

Estudio matemático de modelos de difusión de enfermedades



Marta Flamarique Echeverría
Trabajo de fin de grado en Matemáticas
Universidad de Zaragoza

Director del trabajo: Roberto Barrio Gil
28 de junio de 2019

Prólogo

Las matemáticas en los últimos años han tenido grandes avances relacionados con la biomatemática, que relaciona fenómenos de la vida real con las matemáticas, haciendo posible un estudio de gran interés para evitar catástrofes biológicas, como puede ser una epidemia de una enfermedad en una determinada población.

Es por ello que en este trabajo nos centraremos mayormente en el estudio analítico y numérico de modelos de propagación de enfermedades en una población.

Para ello introduciremos conceptos sobre estabilidad de Lyapunov, la cual nos permitirá hacer un estudio exhaustivo de los modelos de propagación de enfermedades que vamos a plantear. También nos centraremos en el estudio de varios tipos de bifurcaciones, que hacen mención al cambio de comportamiento del modelo según unos parámetros. Finalmente, en el estudio del modelo más completo que estudiaremos, e-SEIAR, observaremos unas simulaciones (usando PYTHON) que representarán los distintos casos de propagación que se pueden dar tras un tiempo determinado.

Summary

0.1. Introduction

Currently, there are many threats in the computer field. Computer worms can be a big problem for the future. That is why studies are done by applying the mathematics of its propagation. This spread of viruses over the Internet is similar to the spread of a disease over a population.

We introduce the basic concepts to be able to define several basic models of diseases. Individuals can be classified by different classes: susceptible (not infected but can contract the disease), exposed (has already come into contact with the virus even if symptoms are not shown or contagious), infectious (is infected by the pathogen and can infect others), recovered (there is no longer the possibility of infecting others and the immune system has eliminated the pathogen) and finally, carrier (it is capable of transmitting the virus although to a lesser extent than an infected one).

We will explain 5 different models: SIR, SIRS, SIS, e-SEIR and e-SEIAR.

0.2. Theory of stability and bifurcations

Stability is one of the most important properties in dynamical systems, since by making small changes in the initial conditions, stability studies what behavior our phenomenon will have.

In a linear system, the concept of stability is clear, since the necessary and sufficient conditions for stability are known (eigenvalue with negative real part implies stability and otherwise implies instability). However, in non-linear systems, analyzing stability is not so easy, since there could be more than one critical point and the stability may depend on the initial conditions.

The Hartman-Grobman theorem solves the problem in the case of having a hyperbolic point, since the stability problem for the non-linear system can be solved studying a linear approximation. However, when the eigenvalue is purely imaginary, the need for another approach arises.

This situation motivates the introduction of new concepts of stability, also known as Lyapunov theory. More specifically, We introduce concepts such as the stability of a point in the sense of Lyapunov, asymptotically global stability and instability.

We see the results which allow us to see in a simpler way the global stability in the critical points of a system. To begin with, we enunciate and prove the Lyapunov Theorem. Afterwards, we will introduce a more useful and powerful result, LaSalle's Theorem, which will be proven too.

Generally referring to dynamical systems, a bifurcation occurs when a small variation in the values of the parameters of the system (bifurcation parameters) causes a topological change in its behaviour.

We will see two types of bifurcations, the saddle-node bifurcations and the transcritical bifurcations.

With the chair-node bifurcations, the systems starts with two critical points (one of them stable and the other unstable) that collapse and vanish as the parameters change. On the other hand, with transcritical bifurcations the system starts with two critical points, one stable and one unstable. As the parameters change, these two points collide and exchange their stability. Note that this kind of bifurcations will appear in our subsequent analysis.

0.3. Analysis of several models

We are going to perform a quantitative study of the following models.

SIS

This model is composed of 2 states: S (susceptible) and I (infectious). In this case, immediately after the infection, the individual is infectious. Thus, the SIS model can be formulated by the following system of equations

$$\begin{cases} S'(t) = \gamma N - \beta \frac{SI}{N} - p\gamma I + \delta I - \sigma S \\ I'(t) = \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma)I \end{cases}$$

We obtain two critical points, one free of viruses and the other one endemic. We calculate the corresponding reproduction number and demonstrate by LaSalle theorem the following statement:

- If $\mathcal{R}_0 > 1$ then the endemic point P_1 exists and is also globally stable.

Finally we will see that there is a transcritical bifurcation between these two critical points.

SIRS

This model is composed of 3 states: S (susceptible), I (infectious) and R (recovered). In this case, an infectious individual may recover, becoming susceptible again. Therefore, the SIRS model can be formulated with the following dynamical system

$$\begin{cases} S'(t) = (\gamma + \alpha)N - \beta \frac{SI}{N} - (\alpha + p\gamma)I - (\alpha + \tau)S \\ I'(t) = \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \sigma - p\gamma)I \end{cases}$$

We obtain two critical points, one free of viruses and the other one endemic. We calculate the corresponding reproduction number and prove by LaSalle theorem the following statements:

- If $\mathcal{R}_0 > 1$ then the endemic point, is globally stable. In addition, the worm free point is unstable.
- If $\mathcal{R}_0 \leq 1$ then the worm free point is globally stable.

e-SEIAR

Finally, we will focus on the analysis of e-SEIAR model. This model is composed of 5 states: S (susceptible), E (exposed), I (infectious), A (benign worm) and R (recovered). Thus, the e-SEIAR model can be formulated with the following dynamical system

$$\begin{cases} S'(t) = \mu N - \beta_1 SE - \beta_2 SA - \mu S - \omega S \\ E'(t) = \beta_1 SE - (\mu + \alpha + \rho)E \\ I'(t) = \alpha E - \mu I - \beta_2 IA \\ A'(t) = \beta_2 SA + \beta_2 IA - (\mu + \gamma)A \\ R'(t) = \gamma A + \rho E + \omega S - \mu R \end{cases}$$

We get 4 critical points, one of them free of viruses (P_0), two other endemic (P_2, P_3) and another one (P_1) with benign worms. We will make an exhaustive study of the behavior of the stability of these critical points, using the stability theory of Lyapunov.

We will define two quantities in terms of the parameters stated in the model. These two quantities, \mathcal{R}_0 and τ , will determine the different convergence regions of each critical point. More precisely, we will prove that the endemic point P_2 is locally stable for $\mathcal{R}_0 > 1$ and $\mathcal{R}_0 > \tau$ and unstable otherwise. In the same way, we will analyze the stability of the other critical points according to the value of \mathcal{R}_0 and τ .

Moreover, we will see that we have two transcritical bifurcations between these points, one between the virus-free point and P_1 , and the other bifurcation develops between the virus-free equilibrium point and P_3 . And finally we have made some simulations that show the convergence of each critical point.

Índice general

Prólogo	III
Summary	V
0.1. Introduction	V
0.2. Theory of stability and bifurcations	V
0.3. Analysis of several models	VI
1. Introducción	1
1.1. Conceptos previos	1
1.2. Modelos básicos de enfermedades	1
1.2.1. Modelo SIR	2
1.2.2. Modelo SIRS	2
1.2.3. Modelo SIS	3
1.2.4. Modelo e-SEIR	3
1.2.5. Modelo e-SEIAR	4
2. Teoría de estabilidad y bifurcaciones	5
2.1. Estabilidad lineal	5
2.2. Teoría de Lyapunov	6
2.3. Bifurcaciones	10
2.3.1. Bifurcaciones silla-nodo	10
2.3.2. Bifurcaciones transcriticalas	11
3. Análisis de varios modelos	13
3.1. Modelo SIS	13
3.1.1. Bifurcaciones transcriticalas	14
3.2. Modelo SIRS	15
3.3. Modelo e-SEIAR	16
3.3.1. Punto de equilibrio libre de virus P_0	18
3.3.2. Punto de equilibrio endémico P_2	19
3.3.3. Comentarios respecto a los puntos de equilibrio P_1 y P_3	20
3.3.4. Bifurcaciones transcriticalas	21
3.3.5. Simulaciones	23
Bibliografía	27

INTRODUCCIÓN

1.1. Conceptos previos

Definición. Un gusano informático es un programa maligno, el cual puede propagarse de dispositivo a dispositivo, sin ser necesaria una acción humana. Estos gusanos se basan en una red de computadoras para enviar copias de sí mismos a otras terminales en la red a través de Internet.

Definición. El Internet de las Cosas (IOT en inglés, Internet of Things) es la interconexión que hay entre objetos cotidianos con internet.

A día de hoy, la mayor parte de nuestros electrodomésticos están conectados a la red. Los gusanos informáticos causan muchos daños significativos a la infraestructura de Internet y son una gran amenaza a la confidencialidad, integridad y disponibilidad de recursos tecnológicos.

Actualmente esta amenaza es mas grave que antes, ya que la sociedad maneja interconexiones como el Internet de las Cosas, que hace que prácticamente todo lo que nos rodea esté de alguna forma conectado a Internet. Las aplicaciones nuevas de mensajería instantánea hacen que un mensaje pueda estar siendo dirigido a mas de un dispositivo al mismo tiempo, lo que significa que el virus puede propagarse desde uno a varios en un solo instante. Si los gusanos informáticos empiezan a propagarse de forma descontrolada puede provocar una situación alarmante.

Este tipo de propagación es totalmente fiel a la forma de propagarse una enfermedad entre personas, por lo que hacer un estudio de los modelos básicos de enfermedades es igualmente útil para hacer un estudio de la propagación de gusanos informáticos por la red.

1.2. Modelos básicos de enfermedades

Vamos a introducir una serie de modelos de enfermedades deterministas, es decir, modelos en los que los individuos pueden ser infectados aleatoriamente.

Aunque a los individuos se les suele clasificar en función del estado de su enfermedad, desde el punto de vista de la modelización resulta mucho más útil dividir la población según su capacidad para transmitir la enfermedad. Es por ello que podemos separar la población en las siguientes clases:

- **Susceptible:** Individuo que no está infectado por el patógeno, pero, de entrar en contacto con éste, tiene riesgo de contraer la enfermedad.
- **Expuesto:** Individuo que ha entrado en contacto con el patógeno el cuál se está desarrollando. En esta clase, el individuo puede que no muestre síntomas o que no sea capaz de contagiar a otros ya que la cantidad de patógeno es muy baja.
- **Infecioso:** Individuo que pasa a ser contagioso para otros individuos susceptibles ya que el patógeno se ha desarrollado lo suficiente.

- **Recuperado:** Individuo en el cual el sistema inmunológico ha eliminado el patógeno, ya no existe posibilidad de contagio a otros, además, de entrar de nuevo en contacto con el patógeno, el sistema inmunológico lo eliminará inmediatamente.
- **Portador:** Individuo que ha superado la enfermedad, pero mantiene una cierta cantidad de patógeno en su organismo. Esto provoca que el individuo siga siendo capaz de transmitir la enfermedad, pero en mucha menor medida que un individuo infectado.

Además, según que enfermedad estemos tratando de modelizar, es posible que los individuos que superen la enfermedad no desarrollen una respuesta inmune a ésta, por lo que consideraríamos que los individuos vuelven a la clase de susceptible. Una vez descrita cada una de las clases de individuos que podemos observar en nuestros modelos, vamos a proceder a describir varios de ellos, basándonos en [6] los cuales dependen de unos parámetros que definiremos a continuación según vayan introduciéndose. N es el número de individuos de una población que será igual a la suma de los individuos de cada clase.

1.2.1. Modelo SIR

Este modelo está compuesto por 3 clases distintas: S (susceptible), I (infeccioso) y R (recuperado).

Vamos a considerar varios parámetros introducidos en [1] para poder introducir el sistema de este modelo: β es la tasa de infección, γ es la tasa de nacimientos, $1/\sigma$ es la esperanza de vida media de los susceptibles (mueren por otras causas que no son la enfermedad), $1/\delta$ es el periodo medio de infección y por último, p es la fracción de nacimientos infectados.

Mediante un gráfico por cajas (véase en la Figura 1.1), donde cada caja representa cada tipo de individuo, vamos a ver el proceso de la modelización de la enfermedad en este modelo en particular. Veremos que hay dos tipos de transmisiones, las transmisiones horizontales, que se corresponden a las transmisiones entre las distintas clases, y por otro lado las transmisiones verticales, correspondientes a los nacimientos y las muertes de los individuos por diversas causas, donde en este caso γN y $\gamma p I$ se corresponden a la transmisión de la enfermedad por parte de los padres a los recién nacidos.

De este modo, el modelo SIS se puede formular mediante el siguiente sistema de ecuaciones

$$\begin{cases} S'(t) = \gamma N - \beta \frac{SI}{N} - p\gamma I + \delta I - \sigma S \\ I'(t) = \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \sigma - p\gamma)I \end{cases}$$

La formulación correspondiente al resto de modelos la veremos detalladamente en el Capítulo 3.

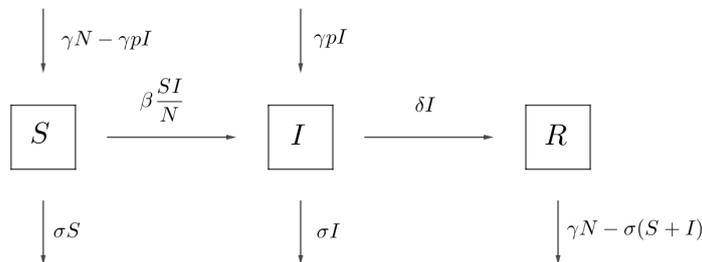


Figura 1.1: Diagrama de transición de estados del modelo SIR

1.2.2. Modelo SIRS

El modelo SIRS es la extensión del modelo SIR, ya que en este caso los individuos recuperados pueden perder la inmunidad a la enfermedad y formar de nuevo parte de la clase de susceptibles.

En este caso (también mencionado en [1]) se añade un nuevo parámetro $1/\alpha$ el cual hace referencia al periodo medio de inmunidad. En el caso de que la inmunidad sea permanente, el periodo medio de inmunidad definido como $1/\alpha$ es infinito, por lo que $\alpha = 0$. Este será el caso del modelo SIR. Por tanto podemos decir que el modelo SIRS para $\alpha = 0$ se reduce al modelo SIR. Veámoslo en la Figura 1.2

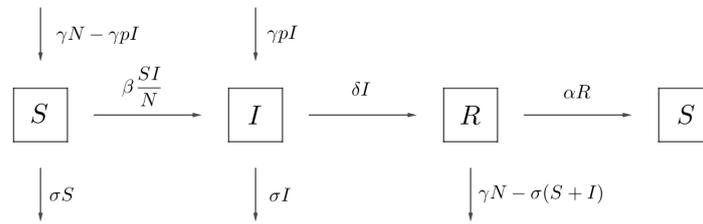


Figura 1.2: Diagrama de transición de estados del modelo SIRS

1.2.3. Modelo SIS

Este otro modelo (véase en [1]) es una simplificación del modelo SIR ya que el individuo recobra no desarrolla inmunidad sino que vuelve a ser susceptible una vez que ya no está en la clase de infectados.

Vamos a considerar el parámetro ϵ , el cual indica la tasa de mortalidad provocado por la enfermedad. Para visualizarlo mejor, veamos la Figura 1.3

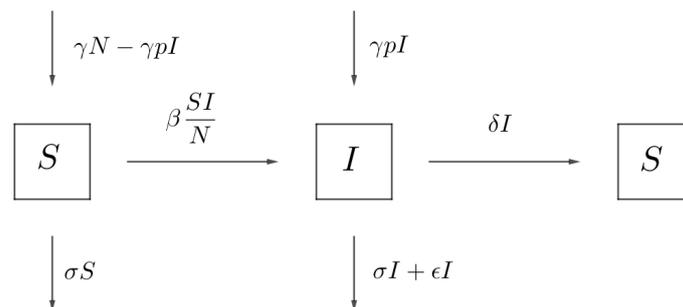


Figura 1.3: Diagrama de transición de estados del modelo SIS

1.2.4. Modelo e-SEIR

Este otro modelo es similar al modelo SIR, pero tiene en cuenta el hecho de que algunos virus pasan por un período de latencia antes de que el individuo se vuelva infeccioso. Para ello añade una nueva clase de individuos, E (expuesto).

Además este modelo (véase en [4]) tiene una particularidad nueva respecto al resto de modelos ya analizados. En la vida real, muchas personas intentan proteger sus dispositivos mediante antivirus, pero no tiene el mismo efecto colocar un antivirus a un dispositivo según en que clase esté. Es por ello que vamos a distinguir distintos parámetros entre el paso de un estado a otro. Debida a esta particularidad, el modelo es denotado e-SEIR.

Introducimos los siguientes parámetros: N número de individuos, μ tasa de reemplazamiento de individuos (tasa de mortalidad), β_1 tasa de infección de los virus, donde $\beta_1 = \frac{\alpha\phi_1}{N}$ donde ϕ_1 representa el número medio de vecinos que tiene el virus, α tasa de transición del estado E al estado I, ρ tasa de transición del estado E al estado R, ω tasa de transición del estado S al estado R y describen el impacto

de la de la implantación a tiempo real de la inmunización. Obtenemos una representación gráfica en la Figura 1.4

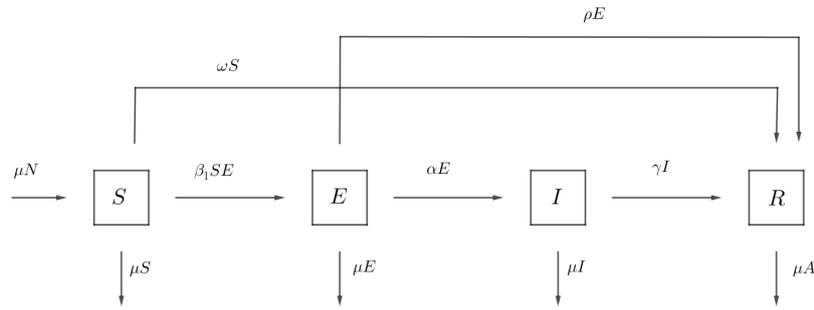


Figura 1.4: Diagrama de transición de estados del modelo e-SEIR

1.2.5. Modelo e-SEIAR

Este nuevo modelo (véase en [3]) está compuesto por 5 estados, 4 de ellos son los ya comentados anteriormente: S (susceptible), E (expuesto), I (infeccioso) y R (recuperado) y añadimos un nuevo estado A (Portador), el cual consiste en la acción de un virus benigno que transforma un virus maligno en benigno.

Vamos a considerar nuevos parámetros para poder introducir el sistema de este modelo. En este caso aparece β_2 que representa la tasa de infección de los virus benignos y γ tasa de recuperación del estado A al estado R,

Además, la tasa de los virus benignos se puede expresar como $\beta_2 = \frac{\alpha \phi_2}{N}$ donde ϕ_2 es el número medio de vecinos de un virus benigno. Veamos un gráfico representando este modelo en la Figura 1.5

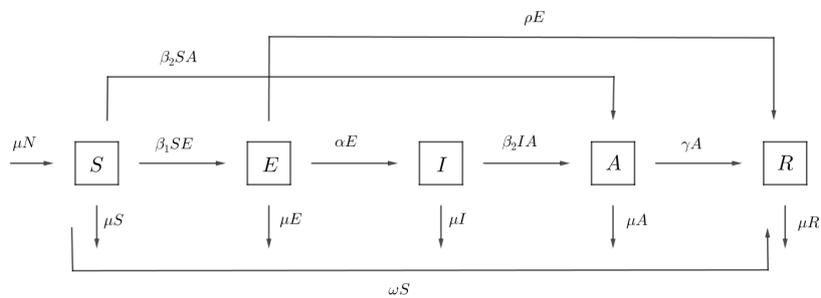


Figura 1.5: Diagrama de transición de estados del modelo e-SEIAR

TEORÍA DE ESTABILIDAD Y BIFURCACIONES

2.1. Estabilidad lineal

La estabilidad es una de las propiedades más importantes en los sistemas dinámicos, ya que haciendo pequeñas modificaciones en las condiciones iniciales, la estabilidad estudia qué comportamiento va a tener nuestro fenómeno. Según qué tipo de sistemas analicemos, nos puede surgir algún que otro problema. Para ello vamos a introducir varios conceptos sobre estabilidad tanto en el caso de sistemas lineales como no lineales, ya que los sistemas que se presentan en los fenómenos naturales son mucho más complejos que lo que expresa la simple linealidad. En un sistema lineal, el concepto de estabilidad queda claro, ya que las condiciones necesarias y suficientes para la estabilidad son conocidas (valor propio con parte real negativa implica estabilidad y en caso contrario implica inestabilidad). Hay varios criterios que permiten hacer este análisis como es el criterio de Routh-Hurwitz.

Sin embargo, en sistemas no lineales la situación no es tan sencilla de analizar, ya que puede haber más de un punto crítico y la convergencia a uno estable puede depender de las condiciones iniciales.

Consideramos el sistema no lineal autónomo dado por

$$\dot{x} = f(x)$$

donde $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ es una aplicación localmente Lipschitz con $D \subset \mathbb{R}^n$. Supongamos que $x_0 \in D$ es un punto crítico, es decir, $f(x_0) = 0$. Vamos a caracterizar la estabilidad de x_0 .

Sea x_0 un punto de equilibrio hiperbólico, es decir, todo valor propio de $J(x_0)$ tiene parte real distinta de 0. Veamos un teorema que nos permita analizar el comportamiento de estabilidad de un sistema no lineal a partir del comportamiento de un sistema lineal. Para este resultado, es importante tener en cuenta que dos sistemas son topológicamente equivalentes cuando tienen la misma información cualitativa, y se dicen topológicamente conjugados cuando además esa información se preserva en el tiempo.

Teorema 2.1 (Hartman-Grobman). Si el flujo generado por $\dot{x} = f(x)$ y $\dot{x} = Ax$ siendo $A = J(x_0)$ tiene un punto x_0 tal que $f(x_0) = 0$ y x_0 es hiperbólico entonces los flujos de ambos sistemas son topológicamente conjugados unos de otros.

Es por ello que hasta entonces en el caso de tener un punto hiperbólico, podemos ver la estabilidad de un sistema no lineal de forma sencilla. ¿Qué ocurre en el caso de que tengamos un valor propio con parte real nula? Es aquí donde necesitamos introducir nuevos conceptos de estabilidad, la teoría basada en Lyapunov.

2.2. Teoría de Lyapunov

Definición 2.1 (Punto estable). Un punto crítico x_0 es **estable** (en el sentido de Lyapunov) si $\forall \epsilon > 0, \exists \delta = \delta(\epsilon)$ tal que

$$\|x(0) - x_0\| < \delta \implies \|x(t) - x_0\| < \epsilon, \forall t \geq 0$$

Veamos una imagen representativa en la Figura 2.1 obtenida de ??

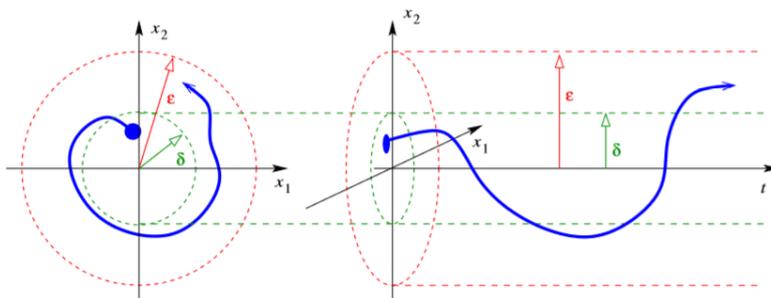


Figura 2.1: Punto de equilibrio estable

Sin embargo, aunque la definición de punto estable según Lyapunov implique mantenernos tras una evolución en un entorno, esto no implica convergencia al punto. Si queremos analizar la convergencia al punto tenemos que añadir otro nuevo concepto, el de punto asintóticamente estable.

Definición 2.2 (Punto asintóticamente estable local). El punto crítico x_0 es **asintóticamente estable local** (en el sentido de Lyapunov) si es estable en el sentido de Lyapunov y δ se puede elegir tal que

$$\|x(0) - x_0\| < \delta \implies \lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = x_0$$

Veamos una imagen representativa en la Figura 2.2

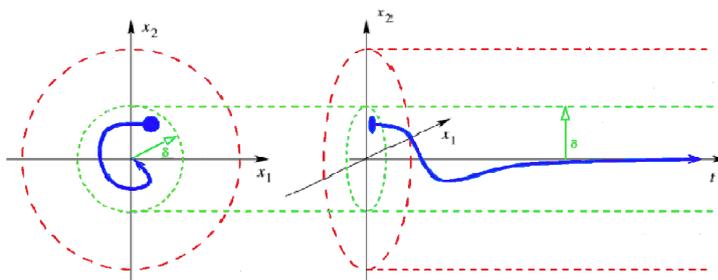


Figura 2.2: Punto de equilibrio asintóticamente estable local

Ahora añadimos un nuevo concepto que nos permite asegurar estabilidad no solo local sino global, es decir, no hará falta escoger un punto en un entorno en concreto para ver que tras una evolución converge al punto crítico, sino que para cualquier inicial punto convergerá al punto crítico.

Definición 2.3 (Punto asintóticamente estable global). El punto crítico x_0 es **asintóticamente estable global** (en el sentido de Lyapunov) si es estable en el sentido de Lyapunov y se tiene que

$\forall x(0) \in \mathbb{R}^n$ se cumple

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

Definición 2.4 (Punto inestable). El punto crítico x_0 es **inestable** (en el sentido de Lyapunov) si no es estable.

Veamos algún resultado (véase en [5]) que nos permita ver la estabilidad de los puntos de equilibrio

Teorema 2.2 (Lyapunov [5]). Sea x_0 un punto crítico y sea $D \subset \mathbb{R}^n$ un dominio que contiene a x_0 . Sea $V : D \rightarrow \mathbb{R}$ una función continuamente diferenciable tal que

$$V(x_0) = 0 \quad \text{y} \quad V(x) > 0 \quad \text{en} \quad D - \{x_0\}$$

$$\dot{V}(x) \leq 0 \quad \text{en} \quad D$$

Entonces x_0 es estable. Más aún, si

$$\dot{V}(x) < 0 \quad \text{en} \quad D - \{x_0\}$$

Entonces x_0 es asintóticamente estable global.

Demostración Veamos primero que x_0 es un punto crítico estable. Sin pérdida de generalidad, vamos a asumir que $x_0 = 0$.

Sea $\varepsilon > 0$, elegimos $r \in (0, \varepsilon]$ tal que

$$B_r = \{x \in \mathbb{R}^n \mid \|x\| \leq r\} \subset D$$

Sea $\alpha = \min_{\|x\|=r} V(x)$. Entonces $\alpha > 0$ ya que por hipótesis sabemos que $V(x) > 0$ en $D - \{0\}$. Tomamos $\beta \in (0, \alpha)$ y sea $\Omega_\beta = \{x \in B_r \mid V(x) \leq \beta\}$. Entonces Ω_β está en el interior de B_r ya que si no fuera así, existiría un punto $p \in \Omega_\beta$ en la frontera de B_r y en ese punto, $V(p) \geq \alpha > \beta$, pero tenemos que $\forall x \in \Omega_\beta$ $V(x) \leq \beta$, por lo que sería contradicción. Por hipótesis de nuevo, sabemos que $\dot{V}(x) \leq 0$ en D , por lo tanto

$$\dot{V}(x(t)) \leq 0 \implies V(x(t)) \leq V(x(0)) \leq \beta, \forall t \geq 0$$

es decir, el conjunto Ω_β tiene la propiedad de que toda trayectoria que comienza en Ω_β en $t = 0$ permanece en Ω_β , $\forall t \geq 0$, dicho de otra manera, el conjunto Ω_β es invariante positivo. Como Ω_β es un conjunto compacto ya que es cerrado por definición y acotado porque está contenido en B_r , concluimos por el Teorema 2.9 de [5] que $\dot{x} = f(x)$ tiene una única solución definida para todo $t \geq 0$ cuando $x(0) \in \Omega_\beta$.

Como por hipótesis V es continua y $V(0) = 0$, $\exists \delta > 0$ tal que

$$\|x\| \leq \delta \implies V(x) < \beta$$

Veamos una imagen en la Figura 2.3 representativa de las regiones que se están definiendo en esta demostración.

Entonces obtenemos que $B_\delta \subset \Omega_\beta \subset B_r$ y

$$x(0) \in B_\delta \implies x(0) \in \Omega_\beta \implies x(t) \in \Omega_\beta \implies x(t) \in B_r, \forall t \geq 0$$

Y por lo tanto

$$\|x(0)\| \leq \delta \implies \|x(t)\| < r \leq \varepsilon, \forall t \geq 0$$

lo que demuestra que el punto crítico x_0 en el origen es estable.

2.2. Teoría de Lyapunov

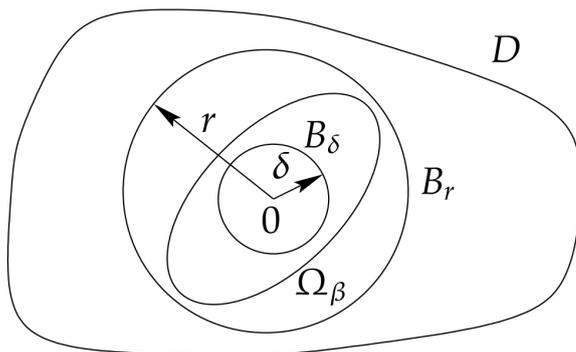


Figura 2.3: Regiones demostración

Veamos ahora la segunda parte de la demostración donde veremos que $x = 0$ es un punto crítico asintóticamente estable.

Por hipótesis sabemos que $\dot{V}(x) < 0$ en $D - \{0\}$. Para demostrar que $x = 0$ es asintóticamente estable basta probar que $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = 0$. Como V es continua y $V(0) = 0$, es suficiente probar que $\lim_{t \rightarrow \infty} V(x(t)) = 0$. Como $V(x(t))$ es monótona decreciente y está acotada inferiormente por 0, podemos asegurar que $\lim_{t \rightarrow \infty} V(x(t)) = c \geq 0$. Solo nos falta ver entonces que $c = 0$. Para ello supongamos que $c > 0$ y lleguemos a una contradicción. Por continuidad de $V(x)$, $\exists d > 0$ tal que $B_d \subset \Omega_c$. El límite $V(x(t)) \rightarrow c > 0$ implica que la trayectoria $x(t)$ permanece fuera de la bola B_d , $\forall t \geq 0$. Sea $-\gamma = \max_{d \leq \|x\| \leq r} \dot{V}(x)$, el cual existe porque la función continua $\dot{V}(x)$ alcanza un máximo sobre el conjunto compacto $\{d \leq \|x\| \leq r\}$. Sabemos además que $-\gamma < 0$ ya que $\dot{V}(x) < 0$ en $D - \{0\}$. Integrando $\dot{V}(x)$ tenemos por Barrow

$$\begin{aligned} V(x(t)) &= V(x(0)) + \int_0^t \dot{V}(x(\tau)) d\tau \\ &\leq V(x(0)) - \gamma t \end{aligned}$$

Y como el lado derecho se va a hacer negativo después de un cierto tiempo, la desigualdad contradice la suposición de que $c > 0$. \square

Definición 2.5 (Función de Lyapunov). Se dice que $V : D \rightarrow \mathbb{R}$ continuamente diferenciable tal que

$$V(0) = 0 \text{ y } V(x) > 0 \text{ en } D - \{0\}$$

$$\dot{V}(x) \leq 0 \text{ en } D$$

es una **función de Lyapunov**.

Definición 2.6. Una función $V(x)$ que satisface $V(0) = 0$ y $V(x) > 0$ en $D - \{0\}$ se dice **definida positiva**. Si satisface la condición $V(x) \geq 0$ para $x \neq 0$ se dice que es **semidefinida positiva**. Una función se dice **definida negativa** o **semidefinida negativa** si $-V(x)$ es definida positiva o semidefinida positiva, respectivamente. Por último, si $V(x)$ no tiene signo definido con respecto a alguno de estos cuatro casos se dice **indefinida**.

Es por ello que podemos volver a enunciar el teorema de Lyapunov con estos nuevos términos ($x_0 = 0$)

Teorema 2.3 (Lyapunov). Si existe una función $V(x)$ definida positiva y continuamente diferenciable tal que $\dot{V}(x)$ es semidefinida negativa, entonces $x_0 = 0$ es estable. Más aún, si $\dot{V}(x)$ es definida negativa, entonces $x_0 = 0$ es asintóticamente estable global.

Visto este resultado de gran importancia en la teoría de Lyapunov, introducimos alguna que otra definición para poder enunciar otros resultados que nos permitan asegurar la estabilidad asintóticamente estable global en un punto de equilibrio. Destacamos la importancia de estos resultado ya que la estabilidad asintótica local es relativamente sencilla de calcular mediante resultados ya vistos en sistemas lineales, sin embargo, para asegurar estabilidad asintótica global, vamos a necesitar de esta teoría mas compleja de Lyapunov.

Definición 2.7 (Punto límite positivo). Un punto p es un **punto límite positivo** de $x(t)$ si existe una secuencia $\{t_n\}$ con $\lim_{n \rightarrow \infty} t_n = \infty$ tal que $\lim_{n \rightarrow \infty} x(t_n) = p$. Además el conjunto de todos los puntos límites positivos de $x(t)$ se denomina el **conjunto límite positivo** de $x(t)$.

Definición 2.8 (Conjunto invariante). Un conjunto M es un **conjunto invariante** con respecto a $\dot{x} = f(x)$ si

$$x(0) \in M \implies x(t) \in M, \forall t \in \mathbb{R}$$

Además, M se dice **conjunto invariante positivo** si $t \geq 0$.

Sin embargo, hay un resultado mas fuerte el cual nos permite asegurar estabilidad global a un conjunto el cual estará compuesto por únicamente nuestro punto crítico. En este caso la desigualdad no es estricta, por lo que nos da una gran ventaja respecto al teorema de Lyapunov.

Teorema 2.4 (LaSalle [5]). Sea $\Omega \subset D$ un conjunto compacto que es invariante positivo con respecto a $\dot{x} = f(x)$. Sea $V : D \rightarrow \mathbb{R}$ una función continuamente diferenciable tal que $\dot{V}(x) \leq 0$ en Ω . Sea E el conjunto de todos los puntos de Ω donde $\dot{V}(x) = 0$. Sea M el mayor conjunto invariante de E . Entonces toda solución que comienza en Ω tiende a M cuando $t \rightarrow \infty$.

Demostración Sea $x(t)$ una solución de $\dot{x} = f(x)$ que comienza en Ω . Como $\dot{V}(x) \leq 0$ en Ω , entonces $V(x(t))$ es una función decreciente de t . Como $V(x)$ es continua en el conjunto compacto Ω , está acotada inferiormente en Ω , por lo que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} V(x(t)) = a$$

Notemos también que el conjunto límite positivo L^+ está en Ω ya que Ω es un conjunto cerrado. Para cada $p \in L^+$, existe una secuencia t_n tal que $t_n \rightarrow \infty$ y $x(t_n) \rightarrow p$ cuando $n \rightarrow \infty$. Por continuidad de $V(x)$ tenemos

$$V(p) = \lim_{n \rightarrow \infty} V(x(t_n)) = a \implies V(x) = a \text{ en } L^+$$

Además sabemos por el Lema 3.4 de [5] que si una solución $x(t)$ de $\dot{x} = f(x)$ es acotada y permanece en D para todo $t \geq 0$, entonces su conjunto límite positivo L^+ es un conjunto invariante, no vacío y compacto. Además $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = L^+$. Por lo tanto, L^+ es un conjunto invariante y entonces $\dot{V}(x) = 0$ en L^+ . Es así que

$$L^+ \subset M \subset E \subset \Omega$$

Además como $x(t)$ está acotada, por lo que hemos comentado anteriormente, podemos asegurar que $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = L^+$, y finalmente podemos concluir que $x(t)$ tiende a M cuando $t \rightarrow \infty$. \square

Una vez estudiada la forma de analizar la estabilidad de un sistema no lineal en el caso de que algún valor propio sea 0, es de esperar que para cierto valor de los parámetros, ocurra algún cambio topológico brusco entre los puntos críticos. Es por ello que vamos a introducir el concepto de bifurcación.

2.3. Bifurcaciones

Generalmente en referencia a sistemas dinámicos, una bifurcación se da cuando una pequeña variación en los valores de los parámetros de un sistema (parámetros de bifurcación) causa un cambio topológico en su comportamiento.

Hay 2 tipos de bifurcaciones, locales y globales, y entre ellas hay muchas variantes. Vamos a hacer el estudio de dos de ellas:

2.3.1. Bifurcaciones silla-nodo

Las bifurcaciones silla-nodo son un tipo de bifurcación tanto local como global de una ecuación diferencial ordinaria en el que dos puntos fijos de un sistema dinámico chocan. Si el espacio de fase es unidimensional, uno de los puntos de equilibrio es inestable (la silla), mientras que la otra es estable (el nodo).

Teorema 2.5 (Bifurcación silla-nodo). Sea $\dot{x} = f(x, \mu)$ tal que
 Consideramos de nuevo el sistema estacionario $f(x_0, \mu_0) = f_x(x_0, \mu_0) = 0$. Entonces si

$$f_\mu(x_0, \mu_0) \neq 0 \text{ y } f_{xx}(x_0, \mu_0) \neq 0$$

existe una curva continua de puntos de equilibrio en un entorno de $(x, \mu) = (x_0, \mu_0)$ que es tangente a $\mu = \mu_0$ en (x_0, μ_0) . Si $f_\mu f_{xx} < 0$ (respectivamente > 0) no hay equilibrios en un entorno de (x_0, μ_0) si $\mu < 0$ (respectivamente > 0), mientras que para cada $\mu > 0$ (respectivamente < 0) en un entorno suficientemente pequeño del origen hay dos equilibrios cerca de $x = x_0$. Para $\mu \neq \mu_0$ estos equilibrios son hiperbólicos y el mayor es estable y el menos inestable si $f_{xx} < 0$. Las propiedades de estabilidad cambian si $f_{xx} > 0$.

Supongamos que un punto de equilibrio lo tenemos fijo y el otro depende de un parámetro μ . La idea de este tipo de bifurcaciones es que según el valor del parámetro, uno de los puntos es inestable y el otro estable hasta que llegan a cierto valor donde ambos puntos coinciden. Pasado ese cierto valor no existe ningún punto crítico estable ni inestable. Veamos gráficamente esta situación en la Figura 2.4

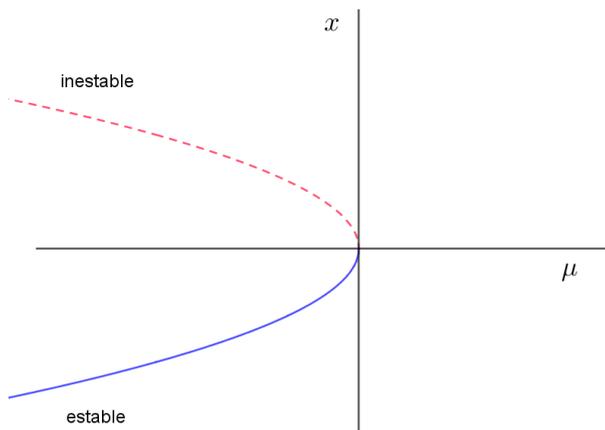


Figura 2.4: Bifurcación silla-nodo

Ejemplo 1. Veamos mediante un ejemplo la idea de una bifurcación silla-nodo. Este ejemplo sirve para todo caso de bifurcación silla-nodo que nos encontremos ya que por [9] podemos llegar a esta expresión.

$$\dot{x} = -\mu - x^2$$

Calculamos los puntos críticos, que los obtenemos igualando esta expresión a cero. Los puntos críticos entonces son $x_0 = \sqrt{-\mu}$ y $x_1 = -\sqrt{-\mu}$. Veremos que según el valor de μ los puntos críticos tienen distinta estabilidad.

El jacobiano de esta ecuación es $-2x$. Evaluamos el jacobiano en los puntos críticos y obtenemos que $J(x_0) = -2\sqrt{-\mu}$ y $J(x_1) = 2\sqrt{-\mu}$, que se corresponden a los valores propios. Sabemos por un resultado básico de estabilidad, que si los valores propios son negativos, entonces el punto crítico en cuestión es estable y viceversa. Por lo tanto

- Si $\mu < 0$ entonces x_0 es estable y x_1 es inestable.
- Si $\mu = 0$ ambos puntos coinciden.
- Si $\mu > 0$ no hay puntos críticos.

Veamos gráficamente esta situación en la Figura 2.5

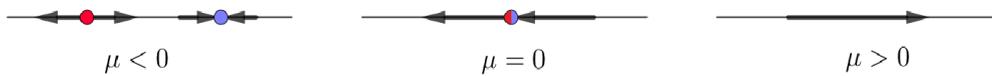


Figura 2.5: Ejemplo bifurcación silla-nodo

Ahora vamos a centrarnos en un caso particular de esta bifurcación en la cual una de las condiciones no se cumple, ya que en este caso $f_{\mu}(x_0, \mu_0) = 0$ además de otras condiciones.

2.3.2. Bifurcaciones transcriticalas

Hay ciertas situaciones donde un punto fijo debe existir para todos los valores de un parámetro y nunca puede ser destruido. Sin embargo, en modelos simples para el crecimiento de una sola especie, hay un punto fijo en la población cero, independientemente de los valores de la tasa de crecimiento. Sin embargo, tal punto fijo puede cambiar su estabilidad a medida que se varíe el parámetro. La bifurcación transcritical es el mecanismo estándar para tales cambios en la estabilidad, que aunque biológicamente no tengan sentido, matemáticamente se puede estudiar el comportamiento.

Teorema 2.6 (Bifurcación transcriticala). Sea $\dot{x} = f(x, \mu)$ tal que $f(x_0, \mu_0) = f_x(x_0, \mu_0) = 0$. Entonces si

$$f_{\mu}(x_0, \mu_0) = 0 \quad f_{xx}(x_0, \mu_0) \neq 0 \quad \text{y} \quad f_{\mu x}^2(x_0, \mu_0) - f_{xx}(x_0, \mu_0)f_{\mu\mu}(x_0, \mu_0) > 0$$

existen dos curvas de equilibrios en un entorno de $(x, \mu) = (x_0, \mu_0)$. Estas curvas se cortan transversalmente en el origen y para cada $\mu \neq 0$ suficientemente pequeño hay dos equilibrios hiperbólicos próximos a $x = x_0$. El mayor es estable y el menor inestable si $f_{xx}(x_0, \mu_0) < 0$. La situación es la contraria si $f_{xx}(x_0, \mu_0) > 0$.

Supongamos que un punto de equilibrio lo tenemos fijo y el otro depende de un parámetro μ . La idea de este tipo de bifurcaciones es que según el valor del parámetro, uno de los puntos es inestable y el otro estable hasta que llegan a cierto valor donde ambos puntos coinciden. Pasado ese cierto valor vuelven a tener distinta estabilidad contraria a la de antes. Veamos gráficamente esta situación en la Figura 2.6

La diferencia con la bifurcación silla-nodo mayormente es que en este caso pasado un valor del parámetro hace que los puntos críticos simplemente intercambian su estabilidad mientras que en una bifurcación silla-nodo, pasado cierto valor del parámetro no existe ningún punto crítico.

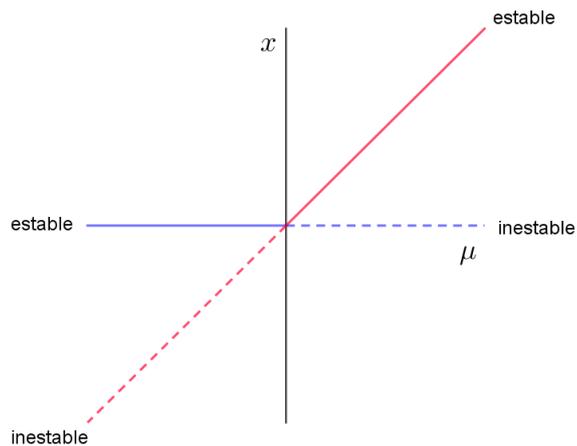


Figura 2.6: Bifurcación transcritical

Ejemplo 2. Veamos mediante un ejemplo la idea de una bifurcación transcritical. Este ejemplo sirve para todo caso de bifurcación transcritical que nos encontremos ya que por [9] podemos llegar a esta expresión

$$\dot{x} = \mu x - x^2$$

Calculamos los puntos críticos, que los obtenemos igualando esta expresión a cero. Los puntos críticos entonces son $x = 0$ y $x = \mu$. Veremos que según el valor de μ los puntos críticos tienen distinta estabilidad.

El jacobiano de esta ecuación es $r - 2x$. Evaluamos el jacobiano en los puntos críticos y obtenemos que $J(x = 0) = \mu$ y $J(x = \mu) = -\mu$, que se corresponden a los valores propios. Sabemos por un resultado básico de estabilidad, que si los valores propios son negativos, entonces el punto crítico en cuestión es estable y viceversa. Por lo tanto

- Si $\mu < 0$ entonces $x = 0$ es estable y $x = r$ es inestable.
- Si $\mu = 0$ ambos puntos coinciden.
- Si $\mu > 0$ entonces $x = 0$ es inestable y $x = \mu$ es estable.

Veamos gráficamente esta situación en la Figura 2.7

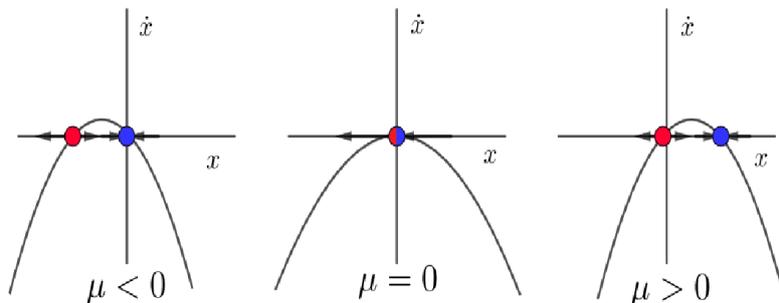


Figura 2.7: Ejemplo bifurcación transcritical

ANÁLISIS DE VARIOS MODELOS

3.1. Modelo SIS

Este modelo, como ya hemos comentado antes, está compuesto por 2 estados: S (susceptible) e I (infeccioso). En este caso después de la infección, el individuo es susceptible a la enfermedad inmediatamente.

De este modo, el modelo SIS se puede formular mediante el siguiente sistema de ecuaciones

$$\begin{cases} S'(t) = \gamma N - \beta \frac{SI}{N} - p\gamma I + \delta I - \sigma S \\ I'(t) = \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma)I \end{cases}$$

Calculamos los puntos críticos del sistema igualando estas dos ecuaciones a cero y despejando los valores de S y de I para cada punto. De este modo obtenemos 2 puntos críticos, que serán

$$\begin{cases} P_0 = (S_0, I_0) = \left(\frac{\gamma N}{\sigma}, 0 \right) \\ P_1 = (S_1, I_1) = \left(\frac{\gamma N}{\mathcal{R}_0 \sigma}, \frac{\gamma N}{\sigma + \varepsilon} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) \right) \end{cases}$$

siendo $\mathcal{R}_0 = \beta\gamma/\sigma(\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma)$, el número de reproducción básico. El valor de \mathcal{R}_0 será de gran utilidad para marcar el umbral entre unos resultados de estabilidad en los puntos críticos y otros.

Es trivial observando el sistema y el punto de equilibrio endémico las dos siguientes igualdades

$$\beta \frac{S_1 I_1}{N} = \gamma N + (\delta - p\gamma)I_1 - \sigma S_1 = (\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma)I_1$$

Proposición 3.1 ([1]). Si $\mathcal{R}_0 > 1$ entonces el punto endémico P_1 existe y además es globalmente estable.

Demostración Veamos que el punto de equilibrio P_1 es globalmente estable. Para ello definimos la función de Lyapunov

$$U(S, I) = S_1 \left(\frac{S}{S_1} - \ln \frac{S}{S_1} \right) + \frac{\sigma + \varepsilon}{\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma} I_1 \left(\frac{I}{I_1} - \ln \frac{I}{I_1} \right)$$

Por lo que derivando respecto de t esta misma función obtenemos por [1]

$$\begin{aligned}
\dot{U}(S, I) &= S' - S_1 \left(\frac{S'}{S} \right) + \frac{\sigma + \varepsilon}{\delta + \sigma + \varepsilon - p\gamma} I_1 \left(\frac{I'}{I_1} - \frac{I'}{I} \right) \\
&= \gamma N - \beta \frac{SI}{N} + (\delta - p\gamma)I - \sigma S - \gamma N \frac{S_1}{S} + \beta \frac{S_1}{N} I - (\delta - p\gamma) \frac{S_1}{S} I + \sigma S_1 + (\sigma + \varepsilon)(I - I_1) \left(\frac{S}{S_1} - 1 \right) \\
&= \gamma N \left(2 - \frac{S}{S_1} - \frac{S_1}{S} \right) + (\delta - p\gamma)I \left(2 - \frac{S}{S_1} - \frac{S_1}{S} \right) \\
&= -(\gamma N + (\delta - p\gamma)I) \frac{S}{S_1} \left(1 - \frac{S_1}{S} \right)^2
\end{aligned}$$

Esto ocurre si $S, I \geq 0$ y si además $(\delta - p\gamma) \geq 0$. El hecho de que $\dot{U}(S, I) = 0$ solo es posible si $S = S_1$ que eso es verdad cuando nos encontramos en el punto endémico. Por lo que por la teoría comentada anteriormente, tenemos que el único conjunto invariante del sistema es el punto de equilibrio endémico, y por tanto, es asintóticamente estable global.

Sin embargo nos falta observar el caso $\delta - p\gamma < 0$, el cual va a ser estudiado mediante un cambio de variable $(S, I) \rightarrow (T, I)$ donde $T = S - \frac{\delta - p\gamma}{\beta} N$.

$$\begin{cases} T'(t) = \tilde{\gamma}N - \beta \frac{TI}{N} - \sigma T \\ I'(t) = \beta \frac{TI}{N} - (\sigma + \varepsilon)I \end{cases}$$

donde $\tilde{\gamma} = \gamma + \sigma(p\gamma - \delta)/\beta > 0$. De este modo el punto endémico se reformula de la siguiente manera

$$P_1 = (T_1, I_1) = \left(\frac{\sigma + \varepsilon}{\beta} N, \frac{\beta \tilde{\gamma} - \sigma(\sigma + \varepsilon)}{\beta(\sigma + \varepsilon)} N \right)$$

Una vez realizado este cambio de variable, volvemos a formular la siguiente función de Lyapunov y la derivamos respecto de t

$$V(T, I) = T_1 \left(\frac{T}{T_1} - \ln \frac{T}{T_1} \right) + I_1 \left(\frac{I}{I_1} - \ln \frac{I}{I_1} \right)$$

$$\begin{aligned}
\dot{U}(S, I) &= \tilde{\gamma}N - \beta \frac{TI}{N} - \sigma T - \tilde{\gamma}N \frac{T_1}{T} + \beta \frac{T_1}{N} I + \sigma T_1 + \beta \frac{TI}{N} - (\sigma + \varepsilon)I - \beta \frac{T_1}{N} T + (\sigma + \varepsilon)T_1 \\
&= -\tilde{\gamma}N \frac{T}{T_1} \left(1 - \frac{T_1}{T} \right)^2 \\
&\leq 0 \qquad \qquad \qquad \forall T, I \geq 0
\end{aligned}$$

De este modo queda probado por el Teorema de LaSalle que el punto endémico P_1 es asintóticamente estable global. \square

3.1.1. Bifurcaciones transcricas

Además vamos a observar como en este tipo de modelos, entre los puntos críticos encontramos una bifurcación transcrica. Para empezar calculamos los valores propios en el punto de intersección de los dos puntos, es decir, calculamos el Jacobiano y lo evaluamos en cualquiera de los dos puntos P_0 o P_1 .

Como obtenemos una matriz triangular superior, sabemos que los valores propios de $J(P_0)$ correspondientes son los elementos de la diagonal, que en el caso de que $\mathcal{R}_0 = 1$, son $\lambda_1 = -\sigma$ y $\lambda_2 = 0$.

Es decir, tenemos un valor propio nulo, lo cual esto implica cambios de estabilidad entre puntos críticos. Estos cambios de estabilidad se comportan en este caso como una bifurcación transcrica.

En la Figura 3.1 la primera figura al no tener valores de la poblaciones negativos tiene sentido biológicamente hablando. Sin embargo para poder hacer un estudio mas exhaustivo, tenemos que hacer una interpretación matemática, lo que representa la segunda figura.

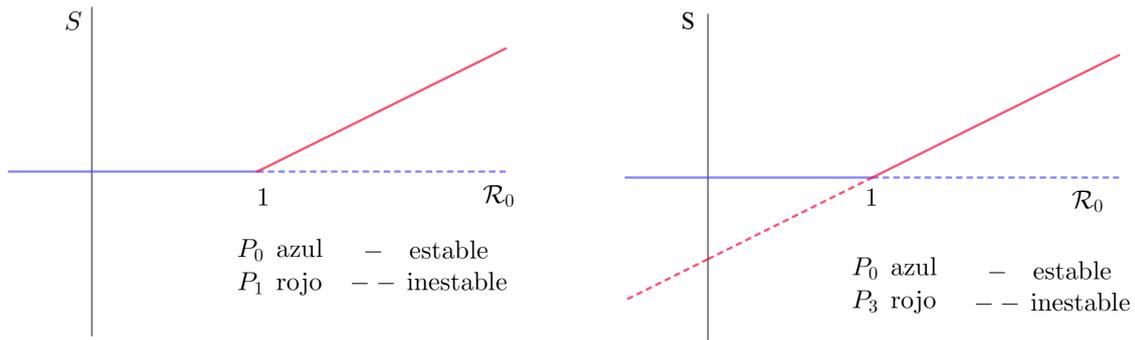


Figura 3.1: Bifurcación transcítica vista desde el punto biológico y matemático

3.2. Modelo SIRS

Este modelo, como ya hemos comentado antes, está compuesto por 3 estados: S (susceptible), I (infeccioso) y R (recuperado). En este caso después de la infección, el individuo se recupera y puede que después de recuperarse vuelva a ser susceptible a la enfermedad.

De este modo, el modelo SIRS se puede formular mediante el siguiente sistema de ecuaciones

$$\begin{cases} S'(t) = (\gamma + \alpha)N - \beta \frac{SI}{N} - (\alpha + p\gamma)I - (\alpha + \sigma)S \\ I'(t) = \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \sigma - p\gamma)I \end{cases}$$

Calculamos los puntos críticos del sistema igualando estas dos ecuaciones a cero y despejando los valores de S y de I para cada punto. De este modo obtenemos 2 puntos críticos, que serán

$$\begin{cases} P_0 = (S_0, I_0) = \left(\left(\frac{\gamma + \alpha}{\alpha + \sigma} \right), 0 \right) \\ P_1 = (S_1, I_1) = \left(\left(\frac{\alpha + \gamma}{\alpha + \sigma} \right) \frac{N}{\mathcal{R}_0}, \frac{\alpha + \gamma}{\delta + \sigma + \alpha} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) N \right) \end{cases}$$

siendo $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta(\alpha + \gamma)}{(\alpha + \sigma)(\delta + \sigma - p\gamma)}$.

Proposición 3.2 ([1]). Si $\mathcal{R}_0 > 1$ entonces el punto endémico P_1 existe y es globalmente estable. Además el punto libre de virus P_0 es inestable.

Demostración Comenzamos haciendo un cambio de variable $(S, I) \rightarrow (T, I)$ donde $T = S + \frac{\alpha + p\gamma}{\beta}N$.

$$\begin{cases} T'(t) = \tilde{\gamma}N - \beta \frac{TI}{N} - \tilde{\sigma}T \\ I'(t) = \beta \frac{TI}{N} - \tilde{\delta}I \end{cases}$$

donde $\tilde{\gamma} = \gamma + \alpha + (\alpha + \sigma)(\alpha + p\gamma)/\beta$, $\tilde{\delta} = \alpha + \delta + \sigma$ y $\tilde{\sigma} = \alpha + \sigma$. De este modo el punto endémico se reformula de la siguiente manera

$$P_1 = (T_1, I_1) = \left(\frac{\tilde{\gamma}N}{\tilde{\delta}\mathcal{R}_0}, \frac{\tilde{\gamma}}{\tilde{\delta}} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) N \right) \quad \text{con} \quad \mathcal{R}_0 = \frac{\beta\tilde{\gamma}}{\tilde{\sigma}\tilde{\delta}}$$

Definimos la siguiente función de Lyapunov

$$V(T, I) = T_1 \left(\frac{T}{T_1} - \ln \frac{T}{T_1} \right) + I_1 \left(\frac{I}{I_1} - \ln \frac{I}{I_1} \right)$$

la cual satisface que

$$\frac{dV}{dT} = 1 - \frac{T_1}{T}, \quad \frac{dV}{dI} = 1 - \frac{I_1}{I}$$

Ahora vamos a aplicar el Teorema de Lasalle para ver que es punto endémico es estable global. Para ello veamos que $\dot{V}(T, I) \leq 0$.

$$\begin{aligned}
\dot{V}(T, I) &= \tilde{\gamma}N - \beta \frac{TI}{N} - \tilde{\sigma}T - \tilde{\gamma}N \frac{T_1}{T} + \beta \frac{T_1}{N}I + \tilde{\sigma}T_1 + \beta \frac{TI}{N} - \tilde{\delta}I - \beta \frac{TI_1}{N} + \tilde{\delta}I_1 \\
&= \tilde{\gamma}N \left(1 - \frac{T_1}{T} - \frac{T}{T_1} + 1\right) + \frac{\tilde{\sigma}\tilde{\delta}}{\beta}N \left(-\frac{T}{T_1} + 1 + \frac{T}{T_1} - 1\right) \\
&= -\tilde{\gamma}N \frac{T_1}{T} \left(1 - \frac{T}{T_1}\right)^2 \\
&\leq 0 \qquad \qquad \qquad \forall T, I \geq 0
\end{aligned}$$

□

Proposición 3.3 ([1]). Sea $\mathcal{R}_0 \leq 1$ entonces el punto libre de virus P_0 es globalmente estable.

Demostración Definimos la siguiente función de Lyapunov con el cambio de variable anterior

$$V(T, I) = T_0 \left(\frac{T}{T_0} - \ln \frac{T}{T_0} \right) + I$$

la cual satisface la siguiente condición

$$\dot{V}(T, I) = -\tilde{\gamma} \frac{T_0}{T} N \left(1 - \frac{T}{T_0}\right)^2 - \tilde{\delta}(1 - \mathcal{R}_0)I \leq 0 \qquad \forall T, I \geq 0$$

por lo que por el Teorema de LaSalle, deducimos que el punto no endémico es globalmente estable. □

3.3. Modelo e-SEIAR

Este modelo, como ya hemos comentado antes, está compuesto por 5 estados: S (susceptible), E (expuesto), I (infeccioso), A (portador) y R (recuperado). El número total de individuos (N) está particionado por estos 5 grupos de estado y cualquier individuos puede estar en uno de los grupos en un momento t . Es por ello que obtenemos la siguiente ecuación

$$S(t) + E(t) + I(t) + A(t) + R(t) = N$$

Nuestro modelo e-SEIAR se puede formular de la siguiente manera

$$\begin{cases}
S'(t) = \mu N - \beta_1 SE - \beta_2 SA - \mu S - \omega S \\
E'(t) = \beta_1 SE - (\mu + \alpha + \rho)E \\
I'(t) = \alpha E - \mu I - \beta_2 IA \\
A'(t) = \beta_2 SA + \beta_2 IA - (\mu + \gamma)A \\
R'(t) = \gamma A + \rho E + \omega S - \mu R
\end{cases}$$

Ya que es estado R no aparece explícitamente en ninguna de las 4 primeras ecuaciones del sistema, la dinámica de este sistema será la misma dinámica que del sistema reducido a las 4 primeras ecuaciones, quedando el sistema

$$\begin{cases}
S'(t) = \mu N - \beta_1 SE - \beta_2 SA - \mu S - \omega S \\
E'(t) = \beta_1 SE - (\mu + \alpha + \rho)E \\
I'(t) = \alpha E - \mu I - \beta_2 IA \\
A'(t) = \beta_2 SA + \beta_2 IA - (\mu + \gamma)A
\end{cases}$$

Sumando las ecuaciones de este último sistema obtenemos que $(S + E + I + A)' = \mu(N - (S + E + I + A)) - \omega S - \rho S - \gamma A \leq \mu(N - (S + E + I + A))$ por lo que haciendo $\limsup_{t \rightarrow \infty} (S(t) + E(t) +$

$I(t) + A(t) \leq N$ obtenemos un conjunto positivamente invariante, es decir, que una vez que entra una trayectoria al conjunto ya no sale de ella para cualquier valor de t . Este conjunto es

$$\Omega = \{(S, E, I, A) \in \mathbb{R}^4 \mid S + E + I + A \leq N\}$$

Una vez visto esto vamos a analizar la estabilidad de este sistema. Para ello vamos a calcular los puntos de equilibrio igualando estas expresiones a cero y analizarlos.

De este modo obtenemos 4 puntos de equilibrio

$$\begin{cases} P_0 = (S_0, E_0, I_0, A_0) = \left(\frac{\mu}{\mu+\omega} N, 0, 0, 0 \right) \\ P_1 = (S_1, E_1, I_1, A_1) = \left(\frac{\mu+\gamma}{\beta_2}, 0, 0, \frac{\beta_2 \mu N - (\mu+\omega)(\mu+\gamma)}{\beta_2(\mu+\gamma)} \right) \\ P_2 = (S_2, E_2, I_2, A_2) = \left(\frac{\mu+\alpha+\rho}{\beta_1}, \frac{I_2(N\mu - S_2\omega)}{S_2(I_2\beta_1) + \alpha}, \frac{\mu+\gamma}{\beta_2} - \frac{\mu+\alpha+\rho}{\beta_1}, \frac{N\alpha\mu - I_2S_2\beta_1\mu - S_2\alpha\mu - S_2\alpha\omega}{S_2\beta_2(I_2\beta_1 + \alpha)} \right) \\ P_3 = (S_3, E_3, I_3, A_3) = \left(\frac{\mu+\alpha+\rho}{\beta_1}, \frac{I_3\mu}{\alpha}, \frac{\alpha N}{\mu+\alpha+\rho} - \frac{\alpha(\mu+\omega)}{\mu\beta_1}, 0 \right) \end{cases}$$

P_0 lo denominaremos el punto de equilibrio libre de virus, ya que las componentes E_0 , I_0 y A_0 son cero. Por otro lado el punto P_1 tiene las componentes E_1 , I_1 nulas, pero contiene virus benignos. Estos dos primeros puntos los hemos obtenido igualando $E = 0$ a la hora de resolver el sistema.

Los otros dos puntos, P_2 y P_3 serán endémicos, es decir, afectados por los virus, calculándolos en el caso $E > 0$.

Para el análisis de estos modelos, tendremos un valor umbral que nos determinará regiones para la convergencia a según que punto crítico. Este valor es denominando **número de reproducción básico**. Para definirlo vamos a introducir una serie de conceptos básicos bien definidos en [7].

Consideramos una población formada por n clases distintas entre sí. Sea $x = (x_1, \dots, x_n)^t$ donde cada $x_i \geq 0$ es el número de individuos en cada compartimento. Supongamos que los primeros m compartimentos corresponde a clases donde los individuos están infectados por la enfermedad. Sea $X_s = \{x \geq 0 \mid x_i = 0, i = 1, \dots, m\}$. Con el fin de calcular el valor de \mathcal{R}_0 , definimos los siguientes conceptos: $\mathcal{F}_i(x)$ el ratio de aparición de nuevas infecciones en el compartimento i , $\mathcal{V}_i^-(x)$ el ratio de transmisión de enfermedades de un individuo al compartimento i y sea $\mathcal{V}_i^+(x)$ el ratio de transmisión de enfermedades del compartimento i a un individuo.

Es por ello que un problema de transmisión de enfermedades con condiciones iniciales no negativas se puede expresar de la siguiente forma

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x) \quad i = 1, \dots, n \quad \text{donde} \quad \mathcal{V}_i = \mathcal{V}_i^- - \mathcal{V}_i^+$$

Además estas funciones satisfacen las siguientes condiciones.

- (A1) Si $x \geq 0$, entonces $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^+, \mathcal{V}_i^- \geq 0$.
- (A2) Si $x_i = 0$, entonces $\mathcal{V}_i^- = 0$. En particular, si $x \in X_s$ entonces $\mathcal{V}_i^- = 0$ para $i = 1, \dots, m$.
- (A3) $\mathcal{F}_i = 0$ si $i > m$.
- (A4) Si $x \in X_s$ entonces $\mathcal{F}_i = 0$ y $\mathcal{V}_i^+ = 0$ para $i = 1, \dots, m$.
- (A5) Si $\mathcal{F}(x)$ es cero, entonces los valores propios $Jf(x_0)$ tienen parte real negativa.

De este modo se puede definir el número de reproducción básico como

$$\mathcal{R}_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1})$$

Finalmente se puede formular este resultado el cual nos será de gran utilidad para analizar la estabilidad local de algún punto crítico, donde su estabilidad dependerá de \mathcal{R}_0 .

3.3. Modelo e-SEIAR

Teorema 3.1 ([7]). Sea $\dot{x} = f(x)$ un sistema autónomo que satisface las condiciones (A1)-(A5). Si x_0 es un punto crítico no endémico, este es asintóticamente estable local si $\mathcal{R}_0 < 1$ e inestable si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Una vez comentados todos estos conceptos, procedemos al análisis del modelo e-SEIAR. Sea $x = (E, I, A, S)^T$, el modelo lo podemos reescribir

$$\frac{dx}{dt} = \mathcal{F}(x) - \mathcal{V}(x)$$

donde

$$\mathcal{F}(x) = \begin{pmatrix} \beta_1 SE \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad \mathcal{V}(x) = \begin{pmatrix} (\mu + \alpha + \rho)E \\ -\alpha E + \mu I + \beta_2 IA \\ -\beta_2 SA - \beta_2 IA + (\mu + \gamma)A \\ -\mu N + \beta_1 SE + \beta_2 SA + \mu S + \omega S \end{pmatrix}$$

Derivando ambas funciones respecto de E,I,A,S obtenemos evaluándolo en cualquier punto P_i

$$D\mathcal{F}(P_i) = \begin{pmatrix} \beta_1 S_i & 0 & 0 & \beta_1 E_i \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad D\mathcal{V}(P_i) = \begin{pmatrix} (\mu + \alpha + \rho) & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu + \beta_2 A_i & \beta_2 I_i & 0 \\ 0 & -\beta_2 A_i & \mu + \gamma - \beta_2 S_i - \beta_2 I_i & -\beta_2 A_i \\ \beta_1 S_i & 0 & \beta_2 S_i & \beta_1 E_i + \beta_2 A_i \mu + \omega \end{pmatrix}$$

3.3.1. Punto de equilibrio libre de virus P_0

Como ya hemos dicho, el punto de equilibrio libre de virus es $P_0 = (S_0, E_0, I_0, A_0) = \left(\frac{\mu}{\mu + \omega}N, 0, 0, 0\right)$. Veamos una serie de resultados que nos permitan decir la estabilidad de este punto de equilibrio. Para ello vamos a calcular su número de reproducción básico. Para ello sustituimos en $J\mathcal{F}(x)$ y en $J\mathcal{V}(x)$ el punto de equilibrio P_0 obteniendo

$$J\mathcal{F}(P_0) = \begin{pmatrix} \beta_1 S_0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad J\mathcal{V}(P_0) = \begin{pmatrix} (\mu + \alpha + \rho) & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (\mu + \gamma) - \beta_2 S_0 & 0 \\ \beta_1 S_0 & 0 & \beta_2 S_0 & \mu + \omega \end{pmatrix}$$

El número de reproducción básico $\mathcal{R}_0 > 1$ se define

$$\mathcal{R}_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1})$$

Por lo tanto el radio espectral de la matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ es $(\beta_1 S_0)/(\mu + \alpha + \rho) = (\mu\alpha\phi_1)/((\mu + \omega)(\mu + \alpha + \rho))$. De acuerdo con los conceptos relacionados con el número básico de reproducción, podemos concluir que tal número, el cual nos da un valor umbral de los casos infectados generados en promedio a lo largo de una infección, es

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\mu\alpha\phi_1}{(\mu + \omega)(\mu + \alpha + \rho)}$$

Una vez visto esto vamos a ver la estabilidad asintótica local de este PE, el cual se puede justificar de varias formas. En primer lugar aplicando directamente conceptos básicos de estabilidad local al jacobiano del sistema. En segundo lugar, lo justifiaremos haciendo uso del Teorema 3.1

Proposición 3.4 ([3]). El punto de equilibrio libre de virus P_0 es asintóticamente estable local en Ω si $\mathcal{R}_0 < 1$ y es inestable si $\mathcal{R}_0 > 1$

Demostración (Versión 1) Calculamos la matriz jacobiana en el punto de equilibrio P_0

$$J(P_0) = \begin{pmatrix} -(\mu + \omega) & -\beta_1 S_0 & 0 & \beta_2 S_0 \\ 0 & \beta_1 S_0 - (\mu + \alpha + \rho) & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -(\mu + \gamma) + \beta_2 S_0 \end{pmatrix}$$

Los correspondientes valores propios de $J(P_0)$ son

$$\begin{cases} \lambda_1 = -(\mu + \omega) \\ \lambda_2 = -\mu \\ \lambda_3 = -(\mu + \gamma) + \beta_2 S_0 \\ \lambda_4 = \beta_1 S_0 - (\mu + \alpha + \rho) \end{cases}$$

Sabemos que para garantizar la estabilidad asintóticamente estable nos basta ver que los valores propios son negativos. Sabemos que λ_1, λ_2 son negativos ya que todos los parámetros de nuestro modelo son positivos. Para ver que λ_3 es negativo tendría que ser $\beta_2 S_0 < \mu + \gamma$ que sustituyendo $\beta_2 = \frac{\alpha \phi_2}{N}$ obtenemos la siguiente desigualdad

$$\tau = \frac{\mu \alpha \phi_2}{(\mu + \gamma)(\mu + \omega)} < 1$$

la cual nos marcará el umbral que nos hace ir al PE P_0 en el caso de que la desigualdad se cumpla y en caso contrario la solución convergerá a P_1 .

Nos falta ver que el valor propio $\lambda_4 < 0$ lo que es equivalente a probar $S_0 < (\mu + \alpha + \rho)/\beta_1$ donde si sustituimos $S_0 = \mu N/(\mu + \omega)$ y también $\beta_1 = \alpha \phi_1/N$, obtenemos $\mu \alpha \phi_1/(\mu + \omega)(\mu + \alpha + \rho) < 1$. Es decir, cuando $\mathcal{R}_0 < 1$ y la desigualdad obtenida se cumpla, tenemos los valores propios de la matriz jacobiana negativos, por lo que el punto de equilibrio será asintóticamente estable local. En el otro caso, tendremos un punto de equilibrio inestable. \square

Ahora vamos a demostrar este mismo resultado de otra forma, aplicando los conceptos mencionados anteriormente sobre el número de reproducción básico.

Demostración (Versión 2) Por el teorema 3.1, basta demostrar que nuestro sistema satisface las condiciones (A1)-(A5). Las cuatro primeras, tal y como son nuestros modelos, son triviales. La última condición consiste simplemente en ver que si $\mathcal{F}(x)$ es cero, entonces los valores propios de $Jf(P_0)$ tienen parte real negativa. Sea P_0 nuestro punto crítico, como $Jf(P_0) = J\mathcal{F}(P_0) - J\mathcal{V}(P_0)$ basta ver que los valores propios de $J\mathcal{V}(P_0)$ tienen parte real positiva.

$$J\mathcal{V}(P_0) = \begin{pmatrix} (\mu + \alpha + \rho) & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (\mu + \gamma) - \beta_2 S_0 & 0 \\ \beta_1 S_0 & 0 & \beta_2 S_0 & \mu + \omega \end{pmatrix}$$

Al ser una matriz diagonal inferior, los valores propios se corresponden a los valores de la diagonal, y claramente son positivos ya que los valores de los parámetros son positivos. El caso del tercer valor propio $(\mu + \gamma) - \beta_2 S_0$ ya ha sido estudiado en la demostración (Versión 1). De este modo, como nuestro punto crítico P_0 no es endémico, se cumple el Teorema 3.1 y por tanto queda demostrado. \square

3.3.2. Punto de equilibrio endémico P_2

Como ya hemos dicho, el punto de equilibrio endémico es

$$P_2 = (S_2, E_2, I_2, A_2) = \left(\frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1}, \frac{I_2(N\mu - S_2\omega)}{S_2(I_2\beta_1) + \alpha}, \frac{\mu + \gamma}{\beta_2} - \frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1}, \frac{N\alpha\mu - I_2S_2\beta_1\mu - S_2\alpha\mu - S_2\alpha\omega}{S_2\beta_2(I_2\beta_1 + \alpha)} \right)$$

Proposición 3.5 ([3]). Cuando $\mathcal{R}_0 > 1$ el punto endémico P_2 es asintóticamente estable local en Ω .

Demostración Calculamos la matriz jacobiana en el punto de equilibrio P_2

$$J(P_2) = \begin{pmatrix} B_1 & -\beta_1 S_2 & 0 & -\beta_2 S_2 \\ \beta_1 E_2 & B_2 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & -\mu - \beta_2 A_2 & -\beta_2 I_2 \\ \beta_2 A_2 & 0 & \beta_2 A_2 & B_3 \end{pmatrix}$$

donde $B_1 = -\beta_1 E_2 - \beta_2 A_2 - \mu - \omega$, $B_2 = \beta_1 S_2 - \mu - \alpha - \omega$, $B_3 = \beta_2 S_2 + \beta_2 I_2 - \mu - \gamma$. Calculamos el polinomio característico de esta matriz realizando $|J(P_2) - \lambda Id| = 0$ y obtenemos la siguiente ecuación $\lambda^4 + C_1 \lambda^3 + C_2 \lambda^2 + C_3 \lambda + C_4 = 0$ donde basándonos en las cuentas de [3] obtenemos

$$\begin{cases} C_1 = \omega + 2 \frac{\alpha E_2}{I_2} + \beta_1 \left(\beta_2 I_2 A_2 + \frac{\mu I_2}{\alpha} \right) \\ C_2 = \frac{\alpha E_2}{I_2} \left(\frac{\alpha E_2}{I_2} + \omega + \beta_1 E_2 \right) + \beta_2 (\mu + \gamma) A_2 + \beta_1 (\mu + \alpha + \rho) E_2 \\ C_3 = \beta_1 (\mu + \alpha + \rho) E_2 \frac{\alpha E_2}{I_2} + \beta_2 (\mu + \gamma) A_2 \frac{\alpha E_2}{I_2} + \beta_2^2 (\beta_1 E_2 + \omega) I_2 A_2 \\ C_4 = \beta_1 \beta_2 S_2 E_2 A_2 (\beta_1 (\mu + \gamma) + \beta_2 (\mu + \rho)) \end{cases}$$

Con los cuatro valores positivos. Construimos la matriz de Hurwitz $\begin{pmatrix} C_1 & 1 & 0 & 0 \\ C_3 & C_2 & C_1 & 0 \\ 0 & C_4 & C_3 & C_2 \\ 0 & 0 & 0 & C_4 \end{pmatrix}$ y aplicando

el Teorema Routh-Hurwitz

$$\begin{cases} H_1 = C_1 > 0 \\ H_2 = C_1 C_2 - C_3 > 0 \\ H_3 = \begin{vmatrix} C_1 & C_3 & 0 \\ 1 & C_2 & C_4 \\ 0 & C_1 & C_3 \end{vmatrix} = C_3 H_2 - C_1^2 C_4 > 0 \\ H_4 = C_4 H_3 > 0 \end{cases}$$

podemos asegurar que las raíces de la ecuación $\lambda^4 + C_1 \lambda^3 + C_2 \lambda^2 + C_3 \lambda + C_4 = 0$ tienen parte real negativa. Por lo tanto, por el mismo razonamiento que antes, el punto P_2 endémico es asintóticamente estable local. \square

3.3.3. Comentarios respecto a los puntos de equilibrio P_1 y P_3

En este caso no vamos a hacer un estudio tan detallado de la estabilidad de estos dos puntos de equilibrio ya que las cuentas se complican, pero sí que vamos a ver que dependiendo de según qué valor les damos a los parámetros, la solución puede converger a estos dos puntos. Al igual que hemos hecho con el PE libre de virus P_0 calculando su número de reproducción básico, vamos a calcularlo para P_1 . Para ello seguimos el mismo procedimiento que antes. Sabemos que

$$P_1 = (S_1, E_1, I_1, A_1) = \left(\frac{(\mu + \gamma)}{\beta_2}, 0, 0, \frac{\beta_2 \mu N - (\mu + \omega)(\mu + \gamma)}{\beta_2 (\mu + \gamma)} \right)$$

Sustituimos en $D\mathcal{F}(x)$ y en $D\mathcal{V}(x)$ el punto de equilibrio P_1 obteniendo

$$D\mathcal{F}(P_1) = \begin{pmatrix} \beta_1 S_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad D\mathcal{V}(P_1) = \begin{pmatrix} (\mu + \alpha + \rho) & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu + \beta_2 A_1 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_2 A_1 & (\mu + \gamma) - \beta_2 S_1 & -\beta_2 A_1 \\ \beta_1 S_1 & 0 & \beta_2 S_1 & \beta_2 A_1 + \mu + \omega \end{pmatrix}$$

Como ya hemos comentado, el número de reproducción básico $\hat{\mathcal{R}}_0 > 1$ se define $\hat{\mathcal{R}}_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1})$

Por lo tanto el radio espectral de la matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ es $\frac{\beta_1 S_1}{\mu + \alpha + \rho} = \frac{\phi_1(\mu + \gamma)}{\phi_2(\mu + \alpha + \rho)}$. De acuerdo con los conceptos relacionados con el número básico de reproducción, podemos concluir que tal numero, el cual nos da un valor umbral de los casos infectados generados en promedio a lo largo de una infección, es

$$\hat{\mathcal{R}}_0 = \frac{\phi_1(\mu + \gamma)}{\phi_2(\mu + \alpha + \rho)}$$

De esta manera experimentando con las simulaciones, y con lo ya analizado anteriormente, se llega a una serie de conclusiones, que veremos también gráficamente en la Figura 3.2

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$ y además $\tau < 1$ el sistema converge al PE P_0 .
- Si $\mathcal{R}_0 < 1$ y además $\tau > 1$ el sistema converge al PE P_1 . También está la posibilidad de que $\tau > 1, \mathcal{R}_0 > 1$ y $\hat{\mathcal{R}}_0 < 1$ y converja a P_1 .
- Si $\mathcal{R}_0 > 1, \hat{\mathcal{R}}_0 > 1$ y además $\tau > 1$ el sistema converge al PE P_2
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$ y además $\tau < 1$ el sistema converge al PE P_3

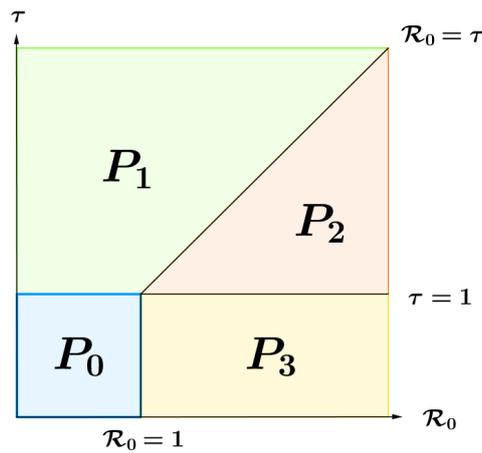


Figura 3.2: Distintas regiones de convergencia

3.3.4. Bifurcaciones transcriticals

En este caso vamos a observar dos bifurcaciones transcriticals, una de ellas ente los puntos de equilibrio P_0 y P_1 , ya que entre las componentes de estos dos puntos se observa una clara relación que depende de el valor de $\tau < 1$ y $\tau > 1$.

$$S_1 = \frac{\mu + \gamma}{\beta_2} = \frac{\mu + \gamma}{\alpha \phi_2} N = \frac{1}{\tau} \frac{\mu}{\mu + \omega} N = \frac{1}{\tau} S_0$$

Por lo que obtenemos la relación

$$S_0 = \tau S_1$$

Del mismo modo

$$\begin{aligned}
A_1 &= \frac{\beta_2 \mu N - (\mu + \omega)(\mu + \gamma)}{\beta_2(\mu + \gamma)} \\
&= \frac{1}{\beta_2} \left(\frac{\alpha \phi_2 \mu}{\mu + \omega} \frac{\mu + \omega}{\mu + \omega} - (\mu + \omega) \right) \\
&= \frac{1}{\beta_2} (\tau - 1)(\mu + \gamma)
\end{aligned}$$

Por lo que obtenemos la relación

$$A_1 = \frac{\mu + \gamma}{\beta_2} (\tau - 1)$$

Ahora vemos la bifurcación entre los puntos P_0 y P_3 :

$$S_3 = \frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1} = \frac{\mu + \gamma + \rho}{\alpha \phi_1} N = \frac{1}{\mathcal{R}_0} S_0$$

Por lo que obtenemos la relación

$$S_0 = \mathcal{R}_0 S_3$$

Del mismo modo

$$\begin{aligned}
I_3 &= \frac{\alpha N}{\mu + \alpha + \rho} - \frac{\alpha(\mu + \omega)}{\mu \beta_1} = \frac{\alpha N}{\mu + \alpha + \rho} - \frac{\alpha(\mu + \omega)}{\mu \alpha \phi_1} N \\
&= \frac{\alpha N}{\mu + \alpha \rho} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) = \frac{\alpha N}{\mu + \alpha \rho} \frac{1}{\mathcal{R}_0} (\mathcal{R}_0 - 1) \\
&= \frac{(\mu + \omega) N}{\mu \phi_1} (\mathcal{R}_0 - 1)
\end{aligned}$$

Por lo que obtenemos la relación

$$I_3 = \frac{(\mu + \omega) N}{\mu \phi_1} (\mathcal{R}_0 - 1)$$

Y como $E_3 = I_3 \mu / \alpha$ obtenemos directamente la relación

$$E_3 = \frac{(\mu + \omega) N}{\alpha \phi_1} (\mathcal{R}_0 - 1)$$

En este caso, vamos a ver en la Figura 3.3 el comportamiento de esta bifurcación transcítica de forma unidimensional, mirando las componentes respecto del parámetro del cual depende la estabilidad, \mathcal{R}_0

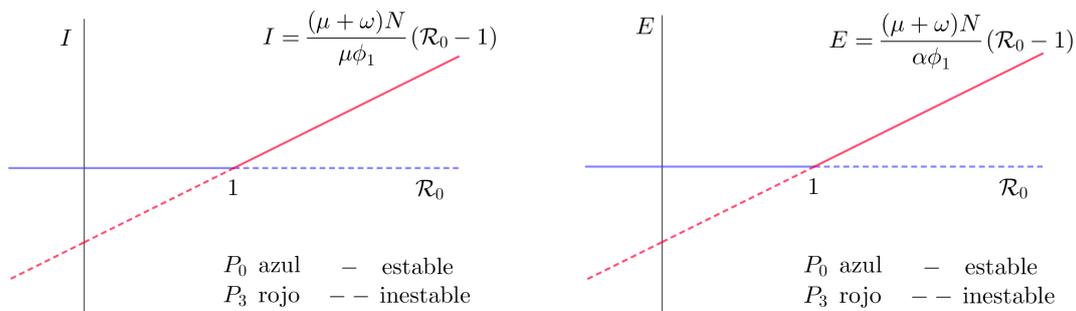


Figura 3.3: Bifurcación transcítica entre P_0 y P_3

3.3.5. Simulaciones

En esta sección, vamos a realizar varias simulaciones (usando PYTHON) en las que se podrá observar las 4 situaciones comentadas anteriormente. Para ello vamos a poner una serie de condiciones iniciales y unos valores concretos en los parámetros. Consiste en obtener unas gráficas las cuales representan el número de individuos de cada clase conforme avanzamos en el tiempo. Las simulaciones tratan de abarcar el tiempo suficiente para que se vea claramente la convergencia en cada situación.

Sea N el número total de individuos, siendo $N = S + E + I + A + R$. Tomamos un valor elevado de N para que el estudio sea realista, por ejemplo $N = 100000$. Es por ello que consideramos las siguientes condiciones iniciales en las 4 simulaciones (del mismo modo podrían ser otras siempre y cuando no superemos el valor de N). Sea entonces $S_0 = 9100$, $E_0 = 42000$, $I_0 = 20000$, $A_0 = 100$ y $R_0 = 28800$, para cada simulación introducimos distintos valores en los parámetros

- Caso P_0 . Como bien hemos visto antes, el sistema converge a este punto P_0 cuando se cumplen una serie de condiciones en los parámetros, mas concretamente, cuando $\mathcal{R}_0 < 1$ y también $\tau < 1$. Los valores de estos dos parámetros de umbral son

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\mu\alpha\phi_1}{(\mu + \omega)(\mu + \alpha + \rho)} \quad \text{y} \quad \tau = \frac{\mu\alpha\phi_2}{(\mu + \gamma)(\mu + \omega)}$$

Es por ello que para que las condiciones a que converja a P_0 se cumplan vamos a tomar valores pequeños en ϕ_1 y ϕ_2 . De este modo conseguimos que en tal simulación, la población, según transcurre el tiempo, se mantenga constante a los valores que describe el punto crítico P_0 . Tomamos $\alpha = 0,002$, $\mu = 0,006$, $\omega = 0,001$, $\rho = 0,003$, $\gamma = 0,005$, $\phi_1 = 6$ y $\phi_2 = 6$ y obtenemos la siguiente gráfica que se observa en la Figura 3.4.

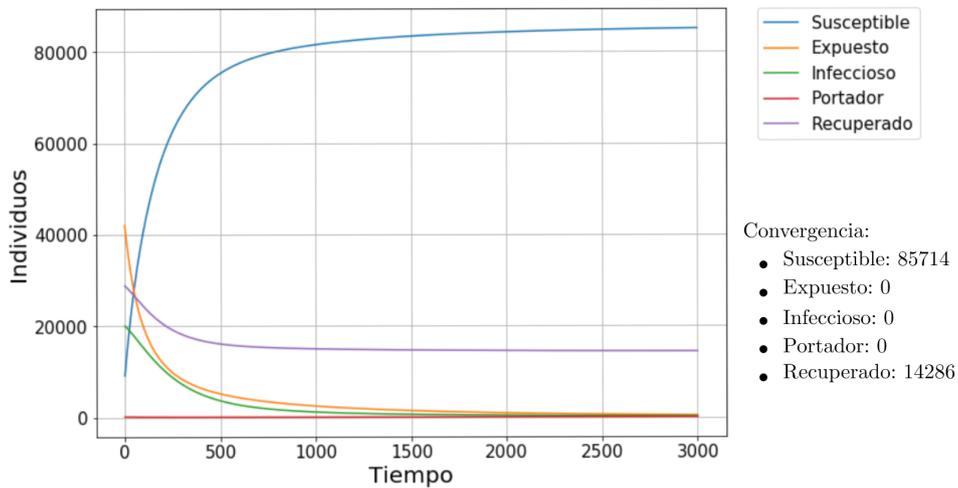


Figura 3.4: Gráfica P_0

Podemos observar que se trata de un punto libre de virus, ya que el número de individuos expuestos, infectados y portadores tiene a cero cuando el tiempo ha transcurrido. Es por ello que efectivamente converge al punto

$$P_0 = \left(\frac{\mu}{\mu + \omega} N, 0, 0, 0 \right)$$

- Caso P_1 En este caso, el sistema converge a P_1 cuando $\mathcal{R}_0 < 1$ y también $\mathcal{R}_0 < \tau$. En este caso, escogemos los parámetros de tal forma que ϕ_1 nos interesa que siga siendo pequeño y aumentamos el valor de ϕ_2 . De este modo conseguimos cumplir las dos condiciones necesarias. Podríamos

hacer otras modificaciones en el resto de parámetros, pero modificando solo estos ya conseguimos el objetivo. Tomamos entonces $\alpha = 0,002$, $\mu = 0,006$, $\omega = 0,001$, $\rho = 0,003$, $\gamma = 0,005$, $\phi_1 = 12$ y $\phi_2 = 19,167$ y obtenemos la siguiente gráfica que podemos observar en la Figura 3.5

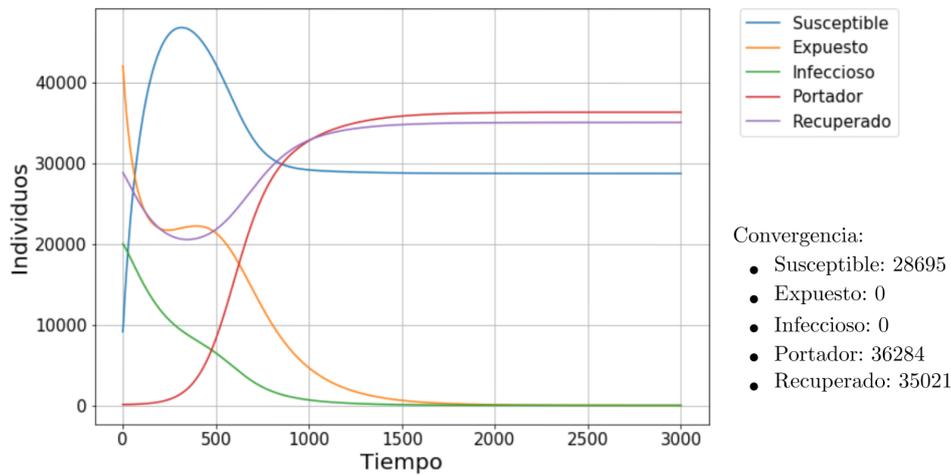


Figura 3.5: Gráfica P_1

Observamos que en este caso el número de individuos portadores de la enfermedad no tiende a cero conforme avanzamos en el tiempo, lo cual refleja exactamente el punto crítico P_1 que habíamos calculado

$$P_1 = \left(\frac{\mu + \gamma}{\beta_2}, 0, 0, \frac{\beta_2 \mu N - (\mu + \omega)(\mu + \gamma)}{\beta_2(\mu + \gamma)} \right)$$

- Caso P_2 En esta situación, el sistema converge al punto crítico P_2 cuando se cumple que $\tau > 1$ y también $\mathcal{R}_0 > \tau$. Es por ello que las modificaciones que hemos realizado en los parámetros para cumplir estas dos condiciones son ajustar de nuevo los valores de ϕ_1 y de ϕ_2 , aumentando el valor de ϕ_1 mayormente lo que provoca encontrarnos en la región adecuada para ver que el sistema efectivamente converge al punto P_2 . Tomamos entonces los siguientes valores en los parámetros $\alpha = 0,002$, $\mu = 0,006$, $\omega = 0,001$, $\rho = 0,003$, $\gamma = 0,005$, $\phi_1 = 20$ y $\phi_2 = 19,167$ y de este modo obtenemos la siguiente gráfica que se observa en la Figura 3.6

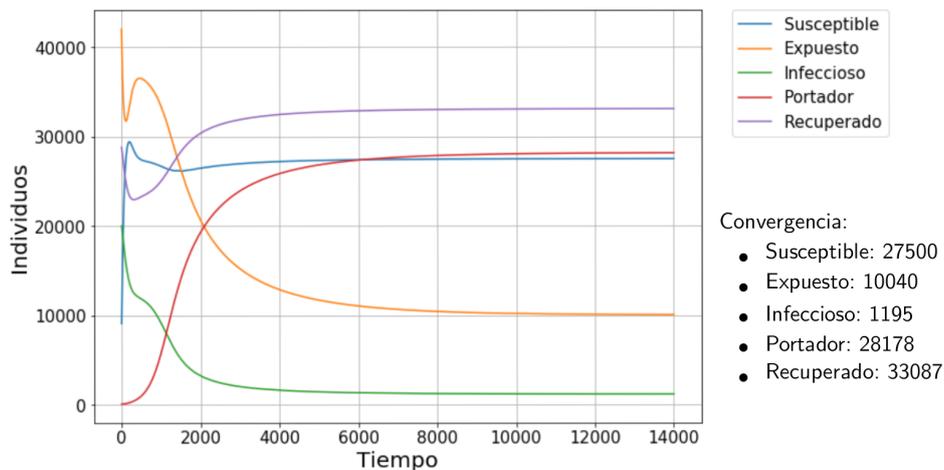


Figura 3.6: Gráfica P_2

Observamos que conforme avanzamos en el tiempo, para toda clase de individuos, tenemos un valor relativamente significativo, es por ello que se trata de un punto endémico, el cual hemos

calculado anteriormente

$$P_2 = \left(\frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1}, \frac{I_2(N\mu - S_2\omega)}{S_2(I_2\beta_1) + \alpha}, \frac{\mu + \gamma}{\beta_2} - \frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1}, \frac{N\alpha\mu - I_2S_2\beta_1\mu - S_2\alpha\mu - S_2\alpha\omega}{S_2\beta_2(I_2\beta_1 + \alpha)} \right)$$

- Caso P_3 Finalmente, en este caso, para obtener la convergencia al punto crítico P_3 las condiciones que se tiene que conseguir son $\mathcal{R}_0 > 1$ y también $\tau > 1$. Es por ello que asignamos los siguientes valores a los parámetros $\alpha = 0,002$, $\mu = 0,006$, $\omega = 0,001$, $\rho = 0,003$, $\gamma = 0,005$, $\phi_1 = 12$ y $\phi_2 = 6$, es decir, hemos disminuido el valor de ϕ_1 y de este modo conseguimos encontrarnos en la región deseada. Gráficamente vemos en la Figura 3.7 que la población converge a nuestro segundo punto endémico calculado

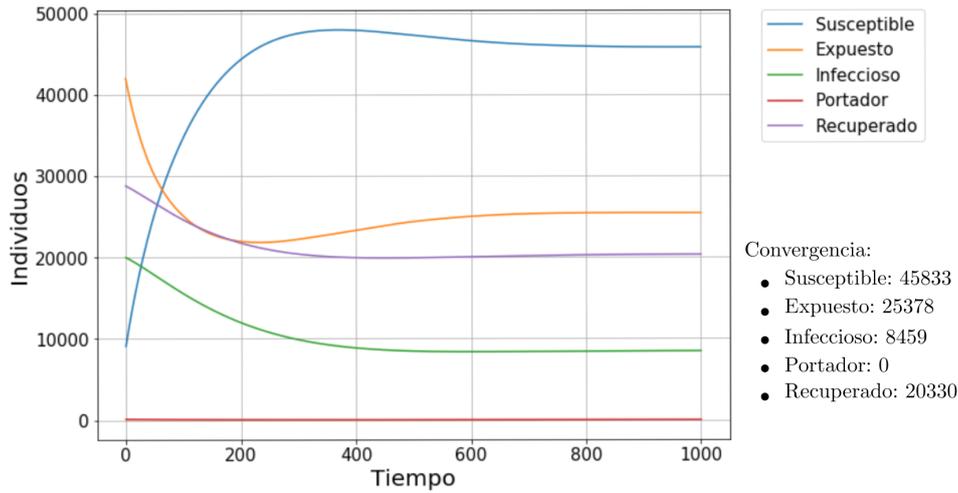


Figura 3.7: Gráfica P_3

En este caso, el número de individuos portadores ya sabíamos que tendía a cero, ya que habíamos obtenido la expresión de este punto crítico

$$P_3 = \left(\frac{\mu + \alpha + \rho}{\beta_1}, \frac{I_3\mu}{\alpha}, \frac{\alpha N}{\mu + \alpha + \rho} - \frac{\alpha(\mu + \omega)}{\mu\beta_1}, 0 \right)$$

Bibliografía

- [1] A. KOROBENIKOV, G.C. WAKE, *Lyapunov Functions and Global Stability for SIR, SIRS and SIS Epidemiological Models*, Applied Mathematics Letters 15, pp.955-960, 2002.
- [2] BORGES TORRES, LEONARDO ANTONIO, *Teoria de Estabilidade de Lyapunov*, Departamento de Electrónica, Universidad Nacional de Rosario, Marzo 2019, disponible en http://www.cpdee.ufmg.br/~torres/wp-content/uploads/2018/02/Estabilidade_Lyapunov.pdf
- [3] FANGWEI WANG, YUNKAI ZHANG, CHANGGUANG WANG, JIANFENG MA, *Stability analysis of an e-SEIAR model with point-to-group worm propagation*, Commun Nonlinear Sci Numer Simulat 20, pp. 897-904, 2015.
- [4] HUA YUAN, GUOQING CHEN, *Network virus-epidemic model with the point-to-group information propagation*, Applied Mathematics and Computation 206, pp. 357-367, 2008.
- [5] MARÍA MARTA SERON, *Sistemas No Lineales*, Departamento de Electrónica, Universidad Nacional de Rosario, Primer Cuatrimestre 2001, disponible en <http://www.eng.newcastle.edu.au/~jhb519/teaching/snolin/material/cap03.pdf>
- [6] MATT J. KEELING, PEJMAN ROHANI, *Modeling Infectious Diseases in Human and Animals*, Princeton University Press, Princeton, 2008
- [7] P. VAN DEN DRIESSCHE, JAMES WATMOUGH, *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*, Mathematical Biosciences 180, pp. 29-48, 2002
- [8] STEPHEN WIGGINS, *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos*, Springer, New York, 1990
- [9] STEVEN HENRY STROGATZ, *Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering*, Addison-Wesley, 1994