

Sociedad Peruana de Matemática
Aplicada y Computacional

XI SEMINARIO INTERNACIONAL DE
BIOMATEMÁTICA

RESÚMENES

Universidad Nacional de Piura

Piura 2015

Comité Científico

Yang Kuang (Arizona State University, USA)
Carlos Castillo-Chavez (Arizona State University, USA)
Eduardo González (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile)
Jhon Nagy (Scottsdale Community College, Arizona, USA)
Graciela Canziani (Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires, Argentina)
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)
Yesenia Saavedra (Universidad Nacional de Piura)
Emma Cambillo (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú)

Índice

Presentación	5
Plenarias	6
Eduardo González Olivares	7
Fernando Córdova-Lepe	10
Cursos	12
Eduardo González Olivares	13
Roxana López Cruz	15
Conferencias	17
Jhajaira Araujo	18
Segundo Basilio Correa Erazo	19
Emma N. Cambillo Moyano	20
Ovidio F. García-Oliva	21
Ysela Agüero Palacios	23
Posters	25
Fernando Córdova Lepe	26
Pilar Rocio Sayan Mejia	27
Jhelly Reynaluz Pérez Núñez	28
Zaida Morante	30
Jesús J. Baldeón García	32

Lenin Quiñonez H.	33
Nilton A. Garcia Hilaes	34

Presentation

It is extremely pleasant to introduce you the abstracts of the Conferences, Short Courses and Communications of the Eleventh International Seminar on Biomathematics (IX SEMBIOMAT), which in this opportunity is realized in the city of Piura since 06 to 08 August 2015. 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 XI SEMBIOMAT.

THE ORGANIZING COMMITTEE

Es sumamente grato presentar los resúmenes de las Conferencias, Minicurso y Comunicaciones que se expondrán en el *Décimo Primer Seminario Internacional de Biomatemática* (XI SEMBIOMAT), que se realizará en la ciudad de Piura del 06 al 08 de Agosto del 2015. 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 XI SEMBIOMAT.

COMISIÓN ORGANIZADORA

Plenarias

Dinámicas de modelos de depredación considerando uso de refugio por las presas. Una pequeña revisión y nuevos resultados

Eduardo González Olivares

eduardo.gonzalez@pucv.cl

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso

Resumen

Diversos comportamientos son usadas por las presas para evitar ser depredadas, siendo estas conductas influyentes en la dinámicas de modelos depredador-presa.

Una de estas, es el uso de refugio por una parte de la población de presas, sobre la cual frecuentemente se ha afirmado que tiene un efecto estabilizante en la interacción presa-depredador [7]. Esta afirmación se puede comprobar usando el modelo de Lotka-Volterra con autorregulación o modelo de Volterra [13], asumiendo que: i) la cantidad de presas en refugio x_r es proporcional a la cantidad total de la población $x = x(t)$, es decir, $x_r = \alpha x$, o bien, ii) cuando la población que se encuentra a cubierto es una cantidad fija, esto es, $x_r = \gamma$ [11, 15].

En tales casos existe un único punto de equilibrio positivo que es global asintóticamente estable [3], lo cual se puede comprobar utilizando una función de Lyapunov adecuada [2].

En [4] el efecto del refugio por parte de la población de presas ha sido incorporado en el modelo de depredación de Rosenzweig-McArthur [9, 13], donde se demuestra que para ciertas condiciones en los parámetros el refugio produce comportamientos oscilatorios en las poblaciones (aparición de ciclos límites).

El modelo propuesto por J. McNair [12] es analizado en [8] demostrando la existencia de ciclos límites. G. Ruxton [13] construye un modelo asumiendo que la tasa en que la presas se mueven al refugio es proporcional a la densidad de depredadores, esto es, $x_r = \lambda y$, y se prueba que este comportamiento tiene un efecto estabilizante.

En esta presentación se exponen otras formas de expresar el refugio como la propuesta en [1] considerando que la cantidad de población en refugio x_r , es expresado por una función asintótica y monótonamente creciente o bien que la cantidad de presas en refugio es proporcional a los encuentros entre presas y depredadores [6], esto es, $x_r = \sigma xy$.

Estas expresiones se incorporan en el modelo de Volterra [13], descrito por el sistema de ecuaciones diferenciales autónomo dado por:

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

donde $x = x(t)$ e $y = y(t)$ indican los tamaños de la población de los depredadores y presas para $t \geq 0$, con $0 \leq x_r \leq x$ y $\mu = (r, K, q, p, c) \in \mathbb{R}_+^5$ y los parámetros tienen diferentes significados ecológicos.

Obtenemos condiciones en los parámetros para la existencia de los puntos de equilibrio al interior del primer cuadrante; probamos que siempre al menos uno de ellos es local asintóticamente estable y discutimos la existencia de ciclos límites.

Estimamos que para establecer si este comportamiento antidepredatorio tiene efecto estabilizante en la interacción, es necesario analizar nuevos modelos considerando algunas de nuevas formas para expresar la cantidad de presas en refugio [1].

Además, el estudio de las consecuencias del uso de refugio por parte de las presas es relevante para los procesos de conservación de especies en peligro de extinción con la creación de reservas (refugios) para su preservación [5, 9, 14].

Referencias

- [1] E. Almanza-Vásquez, E. González-Olivares and B. González-Yañez, Dynamics of Lotka-Volterra predator-prey model considering saturated refuge for prey, In R. Mondaini (Ed.) *BIOMAT 2011 International Symposium on Mathematical and Computational Biology*, World Scientific Co. Pte. Ltd., Singapore (2012) 62-72.
- [2] A. Ardito and P. Ricciardi, Lyapunov functions for a generalized Gause-type model, *Journal of Mathematical Biology* 33 (1995) 816-828.
- [3] J. B. Collings, Bifurcations and stability analysis of a temperature-dependent mite predator-prey interaction model incorporating a prey refuge, *Bulletin of Mathematical Biology* 57 (1995) 63-76.
- [4] E. González-Olivares and R. Ramos-Jiliberto, Dynamic consequences of prey refuges in a simple model system: more prey, fewer predators and enhanced stability, *Ecological Modelling* 166(1-2) (2003) 135-146.
- [5] E. González-Olivares and J. Huincahue-Arcos, A two-patch model for the optimal management of a fishing resource considering a marine protected area, *Nonlinear Analysis: Real World Applications* 12 (2011) 2489-2499.
- [6] E. González-Olivares, B. González-Yañez and R. Becerra-Klix, Prey refuge use as a function of predator-prey encounters, (2015) sometido.
- [7] G. W. Harrison, Global stability of predator-prey interactions, *Journal of Mathematical Biology* 8 (1979) 139-171.
- [8] A. R. Hausrath, Analysis of a model predator-system with refuges, *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 181 (1994) 531-545.
- [9] Z. Ma, W. Li, Y. Zhao, W. Wang, H. Zhang and Z. Li, Effects of prey refuges on a predator-prey model with a class of functional responses: The role of refuges, *Mathematical Biosciences* 218 (2009) 73-79.

- [10] Z. Ma, S. Wang, W. Li and Z. Li, The effect of prey refuge in a patchy predator-prey system, *Mathematical Biosciences* 243 (2013) 126-130.
- [11] J. Maynard Smith, *Models in Ecology*, Cambridge, At the University Press (1974).
- [12] J. M. McNair, The effects of refuges on predator-prey interactions: a reconsideration, *Theoretical Population Biology* 29 (1986) 38-63.
- [13] G. D. Ruxton, Short term refuge use and stability of predator-prey models, *Theoretical Population Biology* 47 (1995) 1-17.
- [14] P. D. N. Srinivasu and I. L. Gayitri, Influence of prey reserve capacity on predator-prey dynamics, *Ecological Modeling* 181 (2005) 191-202.
- [15] G. Tang, S. Tang, R. A. Cheke, Global analysis of a Holling type II predator-prey model with a constant prey refuge, *Nonlinear Dynamics* 76 (2014) 635-647.
- [16] P. Turchin, *Complex population dynamics, A theoretical/empirical synthesis*, Monographs in Population Biology 35, Princeton University Press (2003).

Comportamientos Impulsivos en Epidemiología: Contagios, Vacunas y Hospitalización

Fernando Córdova-Lepe

fcordova@ucm.cl

Universidad Católica del Maule, Chile

Resumen

Existen sistemas biológicos en que algunos parámetros o componentes de la variable estado alternan, en su variación en el tiempo, un comportamiento pausado con otro abrupto. Si en la alternancia dominan en longitud los intervalos de variación suave por sobre los intervalos comparativamente más cortos y en que la variación es mayor, estamos en un campo auspicioso para la formulación matemática mediante impulsos (discontinuidades) dentro de un contexto de continuidad.

Mostraremos tres ejemplos, en el área de la Epidemiología Matemática, en que los pulsos están naturalmente presentes. Más precisamente, situaciones en que la ley que gobierna mencionada variación tiene este carácter híbrido de continuidad y pulsos.

Primero revisaremos el caso en que, en el contexto de una enfermedad bajo control (intervalos de continuidad), aparecen oportunidades de infección temporalmente breves, pero de alto potencial de contagio (tiempos de pulso), ver [1]. Luego analizamos un ejemplo de la ya clásica medida de control sanitario denominada vacunación impulsiva, que es la denominación que reciben las campañas de inmunización de gran parte de la población y de muy corta duración, ver [2]. Finalmente, comunicamos el caso de una estrategia de control, de enfermedades de granjas, por aislamiento súbito de animales enfermos para recibir cuidados intensivos, ver [3].

La pregunta de interés en todos ellos tienen relación con la obtención de umbrales paramétricos que separen las situaciones de extinción o de persistencia de la enfermedad en la población.

Referencias

- [1] F Córdova-Lepe, G Robledo, M Pinto, E González-Olivares. *Modeling pulse infectious events irrupting into a controlled context: a SIS disease with almost periodic parameters*. Applied Mathematical Modelling 36 (3), 1323-1337, 2012.
- [2] F Córdova-Lepe, R Del-Valle, G Robledo. *A pulse vaccination strategy at variable times depending on incidence*. Journal of Biological Systems 19 (02), 329-344, 2011.

- [3] F Córdova-Lepe, ME Solis, G. Robledo (July 2015) *A disease control strategy on farms by impulse hospitalization*. Poster presented in IX Latin American Conference on Biomathematics, Botucatu, Brazil.

Cursos

TALLER

Influencia de algunos fenómenos ecológicos en la dinámica de modelos depredador-presa

Eduardo González Olivares

eduardo.gonzalez@pucv.cl

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

Resumen

En este taller presentaremos modelos depredador-presa descritos por sistemas bidimensionales de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (ODE), considerando que una o ambas poblaciones son afectadas por un fenómeno ecológico, los cuales en general, modifican la formulación básica de modelos del tipo Gause [8] o del tipo Leslie-Gower [12]; algunos de ellos son:

- i) El uso de refugio por parte de una fracción de la población de presas [11],
- ii) la interferencia entre los depredadores [7] o la competencia intraespecífica entre ellos,
- iii) la formación de grupos de defensa [9],
- iv) el comportamiento de rebaño [1] [3] [14],
- v) la captura de una de las poblaciones [4] [10].

Para estos modelos que constituyen una de las bases de las cadenas tróficas [13], mostraremos los principales cambios, que se producen en las dinámicas de los sistemas describiendo a los nuevos modelos, respecto a los modelos básicos (cantidad y naturaleza de los puntos de equilibrio, existencia de una región de invarianza y de ciclos límites, etc.) [2].

Indicaremos también cuales son los problemas matemáticos que surgen, producto de estos cambios [5], algunos de los cuales pueden resolverse utilizando la Teoría Cualitativa de las Ecuaciones Diferenciales Ordinarias y de los Sistemas Dinámicos [6].

Además, señalaremos los análisis aún pendientes en algunos de los modelos propuestos y las posibilidades de estudio que pueden continuarse con otras herramientas matemáticas, como son las Ecuaciones Diferenciales con retardo (DDE), Ecuaciones Diferenciales Impulsivas (IDE) o Ecuaciones Diferenciales Estocásticas (SDE).

Referencias

- [1] V. Ajraldi, M. Pittavino and E. Venturino, Modeling herd behavior in population systems, *Nonlinear Analysis: RealWorld Applications* 12 (2011) 2319-2338.
- [2] A. D. Bazykin, *Nonlinear dynamics of interacting populations*, Nonlinear Sciences Series A Vol. 11 World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd.1998.

- [3] P. A. Braza, Predator-prey dynamics with square root functional responses, *Nonlinear Analysis: Real World Applications* 13 (2012) 1837-1843.
- [4] C. W. Clark, *Mathematical Bioeconomics: The optimal management of renewable resources* (2nd ed), John Wiley and Sons Inc. 1990.
- [5] C. S. Coleman, Hilbert's 16th. Problem: How Many Cycles? In: M. Braun, C. S. Coleman and D. Drew (Ed.), *Differential equations models*, Springer Verlag (1983) 279-297.
- [6] F. Dumortier, J. Llibre and J. C. Artés, *Qualitative theory of planar differential systems*, Springer (2006).
- [7] H. I. Freedman, Stability analysis of a predator-prey system with mutual interference and density-dependent death rates, *Bulletin of Mathematical Biology* 41 (1979) 67-78.
- [8] H. I. Freedman, *Deterministic mathematical models in Population Ecology*, Marcel Dekker (1980).
- [9] H. I. Freedman and G. S. K. Wolkowicz, Predator-prey systems with group defence: The paradox of enrichment revisited. *Bulletin of Mathematical Biology* 8 (1986) 493-508.
- [10] B.S. Goh, *Management and analysis of Biological Populations*, Elsevier Scientific Publishing Company, 1980.
- [11] E. González-Olivares and R. Ramos-Jiliberto, Dynamic consequences of prey refuges in a simple model system: more prey, fewer predators and enhanced stability, *Ecological Modelling* 166 (2003) 135-146.
- [12] R. M. May, *Stability and complexity in model ecosystems*, 2nd edition, Princeton University Press (2001).
- [13] P. Turchin, *Complex population dynamics. A theoretical/empirical synthesis*, *Mongraphs in Population Biology* 35, Princeton University Press (2003).
- [14] E. Venturino and S. Petrovskii, Spatio temporal behavior of a prey-predator system with a group defense for prey, *Ecological Complexity* 14 (2013) 37-47.

TALLER

Sistemas Dinámicos de la Epidemiología de Enfermedades Infecciosas

Roxana López Cruz
rlopezc@unmsm.edu.pe

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] MURRAY, J. D. , *Mathematical Biology*, Vol. 1 y 2, 2nd ed., Springer, 2002.
- [2] FÉLIX BURGOS, G. Y SEVILLA ROMERO, L., *Ecología y Salud*. Mc Graw Hill, Tercera Ed., 2008.
- [3] BROWER, F., CASTILLO-CHÁVEZ, C., *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology* Springer Verlag, 2001.
- [4] DIEKMANN O., HEESTERBEEK J.A.P., *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases* Wiley, 2000.

Conferencias

Búsqueda de predictores genómicos en el cáncer de mama triple negativo y basal en pacientes con enfermedad residual luego de la neoadyuvancia

Jhajaira Araujo

jaraujos@auna.pe

Unidad de Investigación Básica y Traslacional, ONCOSALUD, Perú

Resumen

INTRODUCCIÓN: La enfermedad residual luego de la quimioterapia adyuvante en el cáncer de mama triple negativo (CMTN) constituye un factor de pobre pronóstico, sin embargo el riesgo de recurrencia luego de tres años es similar a la de otros subtipos de cáncer de mama, mostrando que existe un subgrupo de mejor pronóstico. La identificación de genes relacionados con el pronóstico podría permitir una mejor estratificación de los pacientes y establecer mejores estrategias terapéuticas.

OBJETIVO: Identificar genes cuya expresión se relacione con la sobrevida libre de recurrencia a distancia (SLRD) en pacientes con CMTN y enfermedad residual. **MÉTODOS:** Se analizaron 82 muestras de tumores residuales evaluables. Usando la tecnología de Nanostring se cuantificó la expresión de 450 genes. Los niveles de expresión fueron normalizados con Spike-controls, transformados a log2 y finalmente centrados a la mediana. El grupo de validación 1 estuvo conformado por 117 tumores basales (determinados con PAM50) con enfermedad residual y evaluados con la plataforma de microarray U133A (de la base de datos pública GSE25066). El grupo de validación 2 (GSE16446) consistió en 47 tumores receptor estrógeno negativo y HER2 no amplificado. Las muestras de ambos grupos de validación fueron analizadas antes de recibir quimioterapia neoadyuvante.

RESULTADOS: El análisis univariado con la regresión de Cox identificó 7 genes relacionados con SLRD (CCL5, CYBB, DDIT4, GTPBP4, KRT6B, PALMD y POLR1C). El análisis multivariado seleccionó a CCL5, DDIT4 y POLR1C como factores independientes para SLRD. Se construyó un score usando el coeficiente de regresión de cada gen ($-0,393 * CCL5 + 0,443 * DDIT4 + 0,490 * POLR1C$). La mediana del score en el grupo de descubrimiento fue de 0,149. En el grupo de validación 1 la mediana del score fue -0,036 y 0,0137 en el grupo de validación 2. Usando la prueba de Log-Rank y la mediana propia de cada grupo como punto de corte, fue posible identificar 2 subgrupos de diferente pronóstico ($p < 0,001$ en el grupo de descubrimiento, $p = 0,003$ en el grupo de validación 1 y $p = 0,041$ en el grupo de validación 2).

CONCLUSIONES: Se pudo identificar un score pronóstico basado en la expresión de CCL5, DDIT4 y POLR1C relacionado con la sobrevida libre de recurrencia a distancia. Debe realizarse una profunda evaluación de los mecanismos moleculares en la resistencia a la quimioterapia de estos tres genes ya que podrían ofrecer oportunidades terapéuticas.

Palabras clave: Predictor genómico. Cáncer de Mama Triple Negativo, Quimioterapia Neoadyuvante

Sistemas de Funciones Iteradas en la Geometría Fractal y su Aplicación en el Modelamiento de Objetos Naturales

Segundo Basilio Correa Erazo

scorreae@unp.edu.pe

Universidad Nacional de Piura, Perú

Resumen

El objetivo del presente trabajo es construir un sistema de funciones iteradas que modele objetos naturales, en particular plantas; la herramienta matemática a utilizar es el operador de *Hutchinson* $T = \bigcup_{i=1}^n \omega_i$, donde el conjunto de transformaciones $\omega_1; \omega_2; \dots; \omega_n$ son transformaciones contractivas. Dicho operador está definido sobre el espacio métrico completo $h(X)$, que es el espacio formado por todos los subconjuntos compactos del espacio métrico completo X . La justificación rigurosa de la existencia de las imágenes obtenidas, estará dada en base al teorema del punto fijo de Banach utilizando la métrica de Hausdorff definida por: $d_H(A, B) = \inf \delta > 0 : A \subset [B]_\delta \wedge B \subset [A]_\delta$. Asimismo se presentarán algunos códigos que permiten visualizar las imágenes computacionalmente.

Referencias

- [1] HUTCHINSON, J. E., *Fractal And Self - Similarity*, Math.J. Indiana Univ. USA 1981.
- [2] BARNSLEY, M Y DEMKO, *Iterated Function Systems And The Global Construction Of Fractals*, Proc. Roy. Soc. London 1985.
- [3] FALCONER, KENNETH, *Fractal Geometry, Mathematical foundations And Applications*, Cambridge University Press 1989.
- [4] PLAZA, SERGIO, *Fractales y Generación Computacional de Imágenes*, Monografías del IMCA (Instituto de Matemática y ciencias afines), Lima- Perú 1990.

Modelo de Ecuaciones Estructurales para el estudio de los conocimientos, actitudes y creencias de los estudiantes de la UNMSM sobre Medio Ambiente.

Emma N. Cambillo Moyano

ecambillo@gmail

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Resumen

Se aplica el modelo de ecuaciones estructurales para estudiar la relación entre el conocimiento, creencias y actitudes hacia el medio ambiente de los estudiantes de la UNMSM. Fueron utilizados dos instrumentos, uno para medir el conocimiento sobre medioambiente y otro para medir la actitud hacia el medio ambiente. Se clasificó a los estudiantes en tres categorías: actitudes pro ambientalista, actitudes anti ambientalista e indiferentes hacia el medio ambiente y se encontró que el nivel de conocimiento de los estudiantes de la UNMSM está relacionado con los tipos de actitudes hacia el medio ambiente, aquellos que tienen mayor nivel de conocimiento poseen actitudes a favor del medio ambiente.

Referencias

- [1] ÁLVAREZ, P Y GARCIA J. , *?Dimensionalidad de una escala de actitud hacia el medio ambiente para la educación secundaria?.* En: Revista de Investigación Educativa Vol. 20, N° 1: 77-87 2002.
- [2] CASTAÑEDO C, *?Escala para la evaluación de las actitudes pro-ambientales (EAPA) de alumnos universitarios?.* En: Revista Complutense de Educación, Vol. 6, N° 2 ., 1995.

Comportamiento de la población de fitoplancton como respuesta a la carga de nutrientes en un ecosistema lacustre

Ovidio F. García-Oliva

ovidiogarciaoliva@gmail.com

Centro de Estudios Atitlán, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala

Resumen

Un sistema de ecuaciones diferenciales es utilizado para explorar el comportamiento de la población de fitoplancton como respuesta a la carga de nutrientes en un ecosistema lacustre. Las propiedades cualitativas del sistema, estabilidad y puntos de equilibrio fueron determinados. El sistema fue simulado computacionalmente utilizando diferentes formas funcionales para describir la entrada de nutrientes al ecosistema. Los resultados cualitativos y numéricos están de acuerdo al comportamiento observado y reportado, sin embargo, es necesario mayor investigación. El estudio de este tipo de sistemas es importante, ya que brinda una herramienta para entender las condiciones que hacen posibles los florecimientos en lagos, además de establecer un marco teórico que explica la dinámica de estos ecosistemas.

Referencias

- [1] CATHALAC/NASA/USAID, 2010. *Imágenes del florecimiento de la cianobacteria en el Lago Atitlán.*
- [2] FREUND J., MIERUCH, S., SCHOLZE, B., WILTSHIRE, K. & FEUDEL, U., 2006. *Bloom dynamics in a seasonally forced phytoplankton–zooplankton model: Trigger mechanisms and timing effects.* Ecological Complexity. 3: 129–139.
- [3] HUPPERT, A., BLASIUS, B., OLINKY, R. & STONE, L., 2004. *Bottom–up excitable models of phytoplankton blooms.* Bulletin of Mathematical Biology 66: 865–878.
- [4] HUPPERT, A., BLASIUS, B., OLINKYA, R. & STONE, L., 2005. *A model for seasonal phytoplankton blooms.* Journal of Theoretical Biology 236: 276–290.

- [5] OCHAETA, G. R., 2014. *Análisis temporal y espacial de la comunidad de fitoplancton en los puntos Panajachel, Centro Weiss G y Santiago en el Lago Atitlán, SololÁj, Guatemala, durante el año 2013*. Informe de Tesis para optar al título de Biólogo. Guatemala, 2014.
- [6] SAE-JIE, W., BUNWONG, K. & MOORE, E. J., 2012. *A nutrient-induced seasonal algal bloom model*. International Journal of Mathematical Models and Methods in Applied Sciences 6: 402–410.
- [7] TILMAN, D., 1980. *Resources: A graphical-mechanistic approach to competition and predation*. The American Naturalist 116: 362–393.
- [8] VAN DONK, E. & KILMAN, S. S., 1990. *Temperature effects on silicon- and phosphorus-limited growth and competitive interactions among three diatoms*. J. Phycol. 26: 40–50.

INCIDENCIA DE LOS TRASTORNOS DE SUEÑO Y FACTORES ASOCIADOS EN ESTUDIANTES DE PRE GRADO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS MATEMATICAS 2014

Ysela Agüero Palacios
ysela.aguero@gmail.com

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Resumen

La demanda académica, las responsabilidades, tareas y actividades, además de las circunstancias sociales y personales que rodean a los estudiantes universitarios, pueden influir negativamente en su calidad del sueño y el deterioro de su salud. **Objetivo:** Evaluar la calidad del sueño y posibles factores asociados con los problemas de sueño en estudiantes de la FCM de la UNMSM en el año 2014. **Metodología:** Estudio descriptivo-correlacional de corte transversal. Muestra aleatoria de 235 estudiantes de las cuatro EAP de la FCM. Se aplicaron tres cuestionarios, de datos personales, de hábitos de estudio y el Índice de Calidad del sueño de Pittsburg. Se analizaron los datos mediante pruebas t de Student para muestras independientes, pruebas chi cuadrado y modelos lineales de rango incompleto. El procesamiento se realizó usando el SPSS Ver 22. **Resultados.-** Estudiantes de ambos sexos, con edad mediana de 22.7 años, 40.9 % trabajan, 59.2 % están matriculados entre 3 y 4 cursos. La puntuación promedio en el ICSP fue de 7.7 ; ($IC_{95} \%: 7, 4 - 8, 0$), 43.8 % de los estudiantes considera que la calidad subjetiva de su sueño es mala o bastante mala, ($P : 43, 8 \%, IC_{95} \%: 37, 5 - 50, 2$). Los factores asociados significativamente fueron el sexo ($p = 0.019$) y trabajo ($p = 0, 002$), tener un horario más o menos habitual para estudiar, distribuir el tiempo de estudio a lo largo de la semana, pasar la noche estudiando poco antes de los exámenes ($p < 0, 05$.. **Recomendaciones:** Informar a los estudiantes sobre los riesgos de una mala higiene del sueño. Facilitar la organización de las actividades preparando calendarios de actividades académicas con fechas inamovibles de actividades.

PALABRAS CLAVE.- Calidad subjetiva del sueño, trastornos del sueño, higiene del sueño, latencia del sueño, eficiencia del sueño, disfunción diurna.

Referencias

- [1] AMERICAN PSYCHIATRIC ASSOCIATION , *Diagnostic and Statistical Manual of Mental Disorders*, 4th ed. American Psychiatric Association, Washington, DC, Springer, 1994.

- [2] BUYSSE DJ, REYNOLDS III CF, MONK T, BERNAN SR, KUPFER DJ., *SThe Pittsburgh Sleep Quality Index: A new instrument form Psychiatric practice and research*. Psychiatry Res., 28, 193-213, 1989. HR
- [3] CHARLES HUAMANÍ, ARTURO REYES, PERCY MAYTA-TRISTÁN, RAÚL TIMANA, ABEL SALAZAR, DAVID SÁNCHEZ, HUGO PÉREZ, *Calidad y parálisis del sueño en estudiantes de Medicina*. Anales de la Facultad de Medicina, 67 (4), 339 -344, 2006.
- [4] ESCOBAR-CÓRDOVA F, ESLAVA-SCHMALBACH J., *Validación Colombiana del índice de calidad de sueño de Pittsburgh*. Rev Neurol., 40 (3), 150-5, 2005
- [5] JUAN CARLOS SIERRA, CARMEN JIMÉNEZ NAVARRO, JUAN DOMINGO MARTÍN ORTIZ, *Calidad del sueño en estudiantes universitarios: importancia de la higiene del sueño*. Salud Mental, Vol. 25 6 2002.
- [6] VELDI M, ALUOJA A, VASAR V. , *Sleep quality and more common sleep-related problems in medical students*. Sleep Med., 6 (3), 269 -275; 2005.

Posters

Some allometric relations between occupancy fractions of the carrying capacities in populations

Fernando Córdova Lepe

fcordova@ucm

Universidad Católica del Maule, Talca;

Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación, Santiago, Chile

Resumen

Although the allometric mathematical relations come from the physiological field (body relative growth), in this work, we explore the concept, but from an ecological level. The idea is to get some of these type of correlations to compare degree to which a population occupies the habitat or the relationship between these grades for different populations living in a community.

Referencias

- [1] HUXLEY, J.S. AND TEISSER G., *Terminology of relative growth*, Nature, 137: 780 - 781, 1936.
- [2] GAYON, J., *History of the concept of Allometry*, ZOOL, 40: 748 - 758 (2000).
- [3] LE VARGE, S., *Applications of Logarithmic Exponential Functions* The Biology Project. (Online) Available: <http://www.biology.arizona.edu/biomath/>

Análisis de un modelo matemático de la enfermedad infecciosa emergente que está llevando a la muerte del anfibio

Pilar Rocio Sayan Mejia

mathbiology@icloud.com

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Resumen

Entre las mayores causas del declive de la población de anfibios se encuentra la alteración y a destrucción de su habitat, aunque en estos últimos años, se ha podido comprobar la gran importancia de las enfermedades emergentes, en los casos mas enigmáticos de declives y extinciones de anfibios.

La población de larva esta subdivida en dos clases, susceptible y no susceptible, dependiendo de su vulnerabilidad de la enfermedad.El modelado de esta dinámica es una herramienta muy interesante para dar resultados,conceptuales tales como un numero de básico de reproducción, la condición de umbral,tasa de metamorfosis,tasa de contacto y tasa de supervivencia.

Abstract

Among the major causes of the decline of amphibian populations is the alteration and destruction of their habitat, although in recent years it has been proved the importance of emerging diseases , in the most enigmatic cases of amphibian declines and extinctions .

The larvae population of the model is subdivided into two classes, susceptible and nonsusceptible. Although in those recent years it has been proved the importance of emerging diseases , in cases most enigmatic of amphibian declines and extinctions.The modeling of this dinamic is a very interesting to give conceptual results such as :basic reproduction number,threshold condition,metamorfosis rate ,contact rate and survival rate.

Referencias

- [1] BOSCH, JAIME, *Nuevas amenazas para los anfibios: enfermedades emergentes*, Munibe. Suplemento 16 pp. 56-73, 2003.
- [2] THIEME HR, T DHIRASAKDANON, Z HAN AND R TREVINO, *Species Decline and Extinction: Synergy of Infectious Disease and Allee Effect?* TJournal of Biological Dynamics, Vol. 3, pp. 305-323, 2009.

Dinámica del control biológico basado en un modelo de cadena alimenticia con tres niveles tróficos

Jhelly Reynaluz Pérez Núñez

reynaluz4@gmail.com

Instituto de Investigación, Facultad de Ciencias Matemáticas, UNMSM

Abstract

El motivo de desarrollar este modelo matemático es por las pérdidas económicas que ocasionan las plagas y por la contaminación hacia el medio ambiente al utilizar fungicidas, pesticidas e insecticidas. La importancia del estudio de la dinámica de los controladores biológicos, recae en el hecho de que por lo general son de bajos costos y no son nocivos para las personas del entorno.

El sistema de cadena alimenticia con tres niveles tróficos que estudiaremos es una adaptación de un modelo depredador-presa razón dependiente Holling tipo II, al cual se le añade un nuevo nivel trófico de esta manera tendremos presa(planta), depredador intermedio(plaga) y depredador superior(control biológico).

Por esto se estudiará un modelo matemático en el cual se utiliza un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias.

$$\left\{ \begin{array}{l} x'(t) = x(1-x) - \frac{c_1xy}{x+y} \quad , \quad x(0) > 0 \\ y'(t) = \frac{m_1xy}{x+y} - d_1y - \frac{c_2yz}{z+y} \quad , \quad y(0) > 0 \\ z'(t) = \frac{m_2yz}{z+y} - d_2z \quad , \quad z(0) > 0 \end{array} \right.$$

Para este modelo estudiaremos la estabilidad e inestabilidad de las soluciones, también veremos diversos escenarios de extinción (extinción total y parcial, notemos que la extinción total se interpretaría como la pérdida total del cultivo mientras que la extinción parcial podría darse como la coexistencia del cultivo con la plaga o el caso óptimo de solo persistencia del cultivo, el cual se entiende como el éxito del control biológico).

En el presente trabajo las simulaciones están hechas en MatLab haciendo uso del Método de Runge-Kutta de cuarto orden.

Referencias

- [1] HSU S. B., HWANG T. W., KUANG., *A Ratio-Dependent Food Chain Model and Its Applications to Biological Control* , Mathematical Biosciences, 2003.

Repetida observación de enriquecimiento de genes de la vía inmune en mujeres con cáncer de pulmón de células no pequeñas

Zaida Morante

rfernandez@gmail.com

Unidad de Investigación Básica y Translacional, ONCOSALUD, Perú

Abstract

INTRODUCCIÓN: Existen diferentes patrones clínicos y moleculares del cáncer de pulmón (CP) entre hombres y mujeres. Las mujeres tienden a presentar el CP a una edad más joven y con estadios más avanzados que los hombres; sin embargo, su pronóstico es mejor. A pesar de los grandes avances en el conocimiento del genoma del cáncer de pulmón, aún no se han explorado las diferencias moleculares en relación con el género. El objetivo de este estudio fue evaluar grupos de genes diferencialmente enriquecidos entre mujeres y hombres.

MÉTODOS: Se evaluaron 05 bases de datos públicas que contienen valores de expresión de genes de pacientes con cáncer de pulmón de células no pequeñas (CPCNP): GSE50081 (HG-U133 Plus 2; $n = 81$ muestras), GSE47115 (Illumina HumanHT-12 WG-DASL V4.0 R2; 16 muestras), GSE10072 (HG-U133A; $n = 71$ muestras), GSE32863 (Illumina HumanWG-6 v3.0; 116 muestras), GSE7670 (HG-U133A; $n = 52$ muestras). En cada base de datos, los niveles de expresión fueron transformados a $\log_2$ y centrados a la mediana. Se realizó un análisis de enriquecimiento de vías (GSEA) para explorar diferencias entre géneros. Cada base de datos fue analizada individualmente y fueron divididas en cohortes de fumadores y no fumadores (y por tipo de tejido, cuando la información estaba disponible). Los casos con estado de fumador desconocido y ex fumadores fueron excluidos del análisis. Se examinaron 1 454 grupos de genes, involucrados en procesos biológicos anotados en Gene Ontology (GO), para encontrar vías enriquecidas similares entre cohortes. Consideramos un conjunto de genes enriquecido cuando al menos una cohorte tenía un valor de $p < 0,05$ y la observación se repetía en otros conjuntos de datos con valores de $p < 0,08$ (tendencias estadísticas).

RESULTADOS: El análisis mostró una observación repetida de enriquecimiento de genes involucrados en la vía inmune en las mujeres. Respuesta de defensa a virus se mostró enriquecida en cuatro cohortes; el proceso de biosíntesis de citoquinas, la respuesta inmune innata, la regulación positiva del proceso de biosíntesis de citoquinas, la regulación del proceso de biosíntesis de citoquinas y la respuesta a otros organismos fueron enriquecidos en tres cohortes; la respuesta inmune adaptativa, la activación de células B, la respuesta de defensa celular, la actividad de quimioquinas, la respuesta inmune innata, el proceso de biosíntesis de interferón gamma, la producción de interleucina 8 y otros fueron enriquecidos en al menos dos cohortes. Por otro lado, el transporte de aminoácidos, el proceso celular de catabolismo de proteínas, el mantenimiento de la localización de proteínas, la regulación de la actividad GTPasa, la regulación de polimerización de proteínas, la regulación de actividad GTPasa de Rho, entre otros, fueron enriquecidos en los hombres.

CONCLUSIONES: El análisis de la expresión génica global mostró que los genes de la vía inmune, frecuentemente estuvieron enriquecidos en mujeres a comparación de los hombres. Las diferencias en las vías de enriquecimiento entre hombres y mujeres deben ser profundamente exploradas.

Palabras clave: cáncer de pulmón de células no pequeñas, GSEA, tabaquismo, genes de la vía inmune.

Modelo Matemático de la Tuberculosis

Jesús J. Baldeón García

jj_baldeon@hotmail.com

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Abstract

El siguiente modelo epidemiológico es una variación del modelo SIR con muerte por enfermedad propuesto por Soper(1929)y mejorado por Kermack y McKendrick (1932). Estos modelos nos pueden ayudar en en la promoción y toma de decisiones para la prevención de una epidemia.

En este modelo dividiré la población en 4 grupos: Susceptibles no Inmunodeprimidos (S_1), Susceptibles Inmunodeprimidos (S_2), Infectados (I) y Recuperados (R). También consideraré diferentes tasas de muertes dependiendo del grupo en el cual se encuentre el individuo. La forma en que un individuo pasa de un grupo a otro queda especificado por diferentes tasas de cambio (dependiendo el grupo en el cual se encuentre).

El análisis de las ecuaciones que aparecen en este modelo, nos muestra que uno de los puntos de equilibrio es el estado libre de tuberculosis, que no puede ser realista indefinidamente. Mientras que el comportamiento general depende de los valores que adoptan las tasas.

Referencias

- [1] BÜRGUER, R., *Introducción al Modelamiento en Biomatemática* Apuntes Centro de Investigación en Ingeniería Matemática, 2012.
- [2] PLIEGO, E., *Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas* Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, 2011.

Modelación matemática del crecimiento poblacional de bacterias

Lenin Quiñonez H.

rfernandez@gmail.com

Universidad Nacional de Ingeniería, Perú

Abstract

Darles a los estudiantes de Industrias Alimentarias una herramienta mas, como es la modelación matemática, para su formación académica y posteriormente aplicación en su ámbito laboral.

Uno de los campos más fascinantes del conocimiento al cual los métodos matemáticos han sido aplicados es el de la biología. La posibilidad de que las matemáticas pudieran aún ser aplicadas exitosamente en el estudio de varios procesos naturales de los seres vivos desde los microorganismos más elementales hasta la misma humanidad sorprende a la imaginación.

Un problema fundamental en biología es el crecimiento, sea este el crecimiento de una célula, un órgano, un ser humano, una planta o una población.

Simulación numérica del proceso de remodelación ósea

Nilton Alan Garcia Hilares

nilton.garcia@unmsm.edu.pe

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Abstract

El sistema óseo es una estructura fundamental para las actividades físicas, así como reserva de calcio y otros minerales. El esfuerzo físico causa estrés, el cual puede producir daño a los huesos, de forma similar si los niveles de calcio en la sangre disminuyen de cierto nivel, esto es regulado liberando calcio a través de la remoción (reabsorción) del sistema óseo. En ambos casos los daños causados al sistema óseo tienen que ser reparados, para reparar la integridad estructural.

Este proceso de reabsorción y regeneración es referido como remodelación ósea y es realizada por entidades multicelulares complejas a las cuales nos referiremos como BMU (bone multicellular unit), cada BMU consiste de varios tipos de células que interactúan y toda una variedad de factores bioquímicos.

La importancia de la remodelación ósea es clara, cuando consideramos la implicación de su malfuncionamiento o deficiencia, ya que si no se da una adecuada regeneración ósea, el daño microscópico del sistema óseo puede agravarse generando daños macroscópicos como fracturas, además las patologías en el funcionamiento de las BMU en gran parte son las responsables de males como la osteoporosis.

Por esto se estudiará un modelo matemático temporal para la interacción de las células del BMU [1], el cual es regido por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\begin{cases} \frac{du_1}{dt} &= \alpha_1 u_1^{g_{1,1}} u_2^{g_{2,1}} - \beta_1 u_1 \\ \frac{du_2}{dt} &= \alpha_2 u_1^{g_{1,2}} u_2^{g_{2,2}} - \beta_2 u_2 \\ \frac{dz}{dt} &= -b_1 v_1 + b_1 v_2 \end{cases}$$

El trabajo expone los aspectos biológicos de la formulación, análisis de estabilidad y simulación. La simulación se realizó en MatLab haciendo un entorno en SimuLink, alternativo al propuesto en [2], con la intención de mostrar el crecimiento, decaimiento y nivel constante de la densidad ósea a lo largo del ciclo de vida.

Referencias

- [1] SVETLANA V. KOMAROVA, *Mathematical Model of Paracrine Interactions between Osteoclasts and Osteoblasts Predicts Anabolic Action of Pa-*

rathyroid Hormone on Bone. Endocrinology Copyright c 2005 by The Endocrine Society. 146(8), 2005, 3589-3595.

- [2] FONSECA, A. AND GARZÓN, D. A., *Implementación del modelo de remodelación ósea de Komarova para el estudio de la sensibilidad del proceso de remodelamiento óseo ante cambios en factores locales*. Ingeniería y Ciencia, Universidad EAFIT. 5(10), 2009, 107-132.

Sociedad Peruana de Matemática Aplicada y Computacional

XI SEMBIOMAT

Piura, 06 – 08 Agosto 2015

CURSOS: CT1 EN SALA 1, CT2 EN LABORATORIO,

POSTERS EN LA SALA DE CAFE

HORARIO

Hora	Jueves 6	Viernes 7	Sábado 8	HORA
08:30 – 09:20	Inscripciones	Curso Taller 1 (CT 1) Roxana López Cruz (Laboratorio)	CON 4	08:30 – 09:20
09:20 – 10:10			CON 5	09:20 – 10:10
10:10 – 10:30		DESCANSO		
10:30 – 11:30	INAUGURACIÓN	Curso Taller 2 (CT 2) Eduardo González O. (Aula)	PLENARIA (PL2) Eduardo González Olivares	10:30 – 11:40
11:30 – 12:00	Curso Taller 2 (CT 2) Eduardo González O. (Aula)			
12:00 – 13:00		PLENARIA (PL 1) Fernando Córdova-Lepe (Aula)		
13:00 – 15:00	ALMUERZO			
15:00 – 15:50	Curso Taller 1 (CT 1) Roxana López Cruz (Laboratorio)	CON 2		
15:50 – 16:10		Posters		
16:10 – 16:30				
16:30 – 16:50	DESCANSO			
16:50 – 17:40	CON 1	CON 3		
17:40 – 19:00	CONVERSATORIO: X SOLABIMA	CONFRATERNIDAD		

PL : PLENARIA CT : MINICURSO CON : CONFERENCIA COM : COMUNICACIÓN POS : POSTER