

Sociedad Peruana de Matemática
Aplicada y Computacional

X SEMINARIO INTERNACIONAL DE
BIOMATEMÁTICA

RESÚMENES

Universidad Nacional Agraria de la Selva

Tingo María 2014

Comité Científico

Yang Kuang (Arizona State University, USA)
Carlos Castillo- Chavez (Arizona State University, USA)
Eduardo Gonzales (Pontificia Universidad Católica de Valparaiso, Chile)
Jhon Nagy (Scottsdale Community College, Arizona, USA)
Graciela Canziani (Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires, Argentina)
José Flores (The University of South Dakota, USA)
Juana Carlos Hernández (Universidad Autónoma de Guerrero, México)
Roxana López Cruz (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú)

Comité Organizador

Roxana López Cruz (SPMAC - Universidad Nacional Mayor de San Marcos)
Juan Carlos Curi Gamarra (Universidad Nacional Agraria de la Selva)

Comité Científico Nacional

Roxana López Cruz (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú)
Luis Enrique Carrillo Díaz (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú)
Emma Cambillo (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú)

Índice

Presentación	4
Plenarias	5
Eduardo Gonzales Olivares	6
José Flores	8
Cursos Taller	9
José Luyo, Edgar Marca	10
Roxana López Cruz	12
Alberto Hananel	13
Conferencias	17
Comunicaciones	18

Presentation

It is extremely pleasant to introduce you the abstracts of the Conferences, Short Course and Communications of the Ninth International Seminar on Biomathematics (IX SEMBIOMAT), which in this opportunity is realized in the city of Tingo María since 06 to 08 August 2014. These abstracts fulfill a preliminary intention, which is to keep the participant informed about the subject-matters of all the papers, with the purpose that each participant realizes his own schedule of participation to the conferences, choosing the subjects of its preference. On the other hand, any participant of the Seminar will have the opportunity to exchange information with the invited lecturers and establishing possibilities of developing joint investigation, pressing the academic, friendly and international bonds necessary to any institution that realizes scientific investigation. We are grateful to the lecturers, who with their participation heighten our event, placing it between the better of Biomathematics events. Finally, our deep gratitude to all the institutions that have supported our event and whose logos, can be distinguished in the material given to all participant. Also we express our gratitude to the anonymous contingent of professors and students who, disinterestedly and without leading emulations, are collaborating for the success of the X SEMBIOMAT.

THE ORGANIZING COMMITTEE

Es sumamente grato presentarles los resúmenes de las Conferencias, Minicurso y Comunicaciones que se expondrán en el *Décimo Seminario Internacional de Biomatemática* (X SEMBIOMAT), que se realizará en la ciudad de Tingo María del 06 al 08 de Agosto del 2014. Estos resúmenes cumplen con el propósito preliminar de mantener informado a los participantes sobre las diversas temáticas de cada una de las ponencias, facilitando la elaboración de sus respectivos horarios de asistencia a las conferencias de su preferencia. En cada una de las Conferencias los participantes podrán intercambiar sus inquietudes con todos los Conferencistas invitados, a fin de lograr intercambio de experiencias y establecer posibilidades de desarrollar investigación conjunta, estrechando los vínculos académicos, amistosos e internacionales, necesarios a toda institución que realiza investigación científica. Agradecemos a los Conferencistas, quienes con su participación enaltecen nuestro evento, situándolo entre los mejores de la especialidad de Biomatemática. Finalmente, nuestro profundo agradecimiento a todas las instituciones que nos honran con su auspicio y cuyos logos, se pueden distinguir en el material entregado a cada uno de ustedes. También expresamos nuestra gratitud al contingente anónimo de docentes y alumnos quienes desinteresadamente están colaborando para el éxito del X SEMBIOMAT.

COMISIÓN ORGANIZADORA

Plenarias

El modelo de depredación de Holling-Tanner considerando efecto Allee débil en las presas

Eduardo González-Olivares¹ & Lina María Gallego-Berrío²

ejgonzal@ucv.cl & linag@uniquindio.edu.co

¹ Instituto de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile.

²Facultad de Ciencias y Tecnologías, Maestría en Biomatemáticas, Universidad del Quindío, Colombia.

Resumen

En este trabajo es analizado un modelo Holling-Tanner depredador-presa modificado considerando que el efecto Allee débil en las presas influye en la interacción.

Este tipo de modelos es un caso particular de los modelos del tipo Leslie- Gower, que se caracterizan porque la función de crecimiento de los depredadores es del tipo logístico.

Efectuando una reparametrización y un reescalamiento del tiempo, se obtiene un sistema polinomial, topológicamente equivalente al original y en el cual se determinan las principales propiedades del sistema.

Probamos que el punto de equilibrio $(0; 0)$ es un atractor para todo valor de parámetros. Además, el sistema exhibe el fenómeno de biestabilidad, pues para un amplio subconjunto de parámetros existen dos puntos de equilibrio positivos, uno de los cuales es un atractor local o es repulsor rodeado de un ciclo límite estable.

También demostramos la existencia de una curva separatriz en el plano de fase la cual divide el comportamiento de la trayectorias, y dos soluciones muy próximas a esta curva, pero a distinto lado de ella, pueden tener diferentes ω - lím.

Se agregaron algunas simulaciones para reforzar los resultados obtenidos. En una de ellas se muestra la existencia de un ciclo límite inestable, rodeando uno de los equilibrios positivos.

Referencias

- [1] P. Aguirre, E. González-Olivares and E. Sáez, *Coupling in predator-prey dynamics: ratio-dependence*, SIAM Journal on Applied Mathematics 69(5) (2009) 1244-1269.
- [2] F. Courchamp, L. Berec and J. Gascoigne, *Allee effects in Ecology and Conservation*, Oxford University Press 2007.
- [3] E. González-Olivares, B. González-Yañez, J. Mena-Lorca and R. Ramos-Jiliberto, *Modelling the Allee effect: are the different mathematical forms proposed equivalents?* In R. Mondaini (ed.) Proceedings of the 2006 International Symposium on Mathematical and Computational Biology, E-papers Serviços Editoriais Ltda. (2007) 53-71.

- [4] E. González-Olivares, J. Mena-Lorca A. Rojas-Palma and J. D. Flores, *Dynamical complexities in the Leslie-Gower predator-prey model as consequences of the Allee effect on prey*, Applied Mathematical Modelling 35 (2011) 366-381.
- [5] B. González-Yañez, E. González-Olivares, and J. Mena-Lorca, *Multistability on a Leslie-Gower Type predator-prey model with nonmonotonic functional response*, In R. Mondaini and R. Dilao (eds.), BIOMAT 2006 - International Symposium on Mathematical and Computational Biology, World Scientific Co. Pte. Ltd., (2007) 359-384.
- [6] Y. Li and D. Xiao, *Bifurcations of a predator-prey system of Holling and Leslie types*, Chaos, Solitons and Fractals 34 (2007) 8606-8620.
- [7] P. A. Stephens and W. J. Sutherland *Consequences of the Allee effect for behaviour, ecology and conservation*, Trends in Ecology and Evolution 14 (1999) 401-405.
- [8] P. A. Stephens, W. J. Sutherland and R. P. Freckleton, *What is the Allee effect?*, Oikos 87 (1999) 185-190.
- [9] P. Turchin *Complex population dynamics. A theoretical/empirical synthesis*, Monographs in Population Biology 35.

Finite-Difference Algorithms for Reaction-Diffusion Equations Modeling Predator-Prey Interactions

José D. Flores, PhD.

jflores@usd.edu

Department of Mathematics

The University of South Dakota, USA

Resumen

We present diffusion-advection-reaction models to analyze animal movement. We consider a family of models applied to heterogeneous landscapes by assuming that the model parameters (diffusion, advection, and reaction) depending on the landscape features at the present location of the animals. We present the results of numerical experiments in two space dimensions and illustrate the simplicity of the numerical methods with MATLAB simulations to investigate the key dynamical properties of spatially extended predator-prey interactions. We illustrate the application of the modeling framework by using diffusion to simulate a biological pest control model in a vineyard landscape.

Análisis de los cambios y tendencias de los indicadores del ODM7 en los países de América Latina y El Caribe

Emma Cambillo

ecambillom@unmsm.edu.pe

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Resumen

El Análisis Factorial Múltiple (AFM) fue utilizado para describir los cambios y tendencias de los indicadores de los objetivos 7 del Milenio (ODM 7) en los países de América Latina y el Caribe en los años 1990 a 2010.

Se observan cambios significativos desde 1990 a 2010, los países cuyas poblaciones tenían acceso a mejores fuentes de agua potable también tienen acceso a mejores servicios de saneamiento, incrementándose esta relación en el transcurso de los años. Asimismo, los países han disminuido el consumo de las sustancias que agotan la capa de ozono, sin embargo la proporción de superficies de tierras cubiertas continua disminuyendo.

En Brasil, la proporción de superficie de tierras cubiertas por bosques es alta así como el consumo de sustancias que agotan la capa de ozono; seguido de México, Colombia y Venezuela. Haití, es un país con menor proporción de superficie de tierras cubiertas por bosques y menor consumo de sustancias que agotan la capa de ozono, sin embargo su población tiene acceso mínimo a fuentes agua potable con mejores servicios de saneamiento.

La utilización del AFM, proporciona un panorama global de los cambios de los indicadores a través del tiempo; la evolución de cada uno de los países desde 1990 al 2010.

La identificación de cambios, relaciones y tendencias de estos indicadores permite hacer un seguimiento para evaluar el cumplimiento de las metas del objetivo 7 del milenio **Garantizar la sostenibilidad del medio ambiente** para el 2015.

Cursos Taller

MINICURSO: Support Vector Machines una herramienta matemática para el reconocimiento de patrones en las ciencias de la vida

Edgar Marca, **José Luyo,** **Diego Benavides**
matiskay@gmail.com, jluyos@unmms.edu.pe, dbenavidesv@me.com
Facultad de Ciencias Matemáticas
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Resumen

Con el rápido crecimiento de los datos generados por los fenómenos biológicos, es esencial usar programas de computador para automatizar el proceso de clasificación. Uno de los métodos que viene proporcionando un buen desempeño en la predicción es el algoritmo de la máquina de soporte vectorial (SVM), el cual se basa en maximizar el margen de separación entre dos clases de una base de datos etiquetada. En la actualidad existen muchas aplicaciones en el campo de la biología y medicina. Sin embargo los investigadores de estas áreas tienen muchas dificultades en el desarrollo y principalmente uso de este algoritmo por la falta del conocimiento técnico del mismo.

Introducción

En este minucurso, que será ofrecido en tres sesiones, discutiremos los principios de la SVM partiendo desde la esencia del aprendizaje de máquina y pasando por la construcción matemática del clasificador para una base de datos linealmente separable para luego extender esta construcción usando resultados del Análisis Funcional a clasificar información de carácter no separable linealmente (real). Finalmente mostraremos algunas aplicaciones del método a las ciencias de la vida.

Esta presentación tiene como objetivo dar a conocer una herramienta más en el tratamiento de datos supervisados con el fin de establecer vínculos de investigación con profesionales del área de las ciencias médicas o biológicas que estén en la búsqueda de obtener resultados con el uso de herramientas robustas.

Contenido del minucurso

- Sesión 1 Introducción al aprendizaje de máquina, construcción del clasificador para una base de datos linealmente separable como solución del un problema de optimización convexa.
- Sesión 2 Introducción al *kernel trick*, teorema de Cover, construcción del clasificador en un espacio de Hilbert.
- Sesión 3 Tratamiento de la data, uso de Rattle, aplicaciones.

Referencias

- [1] MERCER, J., *Functions of positive and negative type and their connection with the theory of integral equations*. Philosophical Transactions of the Royal Society, A 209:415 - 446, 1909.
- [2] C. CORTES, V. N. VAPNIK, *Support vector networks*. *Machine Learning*, 20(3):273-296, 1995
- [3] INGO STEINWART, ANDREAS CHRISTMANN, *Support Vector Machines*, 2008, Springer.

Monitoreo de la propagación de enfermedades : Un punto de vista matemático

Roxana López Cruz **Jhelly Perez Nuñez**
rlopezc@unmsm.edu.pe *reynaluz4@gmail.com*

Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Resumen

La BioMatemática es el nexo entre la matemática y el mundo de las ciencias de la Vida. Para la descripción de estos fenómenos existen los llamados modelos, unos en la forma de simples procesos de contacto y otros bajo la forma de ecuaciones diferenciales ordinarias. Estos modelos junto con apropiadas interpretaciones, han sido determinantes en el entendimiento del mecanismo o dinámica de un fenómeno específico; sin embargo es necesario resaltar que pueden existir sofisticados modelos los cuales podrían hasta ser matemáticamente muy interesantes, pero que no son de utilidad por la carencia de datos precisos y suficientemente confiables.

El lenguaje matemático, por su propia esencia, está diseñado para proveernos, en la mayoría de los casos, de resultados y descripciones precisas; pero ya en la forma de un modelo matemático, se transforma en una herramienta para describir el mundo real de la "manera más aproximada" posible.

En este curso, estudiaremos las formas en que la matemática sirve de herramienta para modelar procesos dinámicos en Epidemiología.

Contenidos

1. Introducción
2. Clasificación de Modelos Poblacionales
 - 2.1. Unidimensionales
 - 2.2. Bidimensionales
3. Dinámica de Poblaciones Biológicas Simples
 - 3.1. Modelos Discretos de Crecimiento de una Población
 - 3.1.1. Modelo Logístico Discreto
 - 3.1.2. Crecimiento de Células Cancerosas

- 3.2. Modelos Continuos de Crecimiento de una Población
 - 3.2.1. Modelo Logístico Continuo
 - 3.2.2. Modelo Logístico con Efecto Allee
 - 3.2.3. Otros Modelos de Crecimiento de Poblaciones
- 4. Dinámica de la Propagación de Epidemias
 - 4.1. Modelo Primitivo para una Infección Viral .
 - 4.2. Modelo SIR
 - 4.3. Modelo SI
 - 4.4. Modelo SIS
 - 4.5. Modelo SIRS
- 5. Generalización de Modelos Epidémicos
 - 5.1. Modelos con Coeficientes Periódicos : Sarampión
 - 5.2. Modelos con Retardos
 - 5.3. Modelos con Incidencia Lineal
 - 5.4. Modelos con Tamaño de Población Variable

Referencias

- [1] PAZY, AN. , *Semigroups of Linear Operators and Applications to Partial Differential Equations*, 2nd ed., Springer, 1983.
- [2] GOMEZ, A.M., *Semigrupos de Operadores Lineares e Aplicaciones a las Ecuaciones de Evolución* Textos de Métodos Matemáticos IM-UFRJ, 1985.

CURSO TALLER: Programación de formulaciones variacionales tridimensionales en FreeFem++. Aplicación a problemas de mallado de superficies para resolver EDPs de interés biomédico.

Alberto Hananel Baigorria
 ahananel@ugr.es

Universidad de Granada-USAT, España-Perú

Resumen

En este taller se pretende enseñar a PROGRAMAR rutinas en FreeFem++ para resolver ecuaciones diferenciales parciales tridimensionales mediante el método de los elementos finitos, realizando mallados bidimensionales, tridimensionales de superficies que se encuentran en espacios $\Omega \subset \mathbb{R}^3$ y que conllevan a $\Gamma = \partial\Omega$ como frontera.

La particularidad del software FreeFem++ es que permite la resolución de las mismas siempre y cuando se programe la formulación variacional del problema. Esto significa que en este taller también se pretende realizar un estudio preliminar del Teorema de Green en una, dos y tres dimensiones para obtener las formulaciones variacionales necesarias de la forma:

Sea $\Omega \subset \mathbb{R}^n$ con frontera Γ . Dadas dos funciones $u, v \in H^1(\Omega)$, y $\nu = (\nu_1, \dots, \nu_n)$ el vector normal exterior unitario, entonces para todo $i \in [1, n]$ se cumple que

$$\int_{\Omega} u \frac{\partial v}{\partial x_i} dx = - \int_{\Omega} \frac{\partial u}{\partial x_i} v dx + \int_{\Gamma} uv \nu_i d\gamma$$

para trasladar problemas de la forma:

$u : \bar{\Omega} \times [0, T] \rightarrow \mathbb{R}^3$, con $u(x, t) = (u_i(x, t))$, $1 \leq i \leq 3$, tal que:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \sigma_{ij}}{\partial x_j}(u(x, t)) &= \rho \frac{\partial^2 u_i}{\partial t^2}(x, t) \text{ en } \Omega \times [0, T], \quad 1 \leq i \leq 3, \\ u(x, t) &= 0, \quad \text{en } \Gamma_D \times [0, T], \\ \sigma_{ij}(u(x, t)) n_j(x) &= g_i(x, t), \quad \text{en } \Gamma_F \times [0, T], \quad 1 \leq i \leq 3, \\ \begin{cases} u_n(x, t) \leq 0, \sigma_n(x, t) \leq 0, u_n(x, t) \sigma_n(x, t) = 0 & \text{en } \Gamma_C \times [0, T], \\ \sigma_\tau(x, t) = 0, & \text{en } \Gamma_C \times [0, T], \\ u(x, 0) = 0, \quad \frac{\partial u}{\partial t}(x, 0) = 0, & \text{en } \Omega, \end{cases} \end{aligned}$$

a problemas del tipo

```
fespace Vh(Th,P2);
Vh u1,u2,u3,v1,v2,v3;
macro epsilon(u1,u2,u3)
[dx(u1),dy(u2),dz(u3),(dz(u2)+dy(u3))/sqrt2,
(dz(u1)+dx(u3))/sqrt2,(dy(u1)+dx(u2))/sqrt2] //EOM
macro div(u1,u2,u3)
(dx(u1)+dy(u2)+dz(u3)) //EOM
macro dn(u) (N.x*dx(u)+N.y*dy(u)) //derivada normal
```

```

//Formulación variacional y solución
real contmol=248; //Fuerzas opuestas 1000
real contcond=-248; //Fuerzas opuestas
/////ZONA DERECHA
//MASETERO SUPERFICIAL
-int2d(Th,113) (Fmaseterosuperficial(0)*v1+
Fmaseterosuperficial(1)*v2+Fmaseterosuperficial(2)*v3)
//MASETERO PROFUNDO
-int2d(Th,113) (Fmaseteroprofundo(0)*v1+
Fmaseteroprofundo(1)*v2+Fmaseteroprofundo(2)*v3)
solve Lamé([u1,u2,u3],[v1,v2,v3])=
int3d(Th) (lambda*div(u1,u2,u3)*div(v1,v2,v3)
+2.*mu*(epsilon(u1,u2,u3)'*epsilon(v1,v2,v3)))
-int3d(Th) (f1*v1+f2*v2+f3*v3) //v2 v2 v2
-int2d(Th, 2,4,5,6,7,8,9,1,23,24,25) (g1*v1+g2*v2+g3*v3)
+on(15,30,31,u1=contcond,u2=contcond,u3=contcond)//
+on(38,39,40,u1=0,u2=0,u3=0) // cóndilo derecho;

```

y resolver problemas odontológicos como

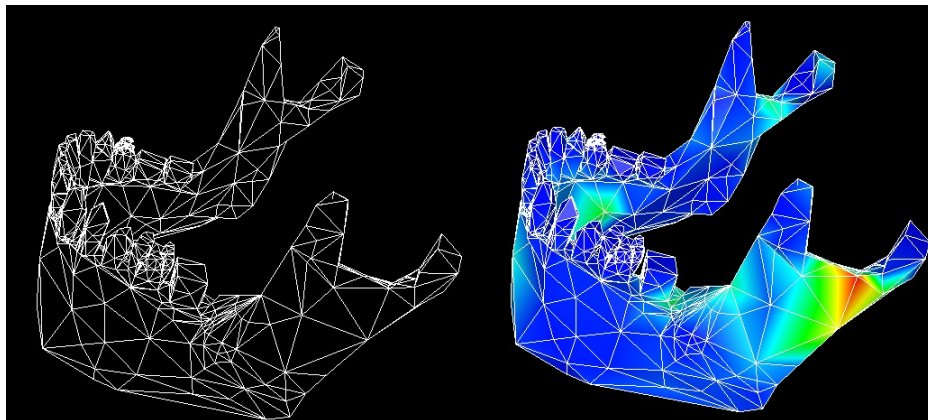


Figura 1: (Izq) Mallado en mandíbula. (Der) Solución del problema.

y biomédicos de fluidos en tejidos como se presenta en:

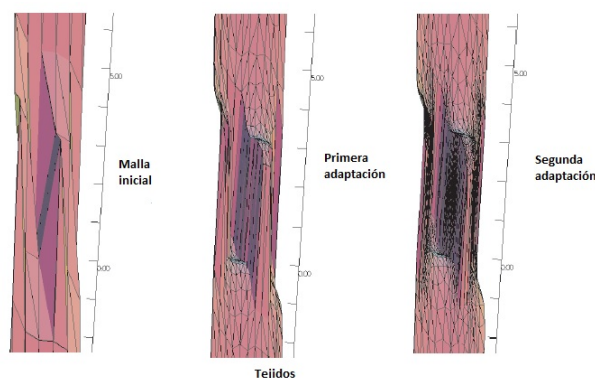


Figura 2: Mallado y refinamiento de mallados en tejidos del cuerpo humano.

El curso pretende ser completo y de avanzada, pero partiendo desde cero, garantizando el entendimiento de los participantes (matemáticos o no) que asistan a todas las sesiones que se programen.

Se requiere de ordenador. FreeFem++ es un software libre. Todos los pasos desde su instalación hast el culmen del curso se brindan en las clases por el suscrito.

Las explicaciones de formulaciones variacionales se realizarán paso a paso con plumón y pizarra y bajo diapositivas las de regular comprensión, así como en programación de simulación en tiempo real las de propia naturaleza en FreeFem++.

Referencias

- [1] P. G. Ciarlet : *The Finite Element Method for Elliptic Problems*. North-Holland (1978).
- [2] A. Hananel : *Aproximación univariante. Splines variacionales. Aplicación a desórdenes temporomandibulares.*, Universidad de Granada (2012).
- [3] F. Hecht : *FreeFem++*. Laboratoire Jacques-Louis Lions, Université Pierre et Marie Curie, Paris (2014).

Conferencias

Comunicaciones