo de modelos de depredación del tipo Gause con respuestas funcionales no-monotónicas de tipo racional

Sergio Véliz-Retamales, Eduardo González-Olivares

Betsabé González-Yañez

Grupo Ecología Matemática,

Instituto de Matemáticas,

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Casilla 4950, Valparaíso, Chile

sergio.veliz.r@mail.ucv.cl, ejgonzal@ucv.cl

En este trabajo analizamos comparativamente dos modelos de depredación deterministas tiempo continuo del tipo Gause [3] considerando que la respuesta funcional es de Holling tipo IV o no-monotónica [10]. Los modelos del tipo Gause se caracterizan porque la respuesta numérica de los depredadores es función de la tasa de consumo y corresponden a modelo compartimentados o de acción de masas. Son descritos por un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias de la forma:

$$X : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x) - y p(x) \\ \frac{dy}{dt} = (c p(x) - d)y \end{cases}$$

donde $x = x(t)$ e $y = y(t)$ indican los tamaños poblacionales (número de individuos, densidad o biomasa) de las presas y depredadores respectivamente. La función $F(x)$ representa la tasa de crecimiento de las presas y la función $p(x)$, es la *respuesta funcional* de los depredadores o *tasa de consumo*, o sea la tasa de cambio de la densidad de presas por depredador en cada unidad de tiempo.

Las respuestas funcionales del tipo IV describen el efecto de la formación de *grupos de defensa* o *agregación*, [2, 4, 9, 12, 13, 14, 15] que es una manifestación de un comportamiento antidepredatorio. La forma

más empleada es la función $h(x) = \frac{qx}{x^2 + a}$ [5, 6, 7, 8, 9] cuya deducción se

hace en [2]. Sin embargo en [15], se considera la función de consumo más

$$\text{general } h(x) = \frac{qx}{x^2 + bx + a}.$$

En anteriores trabajos [1, 11] hemos comprobado que cambiando la expresión para la respuesta funcional no-monotónica cambian los diagramas de bifurcaciones de los modelos y en este trabajo se pretende buscar una generalización de esos resultados. Los modelos son descritos por sistemas de ecuaciones diferenciales del tipo Kolmogorov [4]:

$$X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) x - \frac{qx^2}{x^4 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px^2}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases} \quad X_{\mu} : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) x - \frac{qx}{x^4 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases}$$

los parámetros son todos positivos teniendo diferentes significados biológicos y los sistemas son analizados en el primer cuadrante. Se demuestra que:

- 1) El punto de equilibrio $(0,0)$ siempre es punto silla y que la naturaleza de $(K, 0)$ depende de la existencia de puntos de equilibrio al interior del primer cuadrante.
- 2) Existen condiciones en los parámetros para los cuales hay dos puntos de equilibrio al interior del primer cuadrante (positivos), o bien uno de multiplicidad dos, o ninguno.
- 3) Cuando colapsan los puntos críticos positivos, este único punto puede ser un punto cúspide de codimensión 2 (bifurcación de Bogdanovic-Takens).
- 4) Existe una región en el espacio de parámetros donde dos ciclos límites pueden coexistir.

La extinción de la población de depredadores es posible porque el punto $(K,0)$ es atractor cuando existen dos puntos de equilibrio positivos.

Comparative study of Gause type predator-prey models with nonmonotonic functional response of rational type

In this work we make a comparative analyze of two deterministic continuous-time predator-prey models of Gause type considering a Holling type IV functional response which is nonmonotonic [10].

The Gause type models [4] are characterized by the predator numerical response which is a function of functional response, correspond to a compartmental models or mass action, and are described by a differential equations system of the form:

$$X: \begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x) - y p(x) \\ \frac{dy}{dt} = (c p(x) - d)y \end{cases}$$

where $x = x(t)$ and $y = y(t)$ indicate the predator and prey population size respectively for $t > 0$ (number of individual, density or biomass). Function $F(x)$ represents the prey growth rate and function $p(x)$ is the predator *functional response* or *consumption rate*, that is, it indicates the change in the density prey attached per unit time per predator as the prey density changes.

This function describes a type of antipredator behavior called *group defense* or *aggregation*, that is, a phenomenon whereby predators decrease, or even prevented altogether, due to the increased ability of the prey to better defend or disguise themselves when their number are large enough [2, 4, 9, 12, 13, 14, 15].

Most employed function is $h(x) = \frac{qx}{x^2 + a}$ [5, 6, 7, 8, 9], deduced in [2]. However, in [15], the more general form

$$h(x) = \frac{qx}{x^2 + bx + a} \text{ is used.}$$

In above works [1, 11] we have demonstrate that using different form to nonmonotonic functional response change the bifurcation diagram of system and in this work we pretend find a generalization of this results. Models that we will study are described by the following Kolmogorov type differential equations systems [3]:

$$X_\mu : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) x - \frac{qx^2}{x^4 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px^2}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases} \quad X_\mu : \begin{cases} \frac{dx}{dt} = r \left(1 - \frac{x}{K} \right) x - \frac{qx}{x^4 + a} y \\ \frac{dy}{dt} = \left(\frac{px}{x^4 + a} - c \right) y \end{cases}$$

parameters are all positives and have different biological meanings and systems are analyzed at the first quadrant. It is proved that

1) (0,0) is always a saddle point meanwhile the nature of (K,0) dependent if there exist equilibrium points at interior of the first quadrant.

2) There are conditions on the parameters for which it has two, one or none positives equilibrium point.

3) When collapse the positives equilibrium point, this is a cusp point of codimension 2 (Bogdanovic-Takens bifurcation)

4) There exist a region in the parameter space, where two limit cycles can coexist.

Extinction of predators it is can possible when there are two positive equilibrium points, because (K,0) is an atractor equilibrium point.

Referencias

- [1] Aguilera-Moya, A. and González-Olivares, E, 2004, A Gause type model with a generalized class of nonmonotonic functional response, In R. Mondaini (Ed.) Proceedings of the Third Brazilian Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-Papers Servicos Editoriais Ltda, Río de Janeiro, Vol. 2, 206-217.
- [2] Collings, J. B., 1997, The effect of the functional response on the bifurcation behavior of a mite predator-prey interaction model, Journal of Mathematical Biology, 36.149-168.
- [3] Freedman, H. I., 1980. Deterministic Mathematical Model in Population Ecology. Marcel Dekker.
- [4] Freedman, H. I., and Wolkowicz, G. S. W., 1986, Predator-prey systems with group defence: The paradox of enrichment revisited, Bulletin of Mathematical Biology Vol 8 No. 5/6, 493-508.
- [5] González-Olivares, E. 2003. A predator-prey model with nonmonotonic consumption function, In R. Mondaini (Ed.), Proceedings of the Second Brazilian

Bifurcación hacia atrás en modelos epidemiológicos.

José Geiser Villavicencio Pulido y José Ignacio Barradas Bribiesca.

Centro de Investigación en Matemáticas.

Jalisco s/n, Colonia Mineral de Valenciana.

Apartado Postal 402. Guanajuato Gto., México.

geiser@cimat.mx

Un fenómeno de considerable interés en epidemiología teórica es la existencia de estados de equilibrio múltiples y los mecanismos que los producen, ya sean epidemiológicos o los asociados a la población.

Por esta razón, los modelos que presentan bifurcación hacia atrás tienen importancia. Además, en los casos de los modelos simples SIS, SIR y un número considerable de generalizaciones, se presenta una bifurcación transcítica (hacia adelante), en la cual el equilibrio endémico existe si y sólo si $R_0 > 1$, así que no hay posibilidad de la existencia de un estado endémico cuando $R_0 < 1$.

En los modelos que presentan bifurcación hacia atrás el equilibrio endémico existe cuando $R_0 < 1$, así que bajo ciertas condiciones es posible que suceda una invasión o que un equilibrio endémico persista.

En este trabajo se caracteriza y analiza una familia de modelos que presentan bifurcación hacia atrás, y finalmente se darán algunas conclusiones sobre los mecanismos que la producen.

Backward bifurcation in epidemiological models

A phenomenon of considerable interest in theoretical epidemiology is that of the existence of multiple steady-states and the associated population and epidemiological mechanisms that produce them. Mathematical models that give rise to multiple steady-states show bifurcation phenomena. The presence of a backward bifurcation has important consequences for the population dynamics of infectious disease.

In this work we analyze a family of models with backward bifurcation and finally we give some conclusions about the mechanisms that produce them.

Controle ótimo do vetor da malária usando mosquitos geneticamente modificados para um sistema não-autônomo não-linear

Ana Paula Wyse¹, Luiz Bevilacqua², Marat Rafikov³

^{1,2} LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica

Av. Getúlio Vargas 333, 25651-075 Petrópolis-RJ

anawyse@lncc.br, bevi@lncc.br

³UNIJUI – Universidade Regional do Noroeste do Estado do RS

Rua São Francisco 501, 98700-000 Ijuí - RS

rafikov@unijui.tche.br

Malária é a doença tropical infecciosa que atinge mais pessoas no mundo do que qualquer outra doença. O maior número de casos na América ocorre no Brasil, sendo este o terceiro país em incidência da doença no mundo. No Brasil, 99% dos casos estão concentrados na região da Amazônia, onde as condições ambientais e sócio-econômicas favorecem a proliferação do vetor da malária.

Muitos esquemas para o controle de malária têm sido elaborados em diversos países, mas com sucesso abaixo das expectativas. Para que as estratégias de controle sejam mais eficientes, cientistas têm trabalhado na criação de mosquitos geneticamente modificados de forma a encapsular o *Plasmodium*. A idéia é cruzar estes mosquitos com mosquitos selvagens gerando descendentes refratários à doença, os quais substituirão a população de vetores ao longo do tempo.

Para que se obtenha diretrizes para o sucesso da substituição de mosquitos, os modelos matemáticos de evolução populacional têm uma importante função, fornecendo uma análise próxima à realidade. Através da formulação de um problema de controle ótimo para esses modelos, é possível indicar uma forma viável, eficaz e econômica para a implementação do processo de substituição da espécie.

O modelo matemático proposto neste trabalho contempla a interação entre mosquitos selvagens e geneticamente modificados, sendo este último o controlador do sistema. A variação sazonal na densidade populacional de mosquitos, que é uma característica de região Amazônica também é considerada.

A função de controle considerada neste trabalho tem duas partes: a primeira – feedforward control – mantém o sistema controlado na trajetória desejada; o segundo – feedback control – estabiliza o sistema em torno da trajetória desejada.

Finalmente, os experimentos numéricos que nós fizemos mostram a concordância do modelo com as informações coletadas e a eficácia do controlador.

Palavras-chave: controle ótimo, malária, mosquitos geneticamente modificados, sazonalidade

Optimal control of malaria vector using genetically modified mosquitoes for a nonlinear non-autonomous system

Malaria is the tropical infectious disease which menaces more people in the world than any other disease. The largest number of cases in America occurs in Brazil, being this one the third country in the disease incidence in the world. In Brazil, 99% of the cases are concentrated in the Amazônia region where the socioeconomic and natural environment conditions favor the proliferation of the vector mosquitoes of malaria.

Many malaria control schemes have been elaborated in several countries but success has been below of expectancy. For the control strategies to be more efficient, scientists have been working to create genetically modified mosquitoes in order to encapsulate the *Plasmodium*. The idea is to couple these mosquitoes with wild mosquitoes generating descending refractory to the disease, which would substitute over the long range.

In order to set the guidelines for a successful mosquitoes substitution, the mathematical models of population evolution play an important role supplying a close-to-reality analysis. Though the formulation of an optimal control problem for these models, it is possible to indicate a viable, effective and low budget manner of specie substitution implementation.

The mathematical model proposed in this work contemplates the interaction between wild and genetically modified mosquitoes, being the last one the controller of system. The seasonal variation of the mosquitoes populational density, which is a characteristic of the Amazônia region, also is taking into account.

The control function considered in this work has two parts: the first one - feedforward control - maintains the system controlled on desired trajectory; the other - feedback control - stabilizes the system around the desired trajectory.

Finally, the numerical experiments we have done have shown concordance of the model with collected data and the effectiveness of the controller.

Keywords: optimal control, malaria, genetically modified mosquitoes, seasonality

Referências

- [WYS 05] Wyse, A.P, Bevilacqua, L. e Rafikov, M. Population Dynamics of *An. darlingi* in the Presence of Genetically Modified Mosquitoes with Refractoriness to Malaria. Proc. Symp. Math. Comp. Biol. 2005
- [RAF 04] Rafikov, M., Balthazar, J. M. Síntese do Controle ótimo Linear Feedback para Sistemas que Exibem Caos. Anais do 3º Congresso Temático de Dinâmica e Controle da SBMAC. Available at CD-Room. 2004
- [FNS 02] Programa Nacional de Prevenção e Controle da Malária, Brasília: Ministério da Saúde. Fundação Nacional da Saúde – FUNASA, 2002.
- [CAT 00] Catteruccia, F. et al, Stable germline transformation of the malaria mosquito *Anopheles stephensi*, Nature, 405 (2000) 959-962.
- [OGA 95] Ogata, K., Engenharia do Controle Moderno. Addison Wesley, 1995.

Contribución del agua en la propagación de la infección por *Toxoplasma gondii*

Deccy Yaneth Trejos Angel

Escuela de Investigación en Biomatemática. Universidad del Quindío

Carrera 15 Calle 12 Norte, Armenia, Quindío, Colombia

deccy@uniquindio.edu.co

La toxoplasmosis es una zoonosis parasitaria que infecta una gran proporción de poblaciones humanas y animales, producida por el parásito *Toxoplasma gondii*. Algunos individuos corren un alto riesgo de enfermedad grave o fatal debido a este parásito; se incluyen los fetos y recién nacidos con infección congénita y las personas con deterioro inmunológico.

Algunos estudios epidemiológicos han mostrado que el agua es una fuente importante para la transmisión del parásito a diferentes hospederos intermediarios (humanos, animales domésticos), el presente trabajo pretende medir la contribución del agua en la propagación de la infección por *T. gondii* en la población humana mediante un sistema de ecuaciones diferenciales parciales definido en una región rectangular con condiciones de frontera e iniciales.

Posteriormente se obtiene la solución numérica del sistema y se hace la simulación variando algunos parámetros, equivalentes a diferentes medidas de control.

Palabras claves: Toxoplasma gondii, transmisión, modelo de difusión, propagación, contacto efectivo.

Contribution of the water in the infection propagation by *Toxoplasma gondii*

Toxoplasmosis is a parasitic zoonosis produced by *Toxoplasma gondii* parasite which infects considerable fraction of human and animal populations. Some individuals are more inclined of suffering serious diseases due to this parasite; the fetuses and new born with congenital infection and the people with immunological deterioration are included.

Epidemiological studies have shown that in most the water is an important way for the transmission of the parasite to different mediator hosts (human, domestic animals). In this work a model carries out to study the contribution of the water in the propagation of the infection by *T. gondii* in the human population by means of a system of partial differential equations defined in a region rectangular with initials and boundary conditions.

A numerical approximation of the system is obtained and computer simulations are made varying some parameters equivalent to different control measures.

Keywords: Toxoplasma gondii, transmission, diffusion model, effective contact, propagation.