

UN MODELO BIOMATEMATICO

Luis Alfonso Erazo R.

Debido al desarrollo integrado de las diferentes ramas de la ciencia en las últimas décadas y puesto que la matemática concebida como una disciplina formal, es considerada en la actualidad como una de las bases fundamentales para el desarrollo de diferentes disciplinas científicas, presentamos la elaboración y análisis, de manera elemental, de un "modelo biomatemático" en ecología.

Sobre biomatemática, en los últimos años, se han publicado excelentes obras, aunque en reducido número, y varios artículos en revistas especializadas, por lo cual el presente es, ante todo, un artículo de divulgación sobre uno de los temas tratados en las obras mencionadas en la bibliografía. En esta primera parte se da una visión somera sobre los objetivos de la biomatemática y en la segunda, el desarrollo del modelo mencionado.

A grandes rasgos el desarrollo de la biología lo podemos dividir en tres etapas:

1. Como disciplina descriptiva, hecho particularmente notorio en anatomía, desde Aristóteles y Galeno hasta el siglo XVII.
2. La biología como ciencia, que comenzó realmente al surgir la genética, la evolución y la fisiología, no

hace más de 150 años.

3. Etapa de desarrollo científico, donde se han obtenido los avances más profundos, debido al progreso en los métodos de medida, se inició a comienzos de este siglo.

Por otra parte, las matemáticas durante mucho tiempo se habían considerado como un área de investigación que se ocupaba de cantidades tales como distancias, áreas, ángulos y pesos, aunque desde sus comienzos había empezado a desligarse de este tratamiento.

La llamada "matemática moderna" se abrió camino en otras ciencias alrededor de 1925 cuando se consiguió aplicar a los cuantos físicos la teoría de grupos, que emplea elementos abstractos y operaciones sobre ellos. Desde aquí las matemáticas modernas han entrado rápidamente en otras áreas de investigación científica, incluidas las ciencias de la vida. La biomatemática es de origen reciente, data apenas de principios de este siglo y se inició prácticamente con los trabajos de Volterra, Lotka y Rashevsky, a pesar de que en 1890 habían hecho formulaciones matemáticas sobre la interrelación de los circuitos eléctricos con el sistema nervioso.

De esta manera, no es posible delinear un claro desarrollo histórico de la biología o de la biomatemática como ciencias; por esta razón para determinar la meta de la ciencia moderna y contemporánea, debemos basarnos en el desarrollo histórico de la física, la más antigua de las ciencias naturales.

La física prácticamente nació en Atenas con los trabajos de Aristóteles, donde la preocupación básica era el "porqué" y no el "como" del suceso de las cosas. Desde los trabajos de Galileo la "manera" en que suceden los fenómenos naturales comenzó a cobrar importancia en física. En la actualidad la clásica pregunta del porqué suceden las cosas, que con tanto esfuerzo trató de responder Aristóteles, no se considera ciencia sino meta-ciencia. Ni Galileo, ni Newton, ni Einstein buscaron una respuesta a tal pregunta; la meta de sus investigaciones fue el "como se mueven los objetos", y dentro del campo de sus respectivas investigaciones la respuesta fue precisa.

Siguiendo esta tendencia y basándonos en la experiencia, ésta nos muestra que si no podemos comprender, al menos podemos predecir, dentro de ciertas limitaciones, como suceden los fenómenos naturales.

La meta básica de la ciencia moderna es, entonces, crear en torno a los fenómenos reales, "modelos" que describan y puedan predecir el comportamiento de tales fenómenos. En general se han elaborado modelos diferentes para fenómenos considerados como distintos; por ejemplo el electrón en algunos casos tiene comportamiento de partícula y en otros comportamiento de onda, por lo cual se crearon dos modelos diferentes para su estudio.

Dentro de los "modelos simbólicos", que son aquellos que se pueden representar mediante símbolos o fórmulas y que permiten la matematización de los diferentes sistemas y procesos, se pueden distinguir los "modelos ma-

temáticos" (determinísticos) y los "modelos estadísticos" (no determinísticos).

Se puede decir, entonces, que un modelo matemático es bueno si predice o simula algunos de los comportamientos de un determinado fenómeno real. A excepción de esto, no se puede buscar significados biológicos del modelo más allá de su poder de predicción.

Con base en estas consideraciones se pueden establecer los objetivos de la biomatemática, entre los cuales se pueden señalar:

1. Encontrar estructuras matemáticas que sirvan de modelo común a diversos y diferentes fenómenos biológicos.

La búsqueda de estas estructuras hasta cierto punto "universales" ha encontrado tropiezos debido a nuestras limitaciones de percepción en lo que a fenómenos biológicos se refiere.

2. Descubrir variables canónicas que expresen un determinado fenómeno en su máxima simplicidad. Esto se hace elaborando modelos, reglas operacionales o estructuras que describan el fenómeno biológico estudiado y que a la vez sean comunes a varios de estos fenómenos.

Es conveniente también comparar el enfoque de la biomatemática con el de la biofísica. En biofísica se busca esencialmente reducir los fenómenos biológicos a sus raíces físicas, para luego aplicar o adaptar las teorías y resultados de la física a estos procesos biológicos. El biofísico trata de deducir de las propiedades atómicas y moleculares de, por ejemplo los ácidos nucleicos o la

neurona, las propiedades biológicas de estos, y así trata de reducir la biología a fenómenos físicos.

Más generalmente se puede decir que la meta de la biología física es deducir el comportamiento de un sistema compuesto mediante el estudio de los comportamientos individuales de los componentes de este sistema y del estudio de las interacciones entre estos componentes.

Por su parte, la biomatemática analiza la estructura de fenómenos o sistemas biológicos como "un todo", sin intentar reducirlos a componentes encuadrables en otra ciencia.

Al proceder por los esquemas biomatemáticos, los problemas biológicos se analizan tratando de captar sus cualidades biológicas esenciales, para luego ser estudiadas por medio del razonamiento y las estructuras matemáticas. Por ejemplo consideremos el análisis de la neurona. Planteado el problema biomatemáticamente, se debe captar la esencia biológica de la neurona; esto es, si se la considera como una máquina binaria cuya respuesta a ciertas señales (subumbrales) es cero y cuya respuesta a otras señales (sobreambrales) es uno, y planteado con criterio reduccionista, se considerarían los procesos mecánicos o químicos que se manifiestan cuando se excita una neurona.

MODELO DE INTERACCION ENTRE DOS ESPECIES

Se trata de mostrar como puede simularse, por medio de sistemas de ecuaciones diferenciales, la variación que experimenta el número de individuos de especies que

viven en una misma región.

Consideremos una región cerrada que contiene dos especies de plantas o animales. Dos especies que viven en un mismo sistema ecológico pueden interactuar de diferentes maneras; algunas de las cuales son:

1. Depredación. Si la especie A es depredadora de la B entonces la especie A se alimenta de la B. La depredación puede ser absoluta o relativa.
2. Competencia. Las especies A y B compiten cuando ambas deben recurrir al mismo recurso natural, que puede ser alimento, espacio físico, etc.
3. Simbiosis. Cuando la población de la especie A depende de algún modo de la especie B, y a su vez A estimula el crecimiento de la especie B.

Presentamos a continuación un caso particular para luego indicar la estructura del caso general.

Caso particular.

Consideremos un sistema ecológico cerrado que contiene dos especies A y B y denominemos:

x = población de la especie A

y = población de la especie B

Durante un intervalo de tiempo Δt podemos describir el proceso mediante las ecuaciones:

$$\left\{ \begin{array}{l} \Delta x = \text{ganancia neta de A. (O pérdida).} \end{array} \right\} = \left\{ \begin{array}{l} \text{cambio en ausencia de interacción} \end{array} \right\} + \left\{ \begin{array}{l} \text{cambio debido a la interacción con la espec. B} \end{array} \right\}$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \Delta y = \text{ganancia ne-} \\ \text{ta de B (o} \\ \text{pérdida).} \end{array} \right\} = \left\{ \begin{array}{l} \text{cambio debido} \\ \text{a interacción} \\ \text{con la esp. A} \end{array} \right\} + \left\{ \begin{array}{l} \text{cambio en au-} \\ \text{sencia de in-} \\ \text{teracción} \end{array} \right\}$$

Dividimos ambas ecuaciones por Δt y suponemos que cada término tiende a un límite cuando $\Delta t \rightarrow 0$. Así el paso al límite conduce a la situación:

$$\frac{dx}{dt} = \left\{ \begin{array}{l} \text{razón de cambio en} \\ \text{ausencia de inte-} \\ \text{racción} \end{array} \right\} + \left\{ \begin{array}{l} \text{razón de cambio debi-} \\ \text{da a interacción con} \\ \text{la especie B} \end{array} \right\}$$

$$\frac{dy}{dt} = \left\{ \begin{array}{l} \text{razón de cambio debi-} \\ \text{da a interacción con} \\ \text{la especie A} \end{array} \right\} + \left\{ \begin{array}{l} \text{razón de cambio en} \\ \text{ausencia de inte-} \\ \text{racción} \end{array} \right\}$$

En ausencia de interacción se puede suponer que en ambas poblaciones existe una razón constante de nacimiento y muerte de forma que la razón de cambio es proporcional al tamaño de la población, y que la razón de cambio en interacción es proporcional al tamaño de la población que interviene. Con estas consideraciones se obtiene el sistema siguiente:

$$\frac{dx}{dt} = a_{11}x + a_{12}y$$

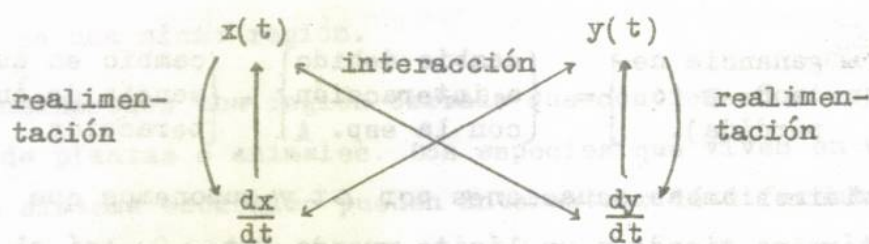
$$\frac{dy}{dt} = a_{21}x + a_{22}y$$

el cual se puede escribir en la forma:

$$\begin{bmatrix} \frac{dx}{dt} \\ \frac{dy}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} \quad \text{o} \quad \frac{d\vec{r}}{dt} = M \vec{r}$$

si $\vec{r} = (x, y)$ y M es la matriz de los coeficientes.

El contenido lógico de este sistema puede apreciarse en la siguiente gráfica:



Las cantidades x y y están en interacción de forma que determinan plenamente las razones de crecimiento dx/dt y dy/dt . Al pasar el tiempo, x y y crecerán de acuerdo con las razones dx/dt y dy/dt (o decrecerán), de esta forma las razones determinarán los futuros valores de x y y . La información dada a dx/dt y a dy/dt es reintegrada a x y a y .

Este sistema de ecuaciones, tiene soluciones de la forma:

$$x(t) = k_1 e^{\lambda t}, \quad y(t) = k_2 e^{\lambda t}$$

donde k_1 , k_2 y λ son constantes a determinarse. Reemplazando estas soluciones y sus derivadas en el sistema se tiene:

$$k_1 \lambda e^{\lambda t} = a_{11} k_1 e^{\lambda t} + a_{12} k_2 e^{\lambda t}$$

$$k_2 \lambda e^{\lambda t} = a_{21} k_1 e^{\lambda t} + a_{22} k_2 e^{\lambda t}$$

o en forma equivalente;

$$(a_{11} - \lambda)k_1 + a_{12}k_2 = 0$$

$$a_{21}k_1 + (a_{22} - \lambda)k_2 = 0$$

Para encontrar los valores de λ debemos hallar las soluciones de la ecuación característica de la matriz M :

La matriz M es un homomorfismo del plano cartesiano \mathbb{R}^2 en sí mismo, expresado en la base canónica $(1,0)$ y $(0,1)$. Los puntos críticos del sistema constituyen el núcleo de M , es decir, el conjunto P de puntos críticos del sistema es:

$$P = \text{Ker } M = \{ \vec{r} / M(\vec{r}) = 0 \}$$

El núcleo de M puede tener dimensión 0, 1 ó 2, lo cual da para cada uno de estos casos espacios de soluciones radicalmente diferentes. Un estudio completo implicaría el análisis de estos casos con sus correspondientes correlaciones.

Para tener una idea más clara del problema consideremos que

$$x_m = \text{máxima población de A}$$

$$y_m = \text{máxima población de B}$$

y analicemos el siguiente modelo:

$$\frac{dx}{dt} = (a_{11}(x - x_m) + a_{12}y)u(x) \quad (1)$$

$$\frac{dy}{dt} = (a_{21}x + a_{22}(y - y_m))u(y)$$

donde $u(r) = \begin{cases} 0 & \text{si } r \leq 0 \\ 1 & \text{si } r > 0 \end{cases}$

para indicar que el modelo funciona solo en el primer cuadrante del plano xy , dado que no existen poblaciones negativas de una especie dada.

Los nuevos individuos aparecen generados por los individuos ya existentes de la especie, por lo tanto a_{11} y a_{22} deben ser no nulos.

Si el determinante de la matriz M es cero, el modelo (1) no tiene puntos críticos para x y y positivos. En esta última situación, debido a que ambas poblaciones son acotadas, una de ellas debe extinguirse necesariamente por lo que entonces no existiría equilibrio ecológico.

Si el determinante es diferente de cero, se pueden hallar números r_1 y r_2 tales que, mediante la traslación $x = x' + r_1$, $y = y' + r_2$, el modelo (1) se transforma en:

$$\begin{aligned}\frac{dx'}{dt} &= (a_{11}x' + a_{12}y')u(x' + r_1) \\ \frac{dy'}{dt} &= (a_{21}x' + a_{22}y')u(y' + r_2)\end{aligned}$$

En la región abierta definida por $x' + r_1 > 0$, $y' + r_2 > 0$ que corresponde exactamente a la región $x, y > 0$, el nuevo modelo se transforma en:

$$\begin{aligned}\frac{dx'}{dt} &= a_{11}x' + a_{12}y' \\ \frac{dy'}{dt} &= a_{21}x' + a_{22}y'\end{aligned}\quad (2)$$

Dentro de este modelo se pueden establecer diversos tipos de interacciones entre A y B; entre éstas analizaremos sin mayores detalles en la parte analítica la situación de competencia.

Competencia entre dos especies

Si dos especies A y B viven en competencia en un sistema ecológico cerrado, a partir del modelo (1) se deduce que todos los coeficientes son negativos. Esto se debe al hecho de que en ausencia de la especie B, la pobla-

ción de A crece sólo si el número de individuos de A es inferior a la población máxima x_m ; por lo tanto el parámetro a_{11} es negativo. Por otra parte, tratándose de una situación de competencia entre las especies A y B, el número de individuos de la población B afecta de manera negativa la tasa de crecimiento de A, de aquí que a_{12} sea negativo. Por idénticas consideraciones a_{21} y a_{22} deben ser negativos.

Por lo tanto refiriéndonos al modelo (2), la ecuación característica de la matriz M del sistema es:

$$\begin{vmatrix} a_{11} - \lambda & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} - \lambda \end{vmatrix} = 0, \text{ o sea, } \lambda^2 - (a_{11} + a_{22})\lambda + |M| = 0$$

El discriminante de esta ecuación cuadrática está dado por

$$d = (a_{11} + a_{22})^2 - 4|M| = (a_{11} - a_{22})^2 + 4a_{12}a_{21}$$

el cual es positivo por ser a_{12} y a_{21} negativos. Luego, esta ecuación característica tiene dos valores propios reales y diferentes:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{1}{2}(a_{11} + a_{22} + \sqrt{d}) \\ \lambda_2 &= \frac{1}{2}(a_{11} + a_{22} - \sqrt{d}) \end{aligned} ; \lambda_1 \neq \lambda_2, \lambda_2 < 0$$

Los vectores propios v_1 y v_2 correspondientes a λ_1 y λ_2 respectivamente están dados por:

$$\begin{aligned} v_1 &= \left(\frac{1}{2a_{21}}(a_{11} - a_{22} + 2\sqrt{d}), 1 \right) \\ v_2 &= \left(\frac{1}{2a_{21}}(a_{11} - a_{22} - 2\sqrt{d}), 1 \right) \end{aligned}$$

El sistema de ecuaciones diferenciales (2), expresado

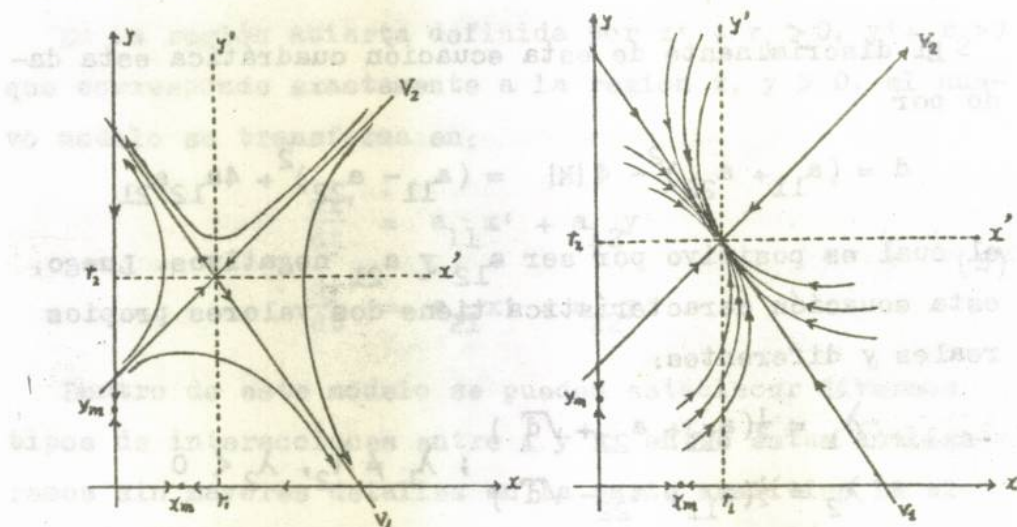
en su base de vectores propios (ejes principales), se reduce al siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{dv_1}{dt} &= \lambda_1 v_1 \\ \frac{dv_2}{dt} &= \lambda_2 v_2 \end{aligned} \quad (3)$$

La solución del sistema es entonces

$$v_1(t) = v_1(0)e^{\lambda_1 t}, \quad v_2(t) = v_2(0)e^{\lambda_2 t}; \quad \lambda_2 < 0$$

Las soluciones del modelo (1), para el caso de competencia se ilustra a continuación para $\lambda_1 > 0$ y $\lambda_1 < 0$ respectivamente.



competencia inestable

competencia estable

En este modelo puede verse claramente una situación ecológica en extremo delicada.

Para $\lambda_1 > 0$, puede verse que existe una, y solo una, trayectoria que garantiza la sobrevivencia de ambas especies, a saber el eje v_2 . De modo que, si el sistema se

desarrolla a lo largo del eje v_2 , ambas especies sobreviven a pesar de competir entre ellas, siempre que el sistema ecológico no sea perturbado. Sin embargo, una pequeña perturbación puede causar la extinción total de una de las especies.

Por ejemplo, supóngase que A y B son insectos que compiten por un cierto habitat; A es nocivo para la agricultura y B beneficia a ésta. La evolución de las especies se produce a lo largo del eje v_2 . La acción de cierto control químico sobre A produce una disminución tanto de la población A como de la población B, de modo que después de aplicar el control químico, se tiene el sistema situado en un punto con coordenada $v_1(0)$ negativa. Se tendrá entonces que el sistema sigue una trayectoria que se aproxima a $(x_m, 0)$, o sea, la extinción de B, sin que se extinga la especie nociva A.

Luego, el control debía ser aplicado de tal modo que se obtuviera $v_1(0)$ positivo, aunque esto implique que, en algunos casos, la población inicial de A sea superior a la de B. La propia dinámica del proceso se encargará de la extinción de A, y la B se aproximará a y_m .

Caso general.

El caso de dos especies en interacción puede expresarse por medio del sistema de ecuaciones diferenciales siguientes:

$$\frac{dx}{dt} = F_1(x, y)$$

$$\frac{dy}{dt} = F_2(x, y)$$

donde x representa el número de individuos de la especie A y y el de la especie B.

Si se supone que tanto $F_1(x, y)$ como $F_2(x, y)$, pueden desarrollarse en series de Taylor en una vecindad del origen, se tiene que:

$$\frac{dx}{dt} = F_1(x, y) = \sum_{i, j \in \mathbb{N}} a_{i, j}^1 x^i y^j$$

$$\frac{dy}{dt} = F_2(x, y) = \sum_{i, j \in \mathbb{N}} a_{i, j}^2 x^i y^j$$

donde \mathbb{N} denota el conjunto de los números naturales.

Debido a que se están considerando poblaciones de especies que habitan un sistema ecológico cerrado, se deben dejar de lado los casos de inmigración; esto es, una población inicial nula debería permanecer nula y su tasa de variación sería cero.

La forma general del modelo de Lotka-Volterra es la siguiente:

$$\frac{dx}{dt} = x \left(\sum_{i, j \in \mathbb{N}} b_{i, j}^1 x^i y^j \right)$$

$$\frac{dy}{dt} = y \left(\sum_{i, j \in \mathbb{N}} b_{i, j}^2 x^i y^j \right)$$

donde $b_{i, j}^1 = a_{i+1, j}^1$; $b_{i, j}^2 = a_{i+1, j}^2$ para todo $i, j \in \mathbb{N}$

Se pueden analizar dos modelos; el primero la aproximación de las sumas pueden ser expresadas por los términos lineales de la forma

$$\frac{dx}{dt} = x(ax + by + r)$$

$$\frac{dy}{dt} = y(cx + dy + s)$$

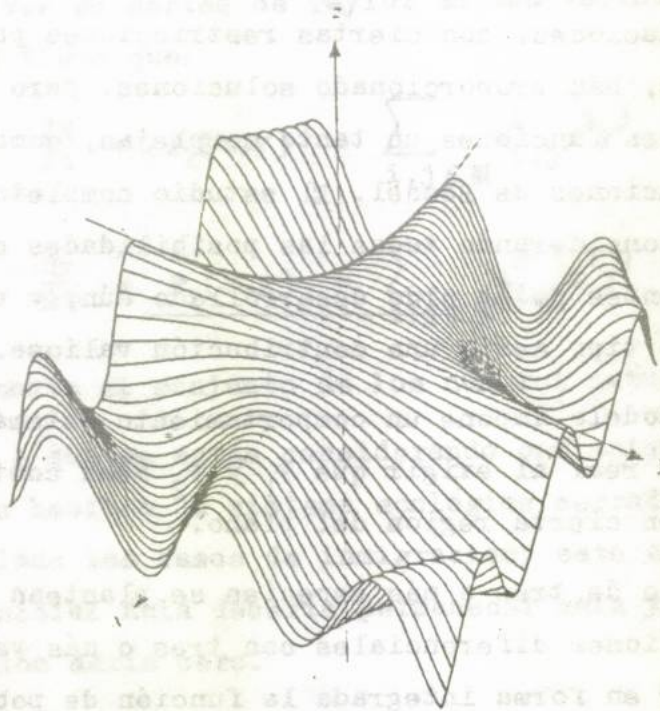
Estas ecuaciones, con ciertas restricciones para los coeficientes, han proporcionado soluciones, pero en ellas aparecen funciones un tanto complejas, como, por ejemplo, funciones de Bessel. El estudio completo de este sistema considerando todas las posibilidades sobre los coeficientes no ha sido desarrollado aún, y un trabajo de este tipo sería una contribución valiosa.

El otro modelo impone un comportamiento matemático a la situación real al exigir que F_1 y F_2 sean continuas y analíticas en cierta región del plano.

En el caso de tres o más especies se plantean sistemas de ecuaciones diferenciales con tres o más variables para simular en forma integrada la función de población para cada especie dentro de un ecosistema.

BIBLIOGRAFIA.

1. ENGEL, Alejandro B. Elementos de Biomatemática, monografía No. 20, Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico de la Organización de los Estados Americanos, 1978.
2. BATSCHLET, Edward. Matemáticas Básicas para Biocientíficos, editorial Springer Verlag, 1980.



$$(b) z = \cos(xy), -3 \leq x \leq 3, -3 \leq y \leq 3$$

Gráfica generada por computadora

Tomada de: "Cálculo Vectorial, Marsden y Tromba, Fondo Educativo Interamericano, S.A., 1981.