

Agregación Metaestable en un Modelo con Tiempo Discreto

Metastable Aggregation Within a Discrete-Time Model

Jacques Laforgue

Departamento de Matemáticas. Universidad de Oriente.
Apartado 245, Cumaná 6101A, Venezuela
(e-mail: laforgue@@sucre.udo.edu.ve)

Resumen

Analizo una instancia particular de un modelo de Biología de Poblaciones, construída por analogía con un modelo sencillo de transición de fases. Muestro que se pueden así generar patrones de agregación, y en el caso de una sola región de agregación, determino la velocidad exponencialmente pequeña de su frontera. **Palabras y frases clave:** Agregación de poblaciones, Capa interior de transición, Metaestabilidad, Perturbaciones singulares.

Abstract

I analyze a particular instance of a model from Biology of Populations, constructed by analogy with a simple phase-transition model. I show that patterns of aggregation can be generated that way, and in the case of a unique region of aggregation, I determine the exponentially small speed of its boundary.

Key words and phrases: Aggregating populations, Interior transition layer, Metastability, Singular perturbations.

1 Introducción

Es tema de interés actual la investigación de los posibles mecanismos mediante los cuales se lleva a cabo la *agregación* de los miembros de determinada población, perteneciente al reino animal o vegetal, y la generación de *patrones*

consecuente cuando dicho proceso de agregación seleccione subregiones bien delimitadas del hábitat disponible.

Una formación de patrones algo similar ocurre en un contexto bien diferente (cf. [3]): Cuando un material homogéneo se encuentre mantenido a su temperatura de fusión, coexisten ambas fases sólida y líquida en regiones adyacentes, y la evolución del patrón así formado es extremadamente lenta. Matemáticamente, el patrón es *metaestable*; La estructura de la transición es constante pero su ubicación se desplaza con lentitud exponencial.

Aquí, procediendo por analogía con este modelo de transición de fases (con tiempo continuo), considero una instancia particular de un modelo de la Biología de Poblaciones (con tiempo discretizado!) propuesto por Kot y Schaffer en [2] para tratar el caso de organismos cuyas generaciones se suceden sin contemporaneidad y cuyos procesos de crecimiento y dispersión se llevan a cabo en dos etapas distintas sucesivas. (Es sabido que este caso es relevante para varias especies de plantas e insectos.) En la sección 2, describo el modelo biomatemático, y en la sección 3 analizo la formación y la evolución del patrón de agregación.

2 Planteamiento del Modelo

El modelo de Kot y Schaffer es la composición de un operador integral, lineal, de dispersión con una función, no lineal, de crecimiento. Lo escribo en la forma siguiente

$$(1) \quad N_{t+1}(x) = \int_{-\infty}^{\infty} k(x-y; D) g(N_t(y)/K; r) N_t(y) dy,$$

donde $N_t(y) dy$ es el número de organismos en el tiempo t en el sitio $(y, y + dy)$, g es una función de crecimiento relativo, K es el nivel de saturación demográfica (aquí supuesto independiente del lugar), r es la tasa de crecimiento, k es una densidad de probabilidad y D es la distancia de migración de un organismo promedio. En [1], Kot demuestra con ciertos casos particulares que dicho modelo puede generar ondas viajeras (en sentido estricto, es decir con velocidad constante). Aquí, con la meta de generar un frente viajero casi-estacionario parecido a aquel conseguido en [3], selecciono

$$(2) \quad g(N/K; r) := 1 - r^2(1 - N/K)(1 - 2N/K),$$

donde $r \in (0, 1]$, para la función de crecimiento relativo y

$$(3) \quad k(x - y; D) := \frac{1}{2D} \exp\left(-\frac{|x - y|}{D}\right)$$

para la probabilidad de migrar de y a x . La escogencia (2) para la función g le da *biestabilidad* a la ley de crecimiento

$$(4) \quad N_{t+1} = g(N_t/K; r) N_t$$

puesto que entonces

$$(5) \quad N_\infty = \begin{cases} 0, & \text{si } N_0 \in [0, K/2) \\ K, & \text{si } N_0 \in (K/2, K]. \end{cases}$$

Estos dos estados de extinción y saturación son los análogos de las fases líquida y sólida.

Ahora bien, para obtener metaestabilidad se necesitan condiciones de borde como catalizadores. Restrinjo, pues, la ecuación (1) al intervalo finito $x \in [-L, L]$ e impongo el análogo de condiciones de Dirichlet:

$$(6) \quad N_t(x) = \begin{cases} 0, & x \in (-\infty, -L] \\ K, & x \in [L, \infty). \end{cases}$$

Estas condiciones pueden interpretarse de la manera siguiente: A la izquierda del intervalo unos factores exógenos causan extinción inmediata mientras que a la derecha del intervalo otros garantizan la saturación.

En cuanto a los datos iniciales, de ellos depende el número de regiones de agregación. En efecto, (5) implica que mientras la dispersión tenga corto alcance y su efecto acumulativo no se haga sentir todavía, se desertizan las regiones donde inicialmente $N_0(x)$ está por debajo de $K/2$, y se saturan aquellas donde $N_0(x)$ está por encima. Limitando el estudio al patrón más sencillo, el de una sola región de agregación, asumo que la función inicial (continua) pasa por el nivel $K/2$ en un solo punto del intervalo $(-L, L)$.

Finalmente, antes de analizar el modelo, conviene expresarlo con variables sin dimensión. Sean

$$(7) \quad x^* := \frac{x}{L}, \quad \epsilon := \frac{D}{L}, \quad \text{y} \quad u_t(x^*) := \frac{N_t(x)}{K}.$$

Sin embargo, para simplificar la escritura, de aquí en adelante no se colocarán los asteriscos. Es importante observar que ϵ es un parámetro pequeño si se

supone, como es natural, que el alcance de un evento dispersivo es pequeño con respecto a la dimensión del hábitat ($D \ll L$).

El modelo se presenta ahora bajo la forma siguiente

$$(8) \quad u_t(x) = \begin{cases} 0, & x \in (-\infty, -1] \\ 1, & x \in [1, \infty) \end{cases}$$

$$(9) \quad u_{t+1}(x) = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{1}{2\epsilon} \exp\left(-\frac{|x-y|}{\epsilon}\right) f(u_t(y)) dy, \quad x \in (-1, 1)$$

$$(10) \quad u_0(x) \in \begin{cases} [0, \frac{1}{2}), & x \in (-1, x_0^\epsilon) \\ (\frac{1}{2}, 1], & x \in (x_0^\epsilon, 1) \end{cases}$$

donde $t \in \{0, 1, 2, 3, \dots\}$,

$$(11) \quad f(u) := [1 - r^2(1-u)(1-2u)] u,$$

y x_0^ϵ es un único punto en $(-1, 1)$ tal que

$$(12) \quad u_0(x_0^\epsilon) = \frac{1}{2}.$$

3 Formación y Evolución del Patrón de Agregación

Como ϵ es pequeño, el efecto de dispersión, inicialmente, es despreciable con respecto al efecto de la ley de crecimiento (4), el cual consiste en la agregación de todos los organismos a la derecha de $x = x_0^\epsilon$.

Para determinar la estructura de la frontera de la región de agregación, introduzco (como es usual hacerlo en los problemas de perturbaciones singulares) la variable *interior*

$$(13) \quad \eta := \frac{x - x_0^\epsilon}{\epsilon}$$

y estudio el problema estacionario, en el intervalo infinito $\eta \in (-\infty, \infty)$, para la densidad $u(x) =: \varphi(\eta)$

$$(14) \quad \begin{cases} \varphi(\eta) = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{1}{2} \exp(-|\eta - \theta|) f(\varphi(\theta)) d\theta \\ \varphi(-\infty) = 0, \quad \varphi(\infty) = 1, \quad \varphi(0) = \frac{1}{2}. \end{cases}$$

La ecuación integral en (14) implica la ecuación diferencial

$$(15) \quad \varphi'' = r^2 \varphi(1 - \varphi)(1 - 2\varphi)$$

cuya única solución que satisfaga las tres condiciones adicionales en (14) es

$$(16) \quad \varphi(\eta) = \frac{1}{1 + e^{-r\eta}}.$$

Una vez formada la frontera con este perfil, mantendrá su estructura aún cuando se desplazca bajo el efecto dispersivo, puesto que la solución de (15) en la órbita heteroclinica considerada es invariante por traslación. Voy entonces a denotar por x_t^ϵ el punto (móvil) en el intervalo $(-1, 1)$ tal que

$$(17) \quad u_t(x_t^\epsilon) = \frac{1}{2},$$

de tal forma que $\varphi(\eta_t)$ será una buena aproximación de la solución del problema (8)–(9), para la coordenada móvil

$$(18) \quad \eta_t := \frac{x - x_t^\epsilon}{\epsilon}$$

centrada en la frontera de la región de agregación, suponiendo dicha región ya conformada en $t = 0^+$.

Deseo ahora determinar el movimiento de esta frontera. Para esto, se necesita más exactitud en el análisis. En particular, el hábitat donde crece y se disperse la población es el intervalo (η_t^-, η_t^+) , de longitud de orden $O(1/\epsilon)$ pero finita, donde

$$(19) \quad \eta_t^- := -\frac{1 + x_t^\epsilon}{\epsilon} < 0, \quad \eta_t^+ := \frac{1 - x_t^\epsilon}{\epsilon} > 0.$$

Descompongo la solución de la forma siguiente

$$(20) \quad u_t(x) = \varphi(\eta_t) + v_t(\eta_t),$$

donde la función v es un término correctivo uniformemente pequeño. La ecuación (9) viene reescrita como

$$(21) \quad (\varphi + v_{t+1})(\eta_{t+1}) = \int_{\eta_t^-}^{\eta_t^+} \frac{1}{2} \exp(-|\eta_t - \theta_t|) f((\varphi + v_t)(\theta_t)) d\theta_t + \frac{1}{2} e^{\eta_t - \eta_t^+},$$

después de usar (8) para integrar en $(-\infty, \eta_t^-)$ y en (η_t^+, ∞) . En (21), $\theta_t := (y - x_t^\epsilon)/\epsilon$ donde y es la variable de integración usada en (9).

Como la evolución va a ser muy lenta, $v_{t+1}(\eta_{t+1}) \simeq v_t(\eta_t)$ y así transformo (21) en una simple ecuación integral, a la cual aplico el método de aproximaciones sucesivas, empezando con $v_t^0(\eta_t) \equiv 0$. Resulta

$$(22) \quad v_t^1(\eta_t) = -\varphi(\eta_{t+1}) + \int_{\eta_t^-}^{\eta_t^+} \frac{1}{2} \exp(-|\eta_t - \theta_t|) f(\varphi(\theta_t)) d\theta_t \\ + \frac{1}{2} e^{\eta_t - \eta_t^+}.$$

Ahora, haciendo uso de la identidad integral en (14), obtengo

$$(23) \quad v_t^1(\eta_t) = \varphi(\eta_t) - \varphi(\eta_{t+1}) - \int_{-\infty}^{\eta_t^-} \frac{1}{2} \exp(\theta_t - \eta_t) f(\varphi(\theta_t)) d\theta_t \\ - \int_{\eta_t^+}^{\infty} \frac{1}{2} \exp(\eta_t - \theta_t) f(\varphi(\theta_t)) d\theta_t + \frac{1}{2} e^{\eta_t - \eta_t^+}.$$

De las expresiones conocidas (11) para f y (16) para φ , se siguen las estimaciones asintóticas

$$(24) \quad f(\varphi(\theta)) \sim \begin{cases} (1-r^2)e^{r\theta}, & \theta \rightarrow -\infty \\ 1 - (1-r^2)e^{-r\theta}, & \theta \rightarrow \infty. \end{cases}$$

Por lo tanto

$$(25) \quad v_t^1(\eta_t) \simeq \varphi'(\eta_t)(\eta_t - \eta_{t+1}) + \frac{1}{2}(1-r) \left(e^{\eta_t - (1+r)\eta_t^+} - e^{(1+r)\eta_t^- - \eta_t} \right).$$

Ahora bien, la definición (17) de x_t^ϵ implica la condición adicional esencial

$$(26) \quad v_t^1(0) = 0.$$

La evaluación de (25) en $\eta_t = 0$, sabiendo que $\varphi'(0) = r/4$, proporciona

$$(27) \quad \eta_{t+1} - \eta_t \simeq \frac{2}{r}(1-r) \left(e^{-(1+r)\eta_t^+} - e^{(1+r)\eta_t^-} \right),$$

o, equivalentemente

$$(28) \quad x_{t+1}^\epsilon \simeq x_t^\epsilon + \frac{2\epsilon}{r}(1-r) \left(e^{-(1+r)(1+x_t^\epsilon)/\epsilon} - e^{-(1+r)(1-x_t^\epsilon)/\epsilon} \right).$$

Esto muestra que la frontera de la región de agregación se desplaza con lentitud exponencial, desde x_0^ϵ en $t = 0^+$ hasta $x_\infty^\epsilon = 0$ cuando $t \rightarrow \infty$. Es decir, debido a la simetría presente en (8), (9) y (11), la solución tiende hacia la densidad estacionaria asintóticamente estable $u(x, \infty) \sim \varphi(x/\epsilon)$, la cual representa agregación de todos los organismos en la mitad positiva del dominio.

4 Agradecimiento

Agradezco al *Consejo de Investigación de la Universidad de Oriente* la ayuda económica recibida para poder asistir a las IX Jornadas de la Asociación Matemática Venezolana, realizadas en Maracaibo del 22 al 26 de Abril de 1996, donde presenté este trabajo.

Referencias

- [1] Kot, M., *Discrete-time travelling waves: Ecological examples*, J. Math. Biol. **30**(1992), 413–436.
- [2] Kot, M., Schaffer, W. M., *Discrete-time growth-dispersal models*, Math. Biosc. **80**(1986), 109–136.
- [3] Laforgue, J., *Sobre un modelo sencillo de transición de fases*, Memorias II Coloquio Ecuaciones Diferenciales y Aplicaciones (Maracaibo, mayo 1995), La Universidad del Zulia, Maracaibo, 1996, 27–32.