

Modeling of decentralized systems, from financial markets to biological colonies

Modelación de sistemas descentralizados, de mercados financieros a colonias biológicas

Cesar Amilkar Rivera Covarrubias¹, Ángel Manuel González López¹, Rigoberto Concepción Rodríguez Cruz¹,
Ehyter Matías Martín González¹, Uvencio José Giménez Mujica²

¹ Departamento de Matemáticas, División de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Guanajuato, Guanajuato, México.

² Área de Matemáticas Aplicadas, Centro de Investigación en Matemáticas, A.C., Guanajuato, México.

ca.riveracovarrubias@ugto.mx, angel.gonzalez@ciamat.mx, rigoberto.rodriguez@ciamat.mx, ehyter.martin@ugto.mx,
uvencio.gimenez@ciamat.mx

Resumen

Se explora la aplicación de modelos descentralizados con dos objetivos: analizar el riesgo de contagio dentro de un mercado financiero y describir el comportamiento de una colonia de hormigas. Para ello, se proponen dos modelos matemáticos: un modelo epidemiológico tipo SIR adaptado a la dinámica del mercado de criptomonedas y un modelo ecológico que describe la distribución de tareas en una colonia de hormigas. Primero, planteamos la expresión matemática de ambos modelos y realizamos sus análisis cuantitativos respectivamente. Para el primer modelo, haciendo uso de datos reales, implementamos métodos computacionales con el objetivo de expresar sus comportamientos. Para este modelo, se obtiene un buen ajuste de parámetros, donde se observa que las trayectorias simuladas reproducen de manera precisa las tendencias observadas en series de tiempo financieras históricas. Para el segundo modelo, utilizamos un sistema de ecuaciones diferenciales para representar la evolución de castas de hormigas dentro de una colonia (obreras, guerreras, recolectoras), bajo transiciones que reflejan mecanismos de saturación y autorregulación. Esto permite representar de forma realista cómo la colonia responde a necesidades internas sin un control centralizado.

Palabras clave: SIR, Sistemas Descentralizados, Sistemas de Ecuaciones Diferenciales, Redes Financieras, Criptomonedas, Perturbación Estocástica, Modelos Ecológicos de Coexistencia.

Introducción

Un modelo descentralizado es aquel formado por entidades autónomas, donde usualmente las entidades son heterogéneas. En este contexto, *autonomía* significa que la entidad tiene la capacidad de decidir por sí misma, y *heterogénea* significa que cada una de las entidades posee un comportamiento distinto al resto. Ejemplos comunes de sistemas descentralizados aparecen en el ámbito tecnológico como las redes de Blockchain (Bitcoin y Ethereum), así como el internet. También se observan en compañías con departamentos autónomos, como es el caso de varias corporaciones. Las principales ventajas de un modelo descentralizado se encuentran en una toma de decisiones rápida dado el control localizado, mientras que las desventajas se encuentran en la dificultad para aumentar la dimensión de los modelos utilizados, problemas de coordinación entre entidades independientes y la complejidad técnica para desarrollar el modelo.

La investigación de estos modelos se centra principalmente en sistemas computacionales. Algunos ejemplos incluyen el aprendizaje descentralizado, donde modelos locales de aprendizaje automático son mejorados utilizando dispositivos autónomos y los datos disponibles en cada uno de ellos. Otra aplicación es la optimización con consenso, en la que un conjunto de agentes autónomos explora el espacio de estados de una función con el objetivo de minimizarla.

Otro par de ejemplos de sistemas descentralizados son el mercado de criptomonedas y la dinámica de castas en sociedades de hormigas. En este trabajo, exploramos la aplicación de dos modelos matemáticos para describir el comportamiento de sistemas descentralizados enfocados en estos problemas. El objetivo es doble: por un lado, construir modelos coherentes, simplificados y justificados en el contexto del problema; por otro, analizar las condiciones de estabilidad y comportamiento cualitativo.

El mercado de criptomonedas es un sistema descentralizado, puesto que el precio de cada moneda es autónomo. Es de nuestro interés predecir cuándo ocurrirá una crisis financiera, con el objetivo de minimizar las pérdidas de las entidades financieras. Eventos como la caída del mercado de criptomonedas en 2022, ocasionó que Three Arrows Capital, un fondo de cobertura de criptos ubicado en Singapur, tuviera una crisis económica. En las semanas siguientes ocurrió lo mismo en entidades financieras relacionadas con este fondo, ocasionado por un efecto dominó. Dada la similitud entre la propagación de crisis financieras y la propagación de una enfermedad en una población, se han sugerido modificaciones de modelos epidemiológicos (Aliano *et al.*, 2022), representado por un sistema de ecuaciones diferenciales con retardo. Sin embargo, en este modelo los elementos recuperados solo pueden pasar a ser susceptibles, lo cual no es realista en el contexto de nuestro problema, ya que un elemento financiero, después del periodo de inmunidad, no siempre logra mitigar una infección.

Para el primer modelo, proponemos un sistema que sustituye este término de retardo por dos términos lineales que representan los posibles estados después del periodo de inmunidad. El resultado es un sistema de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (EDO) determinista que facilita la implementación de simulaciones. Nos enfocaremos en ajustar un modelo SIR a series de tiempo del sector financiero, buscando tendencias dentro del mercado de valores. Además, planteamos un sistema de Ecuaciones Diferenciales Estocásticas (EDE) con el objetivo de tomar en cuenta el factor estocástico del comportamiento que tienen los recuperados.

Como segunda aplicación planteamos un modelo de sociedades de hormigas. En estos sistemas, la organización del trabajo no se asigna de forma jerárquica, sino que emerge de interacciones locales y reglas descentralizadas. Dentro de una colonia, los individuos se agrupan en castas (obreras, guerreras y recolectoras), las cuales cambian para adaptarse a las necesidades del grupo. Estas transiciones entre castas no son aleatorias, sino que siguen patrones relacionados con la edad, el desgaste fisiológico y las señales químicas presentes en el entorno.

Para este segundo modelo, nos centramos en la implementación de un modelo dinámico que describe las transiciones entre castas dentro de una colonia de insectos; modelamos la dinámica de una colonia de hormigas mediante un sistema de ecuaciones diferenciales no lineales. Las variables representan la cantidad de individuos en tres castas: obreras, guerreras y recolectoras, y el modelo describe cómo los individuos cambian de casta con el tiempo. En particular, se propone un modelo dinámico que describe las transiciones entre castas mediante tasas de transición que disminuyen al saturarse la población destino, lo que introduce mecanismos de regulación más realistas. El análisis del modelo no se enfoca en obtener soluciones explícitas, sino en estudiar su comportamiento cualitativo general.

Al analizar el comportamiento y las propiedades cualitativas de estos dos modelos, buscamos probar la utilidad de modelar sistemas de redes descentralizadas. Sin importar si el modelo expresa la propagación de crisis financieras o la ubicación del trabajo en una colonia de hormigas, las dinámicas de contagio y autorregulación pueden ser descritas en lenguaje matemático y con algunos ajustes, simuladas computacionalmente.

La estructura del texto es la siguiente. En la Sección I, se presenta la teoría básica necesaria de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (EDOs) y Ecuaciones Diferenciales Estocásticas (EDEs) que sirven como base para el desarrollo del trabajo. La Sección II está dividida en dos partes; primero se exponen las formulaciones deterministas y estocásticas de los sistemas para realizar un análisis cualitativo de ambos; posteriormente construimos el modelo no lineal para describir la dinámica en colonias de hormigas. En la Sección III, se presentan las simulaciones sobre datos financieros reales y los experimentos numéricos del sistema biológico. Finalmente, se presentan los resultados de ambos modelos y sus respectivas interpretaciones, para culminar con las conclusiones de la investigación.

Preliminares

Definición 1: (Modelo SIR estándar)

Dada una población inicial de tamaño N con mezcla homogénea, hacemos una separación en las siguientes tres clases disjuntas con las etiquetas S , I y R . En un tiempo t , $S(t)$ denota la cantidad de individuos que son susceptibles a la enfermedad, es decir, aquellos que no están infectados. $I(t)$ representa la cantidad de individuos infectados, se supone que este grupo tiene la capacidad de propagar la enfermedad a los individuos susceptibles. Por último $R(t)$ representa a los individuos recuperados, aquellos que fueron infectados y actualmente no portan la enfermedad y no son susceptibles.

La variable independiente de nuestro sistema es el tiempo t y las tasas de transferencia entre las clases antes mencionadas, se expresan como derivadas respecto al tiempo de los tamaños de cada clase.

Suponemos que el proceso epidemiológico es determinista y está regido por la ley de acción de masa, es decir, que el comportamiento de la población es determinado completamente por la historia y las reglas que describen el modelo.

El modelo propuesto por Kermack y McKendrick en 1927 (Carvalho & Gonçalves, 2021) está descrito por el siguiente sistema:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -bS(t)I(t),$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = bS(t)I(t) - aI(t),$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t),$$

donde b representa la tasa de infección efectiva y a representa la tasa de recuperación de la enfermedad. En este modelo, la población total N es la suma de los elementos de cada una de las clases, es decir $N = S + I + R$.

Definición 2: (Cinética de Michaelis–Menten)

La formulación clásica de Michaelis–Menten se expresa como

$$V(S) = \frac{V_{max}S}{K_M + S},$$

donde:

- S es la concentración de sustrato.
- V_{max} es la velocidad máxima de reacción (es decir, la tasa máxima alcanzable cuando el sustrato es abundante).
- K_M es la constante de Michaelis que correspondiente a la concentración de sustrato para la cual la velocidad de reacción alcanza la mitad de V_{max} .

La función anterior describe un comportamiento saturante: la velocidad crece casi linealmente con S , pero cuando S es muy grande comparado con K_M , la velocidad se estabiliza conforme se alcanza una capacidad máxima.

Definición 3: (Punto de equilibrio)

Dado un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias autónomo

$$\frac{d}{dt}x(t) = f(x),$$

se dice que X^* es un punto de equilibrio si cumple

$$f(X^*) = 0.$$

Es decir, si el sistema inicia en este punto de equilibrio $X(0) = X^*$ entonces permanece constante.

Definición 4: (Punto de equilibrio estable)

Dada una ecuación diferencial

$$x' = f(x),$$

definida en un conjunto abierto $U \subset \mathbb{R}^n$ y su flujo ϕ_t , decimos que un punto de equilibrio x_0 es estable si para cada $\varepsilon > 0$, existe un número $\delta > 0$ tal que para todo x tal que $|x - x_0| < \delta$, se cumple que $|\phi_t(x) - x_0| < \varepsilon$ para toda $t \geq 0$ Chicone (2024).

Teorema 1: (Asintóticamente estable)

Si el punto de equilibrio x^* satisface que todos los eigenvalores de la matriz Jacobiana $Df(x^*)$ tienen parte real negativa, diremos que x^* es asintóticamente estable.

Definición 5: (Número reproductivo básico)

El número reproductivo básico de una infección, denotado por R_0 , es el número esperado de casos de infección directamente generados por un único caso de infección en una población donde todos los individuos son susceptibles a infectarse.

A continuación, presentaremos los conceptos de ecuaciones diferenciales estocásticas necesarios para entender el trabajo. Para ello, daremos por hecho que el lector está familiarizado con la teoría básica de Cálculo Estocástico (ver Klebaner, 2012).

Definición 6: (Solución fuerte de una ecuación diferencial estocástica)

Sea $(\Omega, F, \{F_t\}_{t \geq 0}, P)$ un espacio de probabilidad filtrado que satisface las condiciones usuales, y sea $W = \{W_t\}_{t \geq 0}$ un movimiento browniano estándar de dimensión d adaptado a la filtración $\{F_t\}_{t \geq 0}$. Consideremos la ecuación diferencial estocástica (SDE) dada por:

$$dX_t = \mu(t, X_t) dt + \sigma(t, X_t) dW_t, \quad t \in [0, T], \quad X_0 = \xi,$$

donde $\mu: [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es el coeficiente de deriva, $\sigma: [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^{n \times d}$ es el coeficiente de difusión, y ξ es una variable aleatoria F_0 -medible en $\mathbb{R}^n$ con $E[|\xi|^2] < \infty$.

La expresión anterior es una convención para decir que un proceso estocástico $\{X_t\}_t$ satisface

$$X_t = X_0 + \int_0^t \mu(X_s, s) ds + \int_0^t \sigma(X_s, s) dW_s,$$

donde X_0 es la condición inicial $t = 0$, $\int_0^t \mu(s, X_s) ds$ es la integral de Riemann del término de deriva y $\int_0^t \sigma(s, X_s) dW_s$ es la integral de Ito con respecto al movimiento Browniano.

Una solución fuerte de la SDE en $[0, T]$ es un proceso estocástico $X = \{X_t\}_{t \in [0, T]}$ definido en (Ω, F, P) tal que para todo $t > 0$ las integrales

$$\int_0^t \mu(X(s), s) ds, \quad \int_0^t \sigma(X(s), s) dB(s),$$

existen y se satisfacen

$$X(t) = \xi + \int_0^t \mu(X(s), s) ds + \int_0^t \sigma(X(s), s) dB(s).$$

Definición 7. (Estabilidad estocástica)

La solución $\{X(t)\}_{t \geq 0}$ es estocásticamente estable con respecto a $\{\tilde{X}(t)\}_{t \geq 0}$, si para todo $\varepsilon > 0$ y $s \geq 0$ se tiene

$$P \left[\sup_{t \geq s} |X(t) - \tilde{X}(t)| > \varepsilon \right] = 0.$$

Definición 8. (Estabilidad asintóticamente estocástica)

La solución $\{X(t)\}_{t \geq 0}$ es estocástica asintóticamente estable con respecto a $\{\tilde{X}(t)\}_{t \geq 0}$ si es estocásticamente estable y satisface

$$P \left[\lim_{t \rightarrow \infty} |X(t) - \tilde{X}(t)| = 0 \right] = 1.$$

Definición 9. (Punto de equilibrio en una EDE)

Consideremos la ecuación diferencial estocástica

$$dX_t = \mu(t, X_t) dt + \sigma(t, X_t) dW_t, \quad t \in [0, T], \quad X_0 = \xi.$$

Decimos que X_0 es un punto de equilibrio de la ecuación anterior si es un punto de equilibrio de la EDO

$$\frac{dX_t}{dt} = \mu(t, X_t).$$

Teorema 2: (Existencia y Unicidad de solución de una EDE).

Consideremos la ecuación diferencial estocástica

$$dX_t = \mu(t, X_t) dt + \sigma(t, X_t) dW_t, \quad t \in [0, T],$$

donde W_t es un movimiento browniano d -dimensional en un espacio de probabilidad completo $(\Omega, \mathcal{F}, P)$, $\mu: [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es el coeficiente de deriva, $\sigma: [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^{n \times d}$ es el coeficiente de difusión, y $x_0 \in \mathbb{R}^n$ es la condición inicial.

Si se satisfacen las siguientes condiciones:

- **Condición de Lipschitz:** Existe una constante $L > 0$ tal que para todo $t \in [0, T]$ y $x, y \in \mathbb{R}^n$:

$$|\mu(t, x) - \mu(t, y)| + |\sigma(t, x) - \sigma(t, y)| \leq L|x - y|.$$

- **Condición de Crecimiento Lineal:** Existe una constante $K > 0$ tal que para todo $t \in [0, T]$ y $x \in \mathbb{R}^n$:

$$|\mu(t, x)|^2 + |\sigma(t, x)|^2 \leq K^2(1 + |x|^2),$$

entonces la ecuación tiene una única solución fuerte.

En la Sección II, veremos que la condición de crecimiento lineal tiene otra interpretación, la cual permite que se demuestre de una manera simple que una ecuación diferencial estocástica la satisface.

Aplicación 1: Modelo Financiero

Consideramos una población con un número finito de pobladores N_0 . Al inicio, contamos con una cantidad $S_0 > 0$ de pobladores susceptibles y $I_0 > 0$ de pobladores infectados. Para obtener el número inicial de pobladores susceptibles basta notar que $S_0 = N_0 - I_0$.

Cuando un elemento se encuentra infectado, este se puede recuperar. En nuestro modelo consideramos que un individuo recuperado obtiene un periodo de inmunidad antes de volver a pasar al estado susceptible o infectado. Para efectos de este trabajo, realizamos diferentes experimentos considerando diferentes periodos de inmunidad. En la descripción del experimento numérico hablaremos más sobre este periodo de inmunidad.

Un elemento recuperado, al terminar su periodo de inmunidad, puede pasar a ser susceptible con tasa δ_L , si la infección fue tratada con éxito, o pasar a estar infectado con tasa δ_H , en caso contrario.

Además, tomando en cuenta que la tasa γ depende del estado en donde se encuentra un individuo de la población, nuestro modelo considera tres tasas $\gamma_S, \gamma_I, \gamma_R$.

Modelo SIR

Utilizaremos el siguiente modelo SIR modificado

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= b - \gamma_S S(t) - aS(t)I(t) + \delta_L R(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= aS(t)I(t) - (\gamma_I + \delta)I(t) + \delta_H R(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \delta I(t) - \gamma_R R(t) - \delta_H R(t) - \delta_L R(t),\end{aligned}\quad (2.1)$$

con las siguientes condiciones iniciales:

$$S(0) = S_0 > 0,$$

$$I(0) = I_0 > 0,$$

$$R(0) = R_0 \geq 0,$$

donde:

- b es la tasa de nacimiento (elementos que se unen al sistema).
- $\gamma_S, \gamma_I, \gamma_R$ son las tasas de muerte (elementos que salen del sistema).
- a es la tasa de contagio.
- δ_L, δ_H son las tasas en la que los recuperados pasan a ser susceptibles o infectados, respectivamente.
- δ es la tasa de recuperación de los infectados.

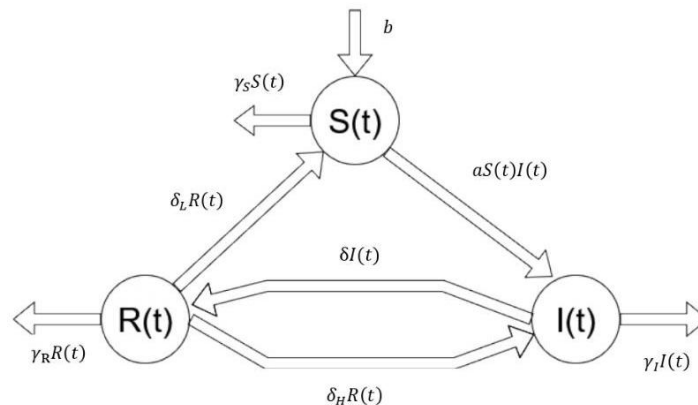


Figura1. Diagrama de flujo del modelo SIR. Podemos observar en el esquema la dinámica de contagio del sistema; comenzando con una población S_0 susceptible y I_0 infectada, una porción de elementos susceptibles tiene contacto con infectados y abandonan la clase S de acuerdo al término $aS(t)I(t)$. Por otro lado, una porción de infectados abandona la clase en la que se encuentra de acuerdo al término $\delta I(t)$ y se recupera. En la clase R después de curarse y terminar su periodo de inmunidad, una porción de recuperados vuelve a ser susceptible y otra porción vuelve a ser infectada, de acuerdo a los términos $\delta_L R(t)$, $\delta_H R(t)$, respectivamente.

Para las simulaciones, suponemos que los parámetros a y γ_I dependen del tiempo, y nos basamos en la metodología de Hong & Yi (2020, 3-4). En nuestro caso $a(t) = \{a_1(t), a_2(t), \dots, a_n(t)\}$ y $\gamma_I(t) = \{\gamma_I^1(t), \gamma_I^2(t), \dots, \gamma_I^m(t)\}$ representan los valores que dependen del tiempo, mientras que el resto de los parámetros se mantienen fijos.

Ahora, procederemos a hacer el análisis cualitativo de los puntos de equilibrio del sistema mencionado anteriormente.

Puntos de equilibrio

Igualando la tercera ecuación del sistema a cero tenemos que

$$\delta I(t) - (\gamma_R + \delta_H + \delta_L)R(t) = 0,$$

de donde, despejando el término de $R(t)$, se sigue que

$$\delta I(t) = (\gamma_R + \delta_H + \delta_L)R(t) \Rightarrow R(t) = \frac{\delta I(t)}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L}. \quad (2.2)$$

Procedemos a despejar $R(t)$ para obtener

$$R(t) = \frac{\delta I(t)}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L}.$$

Ahora encontraremos una expresión para $I(t)$. Para ello, igualamos a cero la segunda ecuación del sistema (2.1) y sustituimos el valor de $R(t)$ dado en (2.2). Esto resulta en

$$aS(t)I(t) - (\gamma_I + \delta)I(t) + \delta_H \left(\frac{\delta I(t)}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L} \right) = 0$$

Factorizando $I(t)$ en la igualdad anterior, obtenemos

$$I(t) \left(aS(t) - (\gamma_I + \delta) + \frac{\delta_H \delta}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L} \right) = 0,$$

de lo cual se sigue que $I(t) = 0$ ó $aS(t) - (\gamma_I + \delta) + \frac{\delta_H \delta}{(\gamma_R + \delta_H + \delta_L)} = 0$.

Tengamos en cuenta que si $I(t) = 0$, entonces de (2.2) concluimos que $R(t) = 0$.

Ahora hallaremos una expresión para $S(t)$. Supongamos primero que $I(t) = 0$, entonces igualando a cero la primera ecuación del sistema (2.1) obtenemos

$$b - \gamma_S S(t) = 0 \Rightarrow S(t) = \frac{b}{\gamma_S}.$$

Con lo anterior notamos que un primer punto de equilibrio viene dado por

$$\left(\frac{b}{\gamma_S}, 0, 0 \right).$$

Ahora consideremos el caso cuando $I(t) \neq 0$, es decir cuando se satisface la relación

$$aS(t) - (\gamma_I + \delta) + \frac{\delta_H \delta}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L} = 0.$$

Despejamos $S(t)$ en la ecuación anterior y obtenemos

$$S(t) = \frac{(\gamma_I + \delta) - \frac{\delta_H \delta}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L}}{a},$$

lo que nos permite concluir que el segundo punto de equilibrio está dado por

$$(S^*, I^*, R^*) := \left(\frac{(\gamma_I + \delta) - \frac{\delta_H \delta}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L}}{a}, I, \frac{\delta I(t)}{\gamma_R + \delta_H + \delta_L} \right).$$

Estabilidad de los puntos de equilibrio

Comencemos calculando la matriz Jacobiana del sistema.

$$J_{SIR}(t) = \begin{pmatrix} \gamma_S - a(t)I & -a(t)S & \delta_L \\ -a(t)I & a(t)S - (\gamma_I + \delta) & \delta_H \\ 0 & \delta & -(\gamma_R + \delta_H + \delta) \end{pmatrix}.$$

Evaluando en $\left(\frac{b}{\gamma_S}, 0, 0\right)$ podemos obtener que

$$J_{\left(\frac{b}{\gamma_S}, 0, 0\right)}(t) = \begin{pmatrix} -\gamma_S & -a(t)\frac{b}{\gamma_S} & \delta_L \\ 0 & a(t)\frac{b}{\gamma_S} - (\gamma_I + \delta) & \delta_H \\ 0 & \delta & -(\gamma_R + \delta_H + \delta_L) \end{pmatrix}.$$

Por otro lado, evaluando en (S^*, I^*, R^*) tenemos que

$$J_{(S^*, I^*, R^*)}(t) = \begin{pmatrix} -\gamma_S - a(t)I^* & -a(t)S^* & \delta_L \\ a(t) & a(t)S^* - (\gamma_I + \delta) & \delta_H \\ 0 & \delta & -(\gamma_R + \delta_H + \delta_L) \end{pmatrix}.$$

Recordemos que un punto es estable si todos los eigenvalores de la matriz jacobiana tienen la parte real negativa.

Ahora, para calcular el número de reproducción usaremos el método matriz de siguiente generación (van den Driessche & Watmough, 2002). Notemos que los compartimentos que contienen infectados o población que puede ser infectada son I y R . Luego, los vectores de infección y transición son

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} aSI \\ 0 \end{pmatrix},$$

y

$$\mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\gamma_I + \delta)I - \delta_H R \\ -\delta I + (\gamma_R + \delta_H + \delta_L)R \end{pmatrix},$$

y sus respectivas matrices Jacobianas. Denotamos por E_1 al punto de equilibrio libre de riesgo. Así, las matrices Jacobianas de $\mathcal{F}$ y $\mathcal{V}$ evaluadas en E_1 están dadas por

$$F = \frac{\partial \mathcal{F}}{\partial (I, R)}|_{E_1} = \begin{pmatrix} a\frac{b}{\gamma_S} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

y

$$V = \frac{\partial \mathcal{V}}{\partial (I, R)}|_{E_1} = \begin{pmatrix} \gamma_I + \delta & -\delta_H \\ -\delta & \gamma_R + \delta_H + \delta_L \end{pmatrix},$$

de donde

$$K = F V^{-1} = \begin{pmatrix} a\frac{b}{\gamma_S} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \frac{1}{\det(V)} \begin{pmatrix} \gamma_I + \delta & -\delta_H \\ -\delta & \gamma_R + \delta_H + \delta_L \end{pmatrix} = \frac{1}{\det(V)} \begin{pmatrix} a\frac{b}{\gamma_S}(\gamma_R + \delta_H + \delta_L) & a\frac{b}{\gamma_S}\delta_H \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

por lo tanto, el número reproductivo básico está determinado por el radio espectral de la matriz FV^{-1} , es decir,

$$R_0 = \frac{ab(\gamma_R + \delta_H + \delta_L)}{\gamma_S((\gamma_I + \delta)(\gamma_R + \delta_H + \delta_L) - \delta\delta_H)}.$$

Modelo SIR con perturbación estocástica

Dada la naturaleza probabilista del problema, proponemos un modelo que toma en cuenta el comportamiento aleatorio del mercado financiero, agregando una perturbación estocástica σ_H y σ_L a los parámetros de recuperación δ_H y δ_L .

Dicho modelo está dado por el sistema de ecuaciones

$$\begin{aligned} dS(t) &= (b - \gamma_S S(t) - a S(t)I(t) + \delta_L R(t))dt + \sigma_L R(t)dB(t), \\ dI(t) &= (aS(t)I(t) - (\gamma_I + \delta)I(t) + \delta_H R(t))dt + \sigma_H R(t)dB(t), \\ dR(t) &= (\delta I(t) - \gamma_R R(t) - \delta_H R(t) - \delta_L R(t))dt - \sigma_H R(t)dB(t) - \sigma_L R(t)dB(t), \end{aligned} \quad (2.3)$$

con condiciones iniciales

$$S(0) = S_0 > 0,$$

$$I(0) = I_0 > 0,$$

$$R(0) = R_0 \geq 0.$$

Tenemos el siguiente teorema, que prueba la existencia de la solución del sistema.

Teorema 3:

Para cualesquiera valores iniciales $(S_0, I_0, R_0) \in \mathbb{R}_+^3$, existe una solución fuerte única $\{(S(t), I(t), R(t))\}_{t \geq 0}$ del sistema, la cual está en $\mathbb{R}_+^3$ con probabilidad 1.

Demostración:

Definamos $\mu: \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$ y $\sigma: \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$ como

$$\mu(S, I, R) := \begin{pmatrix} b - \gamma_S S - aSI + \delta_L R \\ aSI - (\gamma_I + \delta)I + \delta_H R \\ \delta I - \gamma_R R - \delta_H R - \delta_L R \end{pmatrix},$$

y

$$\sigma(S, I, R) := \begin{pmatrix} \sigma_L R(t) \\ \sigma_H R(t) \\ -\sigma_L R(t) - \sigma_H R(t) \end{pmatrix}.$$

Entonces podemos escribir el sistema de ecuaciones dado en (2.3) como

$$dX_t = \mu(t, X_t)dt + \sigma(t, X_t)dB_t,$$

donde $X_t = (S(t), I(t), R(t))$. Notemos que las matrices Jacobianas de μ y σ son, respectivamente

$$J_{\mu} = \begin{pmatrix} -\gamma_S - aI & -aS & \delta_L \\ aI & aS - (\gamma_I + \delta) & \delta_H \\ 0 & \delta & -(\gamma_R + \delta_H + \delta_L) \end{pmatrix},$$

y

$$J_{\sigma} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \sigma_L \\ 0 & 0 & \sigma_H \\ 0 & 0 & -(\sigma_H + \sigma_L) \end{pmatrix}.$$

Como las funciones en cada entrada de ambas matrices son continuas, μ, σ son continuamente diferenciables. En consecuencia, son localmente Lipschitz continuas, por lo que hay una solución local en $[0, \tau_e)$, donde τ_e es el tiempo de explosión de la EDE en (2.3).

Por la naturaleza del problema, las poblaciones de susceptibles, infectados y recuperados son no negativas, entonces, para demostrar que la solución local también es global, basta probar que dicha solución está acotada superiormente (Ji *et al.*, 2012).

Consideremos la función de la población total del sistema $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$. Sumando las tres expresiones en el sistema, se sigue que

$$\frac{d}{dt}N(t) = b - \gamma_S S(t) - \gamma_I I(t) - \gamma_R R(t). \quad (2.4)$$

Sea $\gamma_{\min} = \{\gamma_S, \gamma_I, \gamma_R\} > 0$, entonces usando la relación en (2.4) obtenemos que

$$\frac{d}{dt}N(t) \leq b - \gamma_{\min}(S(t) + I(t) + R(t)) \leq b - \gamma_{\min}N(t),$$

lo que implica, por el teorema de comparación de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias, que

$$N(t) \leq \max\left\{N(0), \frac{b}{\gamma_{\min}}\right\}.$$

Así, si $M := \max\{N(0), b/\gamma_{\min}\}$, se cumple que

$$S(t) + I(t) + R(t) = N(t) \leq M,$$

para todo t . Por lo tanto, cada población $S(t), I(t), R(t)$ está acotada superiormente, lo cual concluye la demostración.

Dado que los puntos de equilibrio de un sistema con perturbación estocástica son los mismos que los del sistema determinista, lo único que resta es determinar la estabilidad estocástica de estos. En el caso del punto de equilibrio libre de riesgo, se cumple que $R^* = 0$ por lo que el término estocástico se hace cero y obtenemos el sistema determinista analizado anteriormente. Concluimos que este punto tiene estabilidad local asintóticamente estocástica cuando el número de reproducción R_0 es menor a 1.

Ejemplo numérico

Los datos utilizados en este trabajo se obtuvieron por medio de la API de Yahoo Finance. Al extraer los datos por medio de esta herramienta obtuvimos diferentes campos de cada uno de los instrumentos seleccionados, como el precio de apertura, cierre y promedio por día de los 34 elementos, extrajimos los datos desde el primero de enero de 2020 hasta el dieciséis de junio de 2025. Elegimos considerar los precios de cierre por día, contamos con 1627 registros en total.

Diremos que un elemento está infectado si el precio se encuentra por debajo de la media anual del año anterior. Nuestro modelo comenzará el ajuste en 2022 para tener una cantidad inicial de infectados, algunas criptomonedas no cuentan con registros de este año ya que fueron creadas en 2021.

Después de que un elemento se infecta se puede recuperar y regresar al estado de susceptible o salirse del sistema. A lo largo de este trabajo sólo consideramos el primer caso y, posterior a la recuperación, consideramos un periodo de inmunidad de duración de 44 días. Esta cantidad se obtuvo considerando la proporción de días infectados de cada individuo en nuestra población.

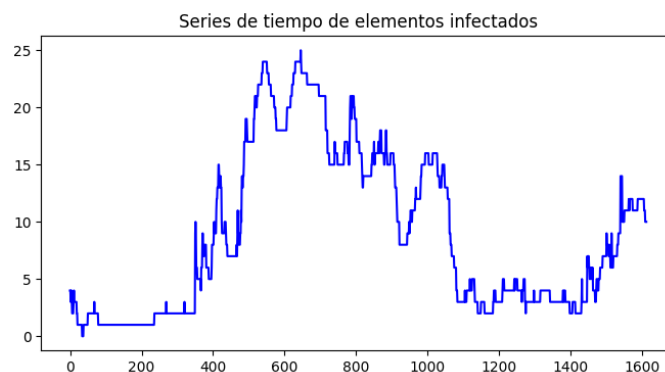


Figura 2. Serie temporal de casos acumulados de infección modelados con enfoque SIR, desde 2021 en unidades diarias. Los valores reflejan el comportamiento dinámico de entidades del mercado financiero (empresas cotizadas y criptomonedas), en las que la "infección" representa la propagación de eventos disruptivos o señales sistémicas. Las fluctuaciones incluyen fases de recuperación, simulando procesos de resiliencia o corrección del mercado.

Simulaciones del modelo SIR para dinámica de contagios

Para las simulaciones utilizamos Python y librerías especializadas en operaciones matemáticas y optimización como Numpy y SciPy.

Para la estimación de parámetros utilizamos la función de mínimos cuadrados y un algoritmo genético clásico, como se describe en Coello Coello *et. al.* (2007). Para los parámetros que dependen del tiempo, utilizamos una longitud de 10 para $a(t)$. Utilizamos también una interpolación cúbica B-spline como en Hong & Yi (2020).

Comencemos con los resultados obtenidos para el modelo determinista.

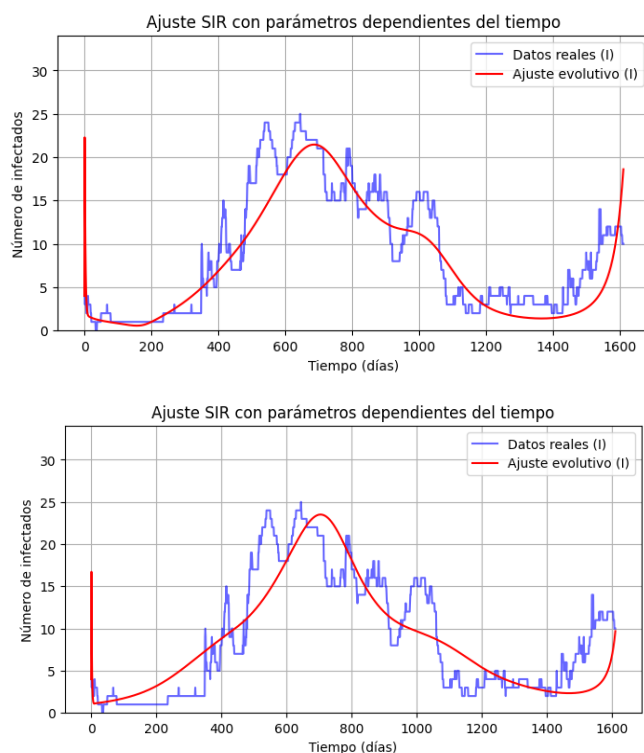


Figura 3. Ajuste de la curva del modelo determinista. Observamos dos curvas ajustadas, lo cual se debe a que los algoritmos evolutivos utilizados son no deterministas, por lo que el resultado obtenido para dos ejecuciones no es necesariamente el mismo. Aún así, notamos que las curvas ajustadas describen cualitativamente la tendencia de los datos reales.

En la imagen presentada en la figura 3 podemos observar en azul los datos reales de infectados, comenzando en 2021. La línea roja es el ajuste del modelo. Notemos que el modelo se alinea correctamente con la tendencia que siguen los datos. Si bien, existen variaciones que el modelo no logra representar, la tendencia que siguen los datos reales es recreada adecuadamente por el modelo.

La información que recuperamos permite tomar decisiones a largo plazo y entender si lo que se observa en el tiempo actual es solo un evento local o se alinea con la tendencia a largo plazo.

Consideremos ahora el modelo estocástico, en el cual el factor aleatorio está modelado utilizando un movimiento browniano con una regularización. Dicha regularización se utilizó para obtener una simulación más estable.

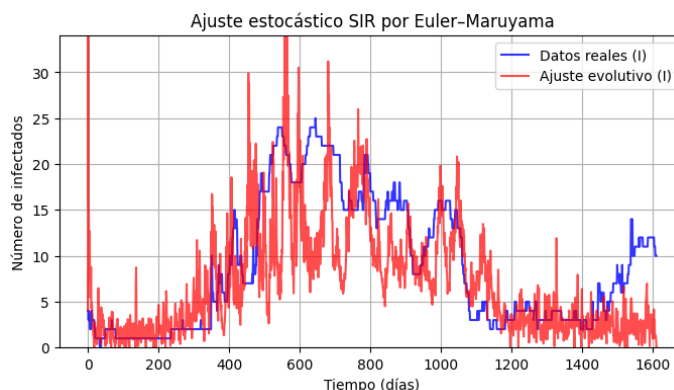


Figura 4. Ajuste de la curva del modelo estocástico. Se implementó una simulación del movimiento browniano para considerar el factor estocástico del modelo. El ajuste mantuvo la propiedad de seguir las tendencias. Sin embargo, el ruido generado es excesivo, por lo que concluimos que el movimiento Browniano no es adecuado para la serie de tiempo de los datos utilizados.

En la imagen de la figura 4 presentamos el resultado del ajuste de la curva con el modelo estocástico. Notemos que en comparación con la curva de la figura 3, existen perturbaciones en todo el proceso. Las perturbaciones resultantes no representan de manera fidedigna las tendencias en comparación con el modelo determinista.

Aplicación 2: Colonia de Hormigas

Modelo Base

Sean $O(t)$, $G(t)$ y $R(t)$ funciones no negativas definidas de $\mathbb{R}^+$ en $\mathbb{R}^+$, que modelan las poblaciones de hormigas obreras, guerreras y recolectoras, respectivamente.

Porter & Jorgensen (1981) observaron en "*Pogonomyrmex owyheeii*" una progresión general desde tareas internas (tareas de obreras) hacia defensa y finalmente forrajeo (recolección), acompañada de un desgaste fisiológico acumulativo. Las recolectoras presentan pérdida significativa de peso seco (~40%), mayor desgaste mandibular y menor resistencia a la inanición, con una vida útil promedio de ~14 días. A partir de estos resultados, se concluye que la progresión obrera $\rightarrow$ guerrera $\rightarrow$ recolectora es predominantemente unidireccional.

$$O \rightarrow G \rightarrow R.$$

Además, en Lucas *et al.* (2010) los autores demostraron que, en la especie "*Pheidole pallidula*", algunas obreras majors y minors pueden intercambiar tareas (defensa y forrajeo) bajo manipulación ambiental o farmacológica. Esto justifica la posibilidad de una transición reversible entre castas:

$$G \leftrightarrow R.$$

Al considerar únicamente estas transiciones, es posible representar dinámicas sociales más comunes observadas en diversas especies de hormigas y además facilita el análisis matemático del sistema.

Por lo que proponemos el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales que describe la dinámica poblacional entre castas en una colonia de hormigas

$$\frac{d}{dt}O(t) = b_O O(t) - \alpha_{OG} O(t),$$

$$\frac{d}{dt}G(t) = \alpha_{OG} O(t) - \alpha_{GR} G(t) - d_G G(t) + \alpha_{RG} R(t),$$

$$\frac{d}{dt}R(t) = \alpha_{GR}G(t) - \alpha_{RG}R(t) - d_R R(t),$$

el cual considera lo siguiente:

- b_O tasa de natalidad, representa el nacimiento de obreras en proporción a la población $O(t)$.
- α_{OG} tasa de transición de obreras a guerreras, representa el número de obreras que cambian de casta hacia guerreras.
- α_{GR} tasa de transición de guerreras a recolectoras, representa la fracción de guerreras que se transforman en recolectoras.
- α_{RG} tasa de transición de recolectoras a guerreras, indica la proporción de guerreras se transforman en recolectoras.
- d_G y d_R tasa de muerte de guerreras y recolectoras respectivamente.

Las tasas de transiciones α_{OG} , α_{GR} y α_{RG} serán modeladas mediante funciones de tipo Michaelis–Menten, lo que permite representar efectos de saturación: a medida que la población de destino crece, la tasa de conversión hacia esa casta disminuye, introduciendo así un mecanismo de autorregulación más realista.

Transiciones del modelo no lineal

En el modelo propuesto para describir la dinámica en colonias de hormigas, las tasas de transición entre castas (obreras, guerreras y recolectoras) se modelan como procesos no constantes que dependen de la composición actual de la colonia. Estas transiciones reflejan los cambios de rol de los individuos conforme la colonia se adapta a necesidades internas.

Específicamente se busca captar cómo la abundancia de individuos en una casta influye en el reclutamiento de nuevos miembros hacia dicha casta. Para modelarlas, adoptamos una formulación inspirada en la cinética de saturación de Michaelis–Menten utilizada en bioquímica para modelar tasas de reacción enzimática con saturación, la cual fue presentada en la definición dos de la sección I.

Para formalizar esto, adoptamos la siguiente notación:

$$x_O(t) := O(t), \quad x_G(t) := G(t) \quad \text{y} \quad x_R(t) := R(t).$$

donde $x_i(t)$ representa la población de la casta i en el tiempo t , donde i puede ser O, G o R .

Definimos las tasas de transición por individuo $\alpha_{ij}(t)$ que indican la proporción de individuos que cambian desde la casta i hasta la casta j , mediante la siguiente expresión

$$\alpha_{ij}(t) = \beta_{ij} \frac{k_j}{k_j + x_j(t)},$$

donde:

- $x_j(t)$ representa la población actual de la casta destino.
- $\beta_{ij} > 0$ es la tasa máxima de transición desde $x_i(t)$ hacia $x_j(t)$.
- $k_j > 0$ es un parámetro que regula el umbral de saturación.

El comportamiento de esta función es el siguiente: cuando la población de la casta destino $x_j(t)$ es pequeña en comparación con el parámetro k_j (es decir, hay escasez de individuos) la tasa por individuo se aproxima a su valor máximo:

$$\alpha_{ij}(t) \approx \beta_{ij} \frac{k_j}{k_j} = \beta_{ij}, \quad \text{cuando} \quad x_j(t) \ll k_j.$$

En cambio, conforme la población $x_j(t)$ aumenta y supera el umbral k_j la tasa disminuye:

$$\alpha_{ij}(t) \approx \beta_{ij} \frac{k_j}{x_j(t)} \rightarrow 0, \quad \text{cuando} \quad x_j(t) \gg k_j.$$

Esta estructura es similar a la ecuación de *Michaelis-Menten*, pero adaptada para representar una inhibición: en lugar de aumentar con $x_j(t)$, como en el caso clásico con el sustrato, aquí la tasa disminuye conforme aumenta $x_j(t)$. Así, cuanto mayor es la cantidad de individuos en la casta destino, menor es la presión funcional para seguir enviando más individuos a dicha casta.

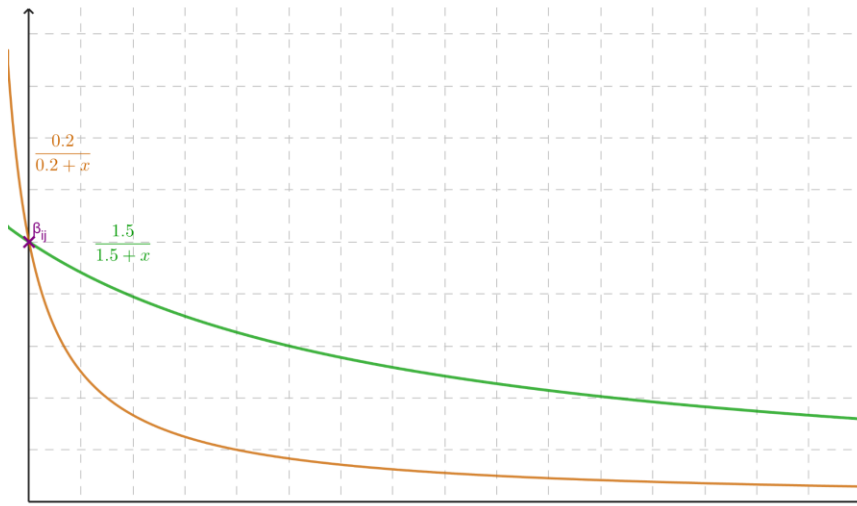


Figura 5. Las curvas son las tasas de transición que incorporamos en el modelo. Mostrando que dichas tasas disminuyen cuando ya hay muchos individuos en la casta destino. Este comportamiento permite capturar dinámicas más realistas que las tasas lineales usuales.

El flujo total de individuos que pasan de la casta i a la casta j está entonces dado por:

$$\alpha_{ij}(t)x_i(t) = \beta_{ij} \frac{k_j x_i(t)}{k_j + x_j(t)}.$$

De este modo, el sistema incorpora un mecanismo de autorregulación descentralizada: cuando hay escasez en la casta destino, el flujo aumenta; cuando hay abundancia, se reduce de forma suave y continua.

Para facilitar la lectura y manipulación algebraica, reescribimos la tasa de transición como

$$\alpha_{ij}(t) = \frac{\beta_{ij}}{k_j + x_j(t)},$$

lo cual se logra al incorporar el factor k_j dentro de la constante β_{ij} . Con lo cual la capacidad máxima de transición está dada ahora por β_{ij}/k_i esta notación resulta más limpia, aunque requiere ajustar la interpretación de β_{ij} .

Modelo no lineal

Consideramos el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales no lineales que describe la dinámica entre castas

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}O(t) &= b_O O(t) - \frac{\beta_{OG}}{k_G + G(t)} O(t), \\ \frac{d}{dt}G(t) &= \frac{\beta_{OG}}{k_G + G(t)} O(t) - \frac{\beta_{GR}}{k_R + R(t)} G(t) - d_G G(t) + \frac{\beta_{RG}}{k_G + G(t)} R(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \frac{\beta_{GR}}{k_R + R(t)} G(t) - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G(t)} R(t) - d_R R(t).\end{aligned}\quad (2.5)$$

Imponemos las siguientes condiciones sobre los parámetros del sistema:

- $b_O, d_G, d_R \geq 0$, las tasas de nacimiento y muerte son no negativas.
- $k_R, k_G > 0$, los parámetros asociados al tamaño de las poblaciones son estrictamente positivos.

Consideramos el sistema reducido, válido en intervalos de tiempo donde se suponen nulas las tasas de nacimiento y muerte, es decir

$$b_O = 0, d_R = 0 \text{ y } d_G = 0.$$

En este caso, el sistema en (2.5) se reduce a

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}O(t) &= -\frac{\beta_{OG}}{k_G + G(t)} O(t), \\ \frac{d}{dt}G(t) &= \frac{\beta_{OG}}{k_G + G(t)} O(t) - \frac{\beta_{GR}}{k_R + R(t)} G(t) + \frac{\beta_{RG}}{k_G + G(t)} R(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \frac{\beta_{GR}}{k_R + R(t)} G(t) - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G(t)} R(t).\end{aligned}\quad (2.6)$$

La matriz Jacobiana del sistema general (2.5) es la siguiente

$$J_{(O,G,R)}(t) = \begin{pmatrix} b_O - \frac{\beta_{OG}}{k_G + G} & \frac{\beta_{OG}O}{(k_G + G)^2} & 0 \\ \frac{\beta_{OG}}{k_G + G} & -\frac{\beta_{OG}O}{(k_G + G)^2} - \frac{\beta_{GR}}{k_R + R} - \frac{\beta_{RG}R}{(k_G + G)^2} - d_G & \frac{\beta_{GR}G}{(k_R + R)^2} + \frac{\beta_{GR}}{k_G + G} \\ 0 & \frac{\beta_{GR}}{k_R + R} + \frac{\beta_{RG}R}{(k_G + G)^2} & -\frac{\beta_{GR}G}{(k_R + R)^2} - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G} - d_R \end{pmatrix}. \quad (2.7)$$

Puntos de Equilibrio

Sea (O^*, G^*, R^*) un punto de equilibrio para el sistema de EDOs en (2.5), entonces sustituyendo el punto de equilibrio en (2.5) obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned} 0 &= b_O O^* - \frac{\beta_{OG}}{k_G + G^*} O^*, \\ 0 &= \frac{\beta_{OG}}{k_G + G^*} O^* - \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* - d_G G^* + \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} R^*, \quad (2.5) \\ 0 &= \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} R^* - d_R R^*. \end{aligned}$$

El siguiente funcional será de utilidad más adelante:

$$\Delta(G) := \frac{\beta_{GR} G(k_G + G)}{\beta_{GR} + d_G(k_G + G)}. \quad (2.9)$$

Notemos que cuando todas las constantes como no negativas, el signo de $\Delta(G)$ es el mismo signo de g .

La siguiente expresión, la cual obtenemos sumando las tres ecuaciones en (2.8), la llamaremos “condición de conservación”:

$$b_O O = d_G G^* + d_R R^*, \quad (2.10)$$

Para analizar el sistema separaremos en dos casos: cuando b_O es igual a cero y cuando es distinto de cero. Estos casos nos regresaran al sistema general o al sistema reducido mencionado anteriormente. Empezamos con el caso $b_O = 0$ y consideremos los cuatro subcasos que corresponden a las combinaciones de

$$\beta_{OG} = 0 \quad \text{o} \quad \beta_{OG} > 0,$$

con

$$d_R > 0 \text{ ó } d_G > 0 \quad \text{ó} \quad d_R = 0 \text{ y } d_G = 0.$$

Primero observemos que si $\beta_{OG} = 0$, entonces el valor de O^* en el punto de equilibrio puede tomar cualquier valor, mientras que si $\beta_{OG} > 0$ entonces O^* necesariamente es 0. Por otro lado, ya que $b_O = 0$, de las últimas dos ecuaciones en el sistema (2.8) tenemos que $G^* = 0$ si y sólo si $R^* = 0$. Con esto y la condición (2.10) obtenemos que $d_R = 0$ y $d_G = 0$ o bien solo existe el punto de equilibrio trivial. En resumen, obtenemos la siguiente tabla:

Tabla 1. Puntos de equilibrio para el caso $b_O = 0$

	$\beta_{OG} = 0$	$\beta_{OG} > 0$
	O^* libre.	$O^* = 0$
$d_R = 0$ y $d_G = 0$	Hipérbola $\frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* = \frac{\beta_{GR}}{k_G + G^*} R^*$	Hipérbola $\frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* = \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} R^*$
	O^* libre	
$d_R > 0$ o $d_G > 0$	$G^* = 0$ $R^* = 0$	$O^* = 0$ $G^* = 0$ $R^* = 0$

En el caso cuando $d_R = 0$ y $d_G = 0$, sustituyendo estos valores en la expresión en (2.9) se sigue que

$$\Delta(G) = \frac{\beta_{RG}G(k_G + G)}{\beta_{RG}},$$

con lo cual podemos escribir las hipérbolas resultantes si expresamos a R^* en términos de G^*

$$R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)}.$$

En el caso $b_O > 0$, al observar la primera ecuación en (2.8), tenemos dos opciones: $O^* = 0$ ó $O^* \neq 0$. Si suponemos $O^* = 0$ obtenemos

$$0 = d_g g^* + d_r r^*,$$

y consideraremos nuevamente los casos

$$d_r > 0 \text{ ó } d_g > 0 \text{ (caso A) } \quad \text{ó} \quad d_r = 0 \text{ y } d_g = 0 \text{ (caso B).}$$

En el caso A tenemos solo el punto de equilibrio trivial, mientras que en el caso B se tiene

$$O^* = 0 \quad \text{y la hipérbola} \quad \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* = \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} R^*.$$

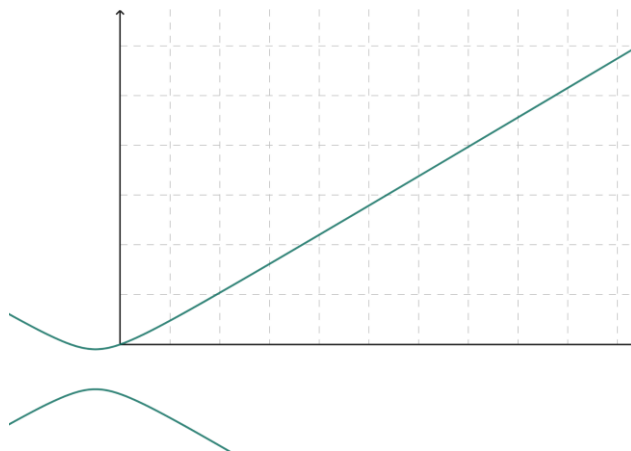


Figura 6. Condición de equilibrio en el plano $G - R$, la curva que define el equilibrio del sistema reducido, es decir, sin considerar muertes ni nacimientos, las hipérbolas dadas siempre pasan por el origen.

Si $O^* \neq 0$, a partir de la primera ecuación del sistema (2.8) se obtiene que el valor de equilibrio para las hormigas guerreras está dado por

$$G^* = \frac{\beta_{OG}}{b_O} - k_G.$$

Sustituyendo este valor fijo de G^* en la tercera ecuación del sistema (2.8), obtenemos que R^* satisface la relación

$$R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)},$$

Finalmente, usando la expresión en (2.10), se obtiene que el valor de equilibrio de la población obrera es:

$$O^* = \frac{d_G G^* + d_R R^*}{b_O},$$

de donde concluimos que, en este caso general cuando no tenemos alguna constante igual 0, tenemos el punto de equilibrio trivial y un segundo punto de equilibrio dado por

$$G^* = \frac{\beta_{OG}}{b_O} - k_G, \quad R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)}, \quad O^* = \frac{d_G G^* + d_R R^*}{b_O}.$$

Con base en el análisis anterior, notemos que

- Si $\beta_{GO} = 0$ (es decir, no hay hormigas obreras que se vuelven hormigas guerreras) entonces la cantidad de hormigas obreras en el punto de equilibrio no importan porque no afectarán a las demás. No tomaremos este punto ya que como mencionamos anteriormente las hormigas interiores al crecer cambian de tareas hacia defensa y finalmente forrajeo, por lo que debe existir progresión desde hormigas obreras hacia guerreras a recolectoras

$$O \rightarrow G \rightarrow R.$$

- Si no tenemos nacimientos de hormigas obreras ($b_O = 0$) ni muertes de hormigas recolectoras y guerreras ($d_R = 0$ y $d_G = 0$) entonces se forman una hipérbola en el plano $G - R$ como curva de equilibrio.

De lo anterior notamos que solo es necesario considerar dos casos, los cuales abarcan todo el comportamiento buscado: el caso general donde todas las variables son positivas y el caso reducido $b_O = 0, d_R = 0$ y $d_G = 0$.

En el caso general, los puntos de equilibrio posibles son

$$O^* = 0, \quad G^* = 0, \quad R^* = 0,$$

y un segundo punto de equilibrio no trivial, dado por

$$G^* = \frac{\beta_{OG}}{b_O} - k_G, \quad R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)}, \quad O^* = \frac{d_G G^* + d_R R^*}{b_O}. \quad (2.11)$$

En el caso reducido, en ausencia de nacimientos y mortalidad, el sistema admite una curva de equilibrio descrita por

$$O^* = 0, \quad \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} G^* = \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} R^*, \quad (2.12)$$

la cual corresponde a una hipérbola en el plano $G - R$ (ver Figura 6). Despejando R^* en función de G^* en la relación (2.12), obtenemos

$$O^* = 0, \quad G^*, \quad R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)}.$$

Análisis local

Para el caso reducido en el que no hay nacimientos ni mortalidad, es decir, $b_O = 0, d_R = 0$ y $d_G = 0$, al sustituir estos valores en la matriz jacobiana J y los valores del punto de equilibrio expresados en (2.12) obtenemos la siguiente matriz

$$J_{(O^*, G^*, R^*)}(t) = \begin{pmatrix} -\frac{\beta_{OG}}{k_G + G^*} & 0 & 0 \\ \frac{\beta_{OG}}{k_G + G^*} & -\frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} - \frac{\beta_{RG} R^*}{(k_G + G^*)^2} & \frac{\beta_{GR} G^*}{(k_R + R^*)^2} + \frac{\beta_{GR}}{k_G + G^*} \\ 0 & \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} + \frac{\beta_{RG} R^*}{(k_G + G^*)^2} & -\frac{\beta_{GR} G^*}{(k_R + R^*)^2} - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} \end{pmatrix}.$$

Observamos que esta matriz tiene una estructura particular: la primera fila tiene únicamente una entrada distinta de cero en la diagonal, y el sub-bloque inferior 2×2 tiene suma de columnas igual a cero. Esto se puede aprovechar para calcular directamente los valores propios:

$$\lambda_1 = -\frac{\beta_{GO}}{k_G + G^*}, \quad \lambda_2 = 0, \quad y \quad \lambda_3 = -\frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} - \frac{\beta_{RG} R^*}{(k_G + G^*)^2} - \frac{\beta_{GR} G^*}{(k_R + R^*)^2} - \frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*}. \quad (2.13)$$

Una observación es que estos valores dependen del valor de G^* (o bien R^*), pero sustituir la expresión explícita para R^*

$$R^* = -\frac{k_R}{2} \pm \sqrt{k_R^2 + \Delta(G^*)},$$

no aporta elementos adicionales relevantes al análisis.

Lo que sí conviene enfatizar es que vamos a trabajar únicamente en el primer octante de $\mathbb{R}^3$ (ya que las poblaciones de hormigas deben ser no negativas). En este caso se cumple que uno de los valores propios dados en (2.13) es cero mientras que dos son negativos

$$\lambda_1 < 0, \lambda_2 = 0, \quad y \quad \lambda_3 < 0.$$

Por otro lado, los valores propios en el caso del punto de equilibrio trivial están dados por

$$\lambda_1 = -\frac{\beta_{GO}}{k_G}, \quad \lambda_2 = 0, \quad y \quad \lambda_3 = -\frac{\beta_{GR}}{k_R} - \frac{\beta_{RG}}{k_G}. \quad (2.14)$$

Ahora para el caso general, la matriz jacobiana en el punto de equilibrio trivial tiene la siguiente forma

$$J_{(0,0,0)}(t) = \begin{pmatrix} b_O - \frac{\beta_{OG}}{k_G} & 0 & 0 \\ \frac{\beta_{OG}}{k_G} & -\frac{\beta_{GR}}{k_R} - d_G & \frac{\beta_{GR}}{G^*} \\ 0 & \frac{\beta_{GR}}{k_R} & -\frac{\beta_{RG}}{k_G + G^*} \end{pmatrix}.$$

Por simplicidad, definimos las siguientes cantidades auxiliares:

$$Q := \frac{\beta_{GR}}{k_R} + d_G + \frac{\beta_{RG}}{k_G} + d_R \quad y \quad P := \frac{\beta_{GR}}{k_R} d_R + \frac{\beta_{RG}}{G} d_G + d_R.$$

Con esta notación, los valores propios del sistema son:

$$\lambda_1 = b_0 - \frac{\beta_{GO}}{k_G}, \quad \lambda_2 = \frac{-Q + \sqrt{Q^2 - 4P}}{2} \quad y \quad \lambda_3 = \frac{-Q - \sqrt{Q^2 - 4P}}{2}. \quad (2.15)$$

Obsérvese que estas expresiones son una generalización de los valores propios obtenidos en la ecuación (2.14). En efecto, si tomamos $b_0 = 0$, $d_R = 0$ y $d_G = 0$, obtenemos $P = 0$ las expresiones anteriores se obtienen exactamente a las obtenidas en el caso reducido

$$\lambda_1 = -\frac{\beta_{OG}}{k_G} \quad \lambda_2 = 0 \quad \lambda_3 = -Q.$$

Al igual que en los casos anteriores, los valores propios en (2.15) satisfacen que uno de ellos es cero mientras que dos son negativos

En el caso de los puntos de equilibrio en (2.11), obtenemos la siguiente forma para la matriz Jacobina

$$J_{(O^*, G^*, R^*)}(t) = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta_{OG} O^*}{(k_G + G)^2} & 0 \\ b_0 - \frac{\beta_{OG} O^*}{(k_G + G^*)^2} - \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} - \frac{\beta_{RG} R^*}{(k_G + G^*)^2} - d_G & \frac{\beta_{GR} G^*}{(k_R + R^*)^2} + \frac{\beta_{GR}}{k_G + G^*} \\ 0 & \frac{\beta_{GR}}{k_R + R^*} + \frac{\beta_{RG} R^*}{(k_G + G^*)^2} & -\frac{\beta_{GR} G^*}{(k_R + R^*)^2} - \frac{\beta_{GR}}{k_G + G^*} - d_R \end{pmatrix}$$

Al momento de concluir este trabajo, no se obtuvo una expresión cerrada para los valores propios en el caso general. Aunque en principio es posible resolver el polinomio característico de tercer grado, la complejidad algebraica involucrada dificulta derivar una forma explícita manejable. Por esta razón, se optó por limitar el análisis a los casos particulares previamente discutidos.

Ejemplo numérico

Para simular el sistema dinámico no lineal que describe las transiciones funcionales entre castas en una colonia de hormigas, se desarrolló un conjunto de funciones en Python utilizando herramientas del ecosistema científico: NumPy, Matplotlib y SciPy. Estas visualizaciones permiten:

- Identificar visualmente las trayectorias del sistema bajo diferentes condiciones iniciales. Confirmar la existencia de atractores o curvas invariantes.
- Evaluar la estabilidad local en torno a los puntos de equilibrio.

Las figuras a continuación muestran visualizaciones del espacio de fase tridimensional del sistema dinámico que describe la evolución de las poblaciones de hormigas obreras (O), guerreras (G) y recolectoras (R) en una colonia de hormigas. Cada curva representa una trayectoria del sistema bajo distintas condiciones iniciales.

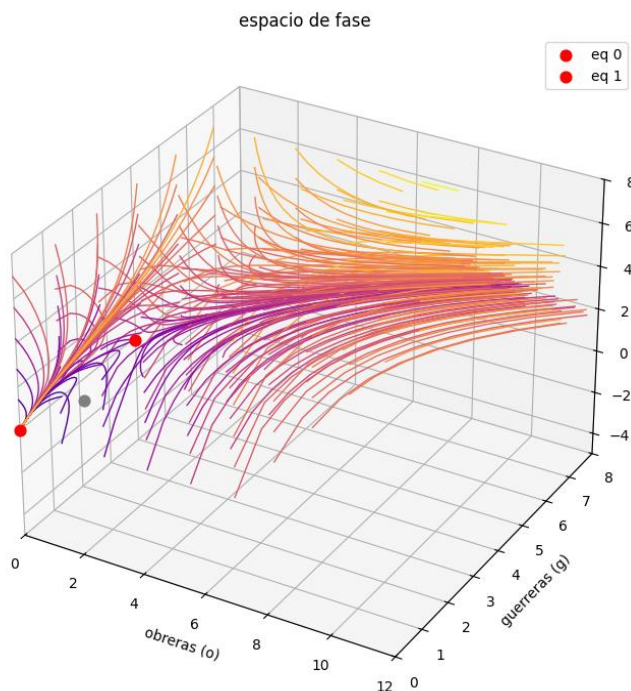


Figura 7. Dinámica del sistema completo bajo condiciones generales. Se muestra el espacio de fase generado por el sistema cuando todas las constantes son estrictamente positivas. Las trayectorias corresponden a distintas condiciones iniciales y reflejan cómo evolucionan las poblaciones de obreras en el tiempo.

En el caso general, cuando todas las constantes son positivas, el sistema muestra un comportamiento dinámico en el que se observa que la mayoría de las trayectorias convergen hacia configuraciones específicas del equilibrio, lo cual sugiere la existencia de atractores dentro del sistema. Estos atractores coinciden con los puntos de equilibrio no triviales obtenidos en el análisis teórico y están marcados en rojo en la figura (etiquetados como eq 0 y eq 1).

Cabe destacar que, en todas las trayectorias, las variables permanecen en el primer octante, lo cual es consistente con su interpretación biológica como poblaciones no negativas. Este comportamiento respalda la validez del modelo en un contexto ecológico y muestra cómo, a pesar de partir de estados dispersos, las dinámicas convergen hacia patrones predecibles y estables.

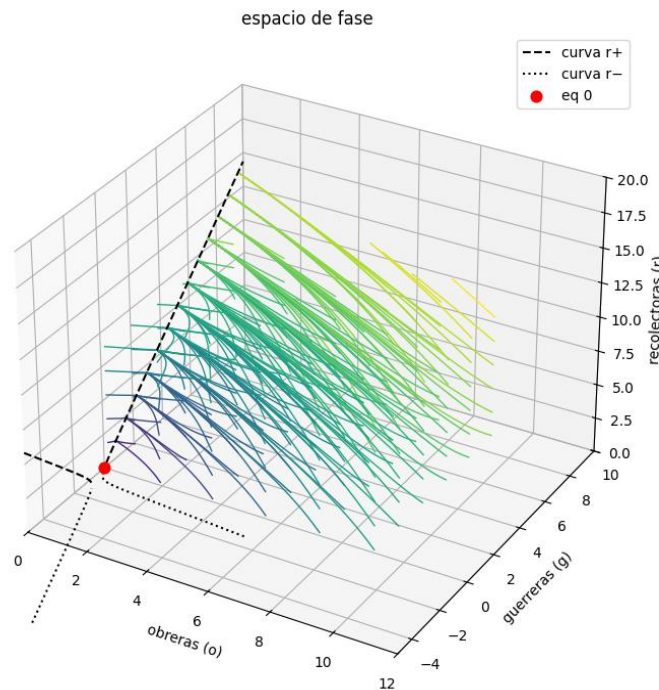


Figura 8. Visualización del espacio de fase cuando se omiten los nacimientos y las muertes. El sistema conserva sólo las transiciones entre castas, permitiendo identificar la geometría del flujo y su convergencia hacia un equilibrio no trivial en forma de hipérbola mencionado anteriormente, como se discutió previamente.

La figura 8 corresponde al sistema reducido de dinámica poblacional, en el que no se consideran nacimientos de hormigas ni muertes, es decir

$$b_O = 0, \quad d_R = 0 \quad \text{y} \quad d_G = 0.$$

En este caso, el modelo describe únicamente las transiciones internas entre castas dentro de la colonia, sin efectos externos de entrada o salida de individuos. Las trayectorias del sistema, representadas en el espacio tridimensional, muestran una clara convergencia hacia una curva en forma de hipérbola, la cual corresponde al conjunto de puntos de equilibrio descrito en el análisis anterior. Esto refleja la evolución interna de las transiciones dentro de la colonia sin influencia externa.

Se observa que, aunque las poblaciones evolucionan desde distintas condiciones iniciales, todas las trayectorias se acercan a dicha curva. Además, las trayectorias se mantienen en la región positiva, lo cual es coherente con la interpretación biológica de las variables como tamaños de población.

Este comportamiento confirma que, incluso sin nacimientos ni mortalidad, la estructura del modelo basta para generar dinámicas estables y predecibles dentro de la colonia.

Conclusiones

Los modelos basados en sistemas de ecuaciones diferenciales tienen un amplio uso en los sistemas dinámicos, ya que estas capturan la dinámica temporal de fenómenos reales con gran precisión. Además, facilitan el análisis y la interpretación de diferentes escenarios lo que permite predecir comportamientos de interés a través de simulaciones numéricas. A lo largo de este trabajo se exploraron dos aplicaciones concretas en distintos contextos.

Para el modelo financiero, a través del uso de técnicas de algoritmos evolutivos, se ajustaron los parámetros del modelo SIR propuesto. Además, la consideración de parámetros dependientes del tiempo y uso de interpolaciones permitió ajustar el modelo con éxito a series históricas de datos bursátiles del mercado de criptomonedas. Esto permite seguir el comportamiento cualitativo de la dinámica subyacente del sistema lo que permite poder plantear hipótesis reales de causalidad de tendencias y predicciones futuras a corto plazo. Estos hallazgos demuestran la utilidad de la metodología analizada y pueden ser de gran utilidad para tomar decisiones sobre los mercados bursátiles de criptomonedas en los mercados analizados a través de sus series de tiempo. Por otro lado, entender el comportamiento de la tendencia general de la dinámica analizada permite tomar decisiones que no se vean influenciadas por las perturbaciones transitorias.

Por otro lado, en el modelo ecológico de coexistencia que describe la dinámica de una colonia de hormigas, se propuso un modelo de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales que describe las transiciones funcionales entre castas (obreras, guerreras y recolectoras). Esta estructura nos permite representar mecanismos de saturación que reflejan procesos de autorregulación descentralizada. Se analizaron distintos escenarios de equilibrio, tanto en la versión general como en el sistema reducido, identificando las condiciones bajo las cuales la colonia mantiene una distribución funcional estable. El análisis se centró principalmente en el estudio algebraico de los puntos de equilibrio, distinguiendo entre el sistema general y su versión reducida (sin nacimientos ni muertes). Se identificaron puntos de equilibrio no triviales, cuya existencia depende de combinaciones específicas de parámetros y revela una fuerte dependencia entre la población de obreras y guerreras, coherente con observaciones empíricas que indican una posible reversibilidad parcial entre estas dos funciones dentro de la colonia.

Esta aproximación permite capturar escenarios cercanos a la realidad de cómo una colonia de hormigas ajusta su estructura interna sin necesidad de un control jerárquico central lo que se ajusta con el comportamiento observado naturalmente. Esto reafirma el valor de modelos matemáticos para estudiar dinámicas sociales en sistemas biológicos complejos.

Los ejemplos analizados en este trabajo reafirman la utilidad de la modelación matemática en el análisis de problemas reales y cómo esto puede dar soluciones factibles a través de conceptos abstractos como las ecuaciones diferenciales y métodos numéricos. Esto proporciona herramientas poderosas y de gran utilidad a los tomadores de decisiones, lo que puede permitir mejorar los manejos de los problemas más relevantes que enfrentan las sociedades modernas.

Bibliografía/Referencias

- Aliano, M., Cananà, L., Ferrara, M., & Ragni, S. (2022). Risk contagion among financial players modelled by a SIR model with time delay. *Applied Mathematical Sciences*, 16(12), 729–736. <https://doi.org/10.12988/ams.2022.917322>
- Aliano, M., & Ragni, S. (2025). *Game-based modeling of delayed risk contagion*. Springer. <https://doi.org/10.1007/s10479-025-06557-0>
- Bortolan, M. C., Kalita, P., Langa, J. A. & Moura, R. O. (2025). A theoretical and computational study of heteroclinic cycles in Lotka–Volterra systems. *Journal of Mathematical Biology*, 90, 28. <https://doi.org/10.1007/s00285-025-02190-4>
- Brauer, F., & Castillo-Chávez, C. (2012). *Mathematical models in population biology and epidemiology* (2^a ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-1686->
- Carvalho, A. M., & Gonçalves, S. (2021). An analytical solution for the Kermack–McKendrick model. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 566, 125659. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2020.125659>
- Chicone, C. (2024). Ordinary differential equations with applications (3rd ed.). doi:10.1007/978-3-031-51652-8
- Coello Coello, C. A., Lamont, G. B., & van Veldhuizen, D. A. (2007). Evolutionary algorithms for solving multi-objective problems (2nd ed.) [PDF]. doi:10.1007/978-0-387-36797-2
- Dorado, A., Hernández-Hernández, M. E., & Ávila-Vales, E. (2022). Validity of the Michaelis–Menten approximation for the stability analysis in regulatory reaction networks. *Mathematics*, 10(14), 2452. <https://doi.org/10.3390/math10142452>

- Hong, H. G., & Yi, L. (2020). Estimation of time-varying reproduction numbers underlying epidemiological processes: A new statistical tool for the COVID-19 pandemic. *PLOS ONE*, 1(1), 1–15. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236464>
- Ji, C., Jiang, D., & Shi, N. (2012). The behavior of an SIR epidemic model with stochastic perturbation. *Stochastic Analysis and Applications*, 30(5), 755–773. <https://doi.org/10.1080/07362994.2012.684319>
- Klebaner, F. C. (2012). Introduction to stochastic calculus with applications (3rd ed.). Imperial College Press. <https://doi.org/10.1142/p821>
- Lucas, C., Hughson, B. N., & Sokolowski, M. B. (2010). Job switching in ants: Role of a kinase. *Communicative & Integrative Biology*, 3(2), 126–128. <https://doi.org/10.4161/cib.3.1.9723>
- Márton, L., Hangos, K. M. & Magyar, A. (2025). Migration-connected networks of Lotka–Volterra and quasi-polynomial systems: modeling and decentralized control. *Nonlinear Dynamics*, 113, 10577–10596. <https://doi.org/10.1007/s11071-024-10619-6>
- Porter, S. D., & Jorgensen, C. D. (1981). Foragers of the harvester ant, *Pogonomyrmex owyheei*: A disposable caste? *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 9(3), 247–256. <https://doi.org/10.1007/BF00299879>
- van den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1-2), 29–48. [https://doi.org/10.1016/s0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/s0025-5564(02)00108-6)