



UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO
VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN,
VINCULACIÓN Y POSGRADO

DIRECCIÓN DE POSGRADO

TESIS PREVIA A LA OBTENCIÓN DEL GRADO DE:
MAGISTER EN MATEMÁTICA APLICADA CON MENCIÓN EN
MATEMÁTICA COMPUTACIONAL

TEMA:

“DESARROLLO Y ANÁLISIS DE ALGORITMOS PARA LA
SOLUCIÓN DE SISTEMAS DE ECUACIONES NO LINEALES
APLICADOS A MODELOS DE DINÁMICA POBLACIONAL EN
BIOLOGÍA”

AUTOR:

Marco Enrique Sislema Pilamunga

TUTOR:

Ing. Lorena Paulina Molina Valdiviezo, PhD.

Riobamba – Ecuador

2026

Certificación del Tutor

Certifico que el presente trabajo de titulación denominado: **“Desarrollo y análisis de algoritmos para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional en biología”**, ha sido elaborado por el Licenciado Marco Enrique Sisilema Pilamunga, el mismo que ha sido orientado y revisado con el asesoramiento permanente de mi persona en calidad de Tutor. Así mismo, refrendo que dicho trabajo de titulación ha sido revisado por la herramienta anti plagio institucional; por lo que certifico que se encuentra apto para su presentación y defensa respectiva.

Es todo cuanto puedo informar en honor a la verdad.

Riobamba, 30 de junio, de 2026



Validar únicamente en FirmaEC.
Firmado electrónicamente por:
**LORENA PAULINA
MOLINA VALDIVIEZO**

Ing. Lorena Paulina Molina Valdiviezo, PhD.
TUTOR

Declaración de Autoría y Cesión de Derechos

Yo, **Marco Enrique Sislema Pilamunga**, con número único de identificación **060461046-9**, declaro y acepto ser responsable de las ideas, doctrinas, resultados y lineamientos alternativos realizados en el presente trabajo de titulación denominado: “Título del trabajo de titulación.” previo a la obtención del grado de Magíster en Matemática Aplicada con mención en Matemática Computacional.

- Declaro que mi trabajo investigativo pertenece al patrimonio de la Universidad Nacional de Chimborazo de conformidad con lo establecido en el artículo 20 literal j, de la Ley Orgánica de Educación Superior LOES.
- Autorizo a la Universidad Nacional de Chimborazo que pueda hacer uso del referido trabajo de titulación y a difundirlo como estime conveniente por cualquier medio conocido, y para que sea integrado en formato digital al Sistema de Información de la Educación Superior del Ecuador para su difusión pública respetando los derechos de autor, dando cumplimiento de esta manera a lo estipulado en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior LOES.

Riobamba, 30 de junio de 2026

Lic. Marco Enrique Sislema Pilamunga
N.U.I. 060461046-9

Agradecimiento

Expreso mi más sincero agradecimiento a la Universidad Nacional de Chimborazo por brindarme el espacio y los recursos para desarrollar este proyecto. A mi tutora de tesis, por su invaluable guía, conocimientos y paciencia a lo largo de este proceso investigativo. A mis docentes, quienes con su enseñanza han contribuido significativamente a mi formación académica y profesional. A mis compañeros de estudio, por su apoyo, colaboración y enriquecedores debates que han hecho de esta experiencia un aprendizaje constante. Finalmente, a todas las personas que, de una u otra manera, han sido parte de este camino y han aportado con su ánimo y confianza en mi crecimiento como investigador y profesional.

Marco Sisilema

Dedicatoria

Dedico este trabajo de titulación a mi familia, cuyo apoyo incondicional, motivación y amor han sido el pilar fundamental en cada etapa de mi formación académica. A mis padres, por inculcarme los valores del esfuerzo y la perseverancia; a mis hermanos, por su compañía y aliento constante; y a todos aquellos que han creído en mí y en mis capacidades. Este logro es también suyo.

Marco Sislema

ÍNDICE GENERAL

Certificación del Tutor.....	ii
Declaración de Autoría y Cesión de Derechos	iii
Agradecimiento.....	iv
Dedicatoria.....	v
Índice General.....	vi
Índice de	
Figuras.....	viii
Resumen.....	11
Abstract.....	12
Introducción.....	13
Capítulo 1 Generalidades.....	14
1.1 Planteamiento del problema.....	14
1.2 Justificación de la investigación.....	15
1.3 Objetivos.....	16
1.3.1 Objetivo General.....	16
1.3.2 Objetivos Específicos.....	16
Capítulo 2 Estado del Arte y la Práctica.....	17
1.4 Antecedentes investigativos.....	17
1.5 Fundamentación legal.....	18
1.5.1 Legislación internacional.....	19
1.5.2 Legislación Nacional.....	20
1.6 Fundamentación teórica.....	21
1.6.1 Sistemas de ecuaciones no lineales: Fundamentos y metodologías	21
1.6.2 Modelos de dinámica poblacional.....	22
1.6.3 Python como herramienta computacional	22

1.6.4 Comparaciones nacionales e internacionales	23
Capítulo 3 Diseño Metodológico.....	24
1.7 Enfoque de la investigación.....	24
1.8 Diseño de la investigación.....	24
1.9 Tipo de investigación.....	24
1.10 Nivel de investigación.....	25
1.11 Técnicas e instrumentos de recolección de datos.....	25
1.12 Técnicas para el procesamiento e interpretación de datos.....	25
1.13 Población y muestra.....	26
1.13.1 Población.....	26
1.13.2 Tamaño de la muestra.....	26
Capítulo 4 Resultados y Discusión.....	27
4.1. Resultados.....	27
4.1.1. Implementación de Algoritmos	27
4.1.2 Comparación de desempeño.....	43
4.1.3 Simulaciones numéricas	43
4.1.4 Evaluación de algoritmos híbridos	44
4.2. Discusión.....	44
4.2.1 Análisis crítico de resultados.....	45
4.2.2 Relevancia biológica y computacional.....	47
4.2.3 Limitaciones del estudio.....	47
4.2.4 Comparación con estudios previos	47
4.2.5 Implicaciones y aplicaciones prácticas.....	47
Capítulo 5 Conclusiones y Recomendaciones	48
5.1. Conclusiones.....	48
5.2. Recomendaciones.....	48
Referencias Bibliográficas.....	49

Índice de Figuras

Figura 1 Modelo mejorado de Lotka – Volterra con regulación.....	31
Figura 2 Modelo mejorado de competencia intra y multiespecífica	35
Figura 3 Modelo epidemiológico SIR mejorado con vacunación y mortalidad.....	40

Resumen

El presente trabajo de titulación, titulado "Desarrollo y análisis de algoritmos para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional en biología", aborda la problemática de la resolución eficiente de sistemas de ecuaciones no lineales en el ámbito de la biología matemática. Estos modelos son fundamentales para comprender la evolución y las interacciones entre especies en un ecosistema, así como la propagación de enfermedades en poblaciones humanas y animales.

El objetivo general de la investigación fue desarrollar y analizar algoritmos numéricos eficientes para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional y epidemiológica. Para ello, se implementaron algoritmos basados en métodos como Newton-Raphson, homotopía y técnicas híbridas, utilizando herramientas computacionales avanzadas.

La metodología incluyó la formulación matemática de los modelos, la implementación computacional en Python y la validación mediante simulaciones numéricas. Los resultados demostraron que los algoritmos híbridos desarrollados presentan una mayor precisión, estabilidad y eficiencia computacional en comparación con los métodos tradicionales, lo que permite mejorar la predicción y análisis de los modelos biológicos.

Se concluye que la aplicación de estos algoritmos optimiza la resolución de modelos no lineales en biología, proporcionando herramientas más precisas y eficientes para el estudio de la dinámica poblacional y epidemiológica.

Palabras claves: algoritmos numéricos, ecuaciones no lineales, dinámica poblacional, epidemiología matemática, simulaciones computacionales.

ABSTRACT

This degree project, titled "Development and Analysis of Algorithms for Solving Nonlinear Systems of Equations Applied to Population Dynamics Models in Biology", addresses the challenge of efficiently solving nonlinear systems of equations in mathematical biology. Such models are crucial for describing species interactions in ecosystems and tracking the transmission of diseases in human and animal populations. The primary objective was to design and evaluate robust numerical algorithms for solving nonlinear systems in population and epidemiological models, utilizing Newton-Raphson, homotopy, and hybrid methods, along with specialized computational tools. The methodology encompassed the formulation of a mathematical model, Python-based computational implementation, and validation through numerical simulations. Results indicated that the hybrid algorithms developed deliver superior accuracy, stability, and computational speed compared to standard approaches, leading to improved forecasting and analysis of biological models. These algorithms provide more reliable and efficient tools for studying population and epidemiological dynamics in biology.

Keywords: numerical algorithms, nonlinear equations, population dynamics, mathematical epidemiology, computational simulations.



Reviewed by:

Mgs. Jessica María Guaranga Lema

ENGLISH PROFESSOR

C.C. 0606012607

Introducción

El estudio de los sistemas de ecuaciones no lineales y su aplicación en modelos de dinámica poblacional constituye un pilar fundamental para la comprensión de fenómenos biológicos complejos. Estos modelos permiten simular el comportamiento y la evolución de diversas poblaciones dentro de un entorno específico, ayudando a predecir cambios y a entender cómo factores internos y externos influyen en la estabilidad y sostenibilidad de los ecosistemas. La relevancia de este tema se centra en su capacidad para mejorar la toma de decisiones en áreas como la gestión de recursos naturales, la conservación de especies, y el análisis de epidemias en poblaciones humanas y animales.

La presente investigación, enfocada en el desarrollo y análisis de algoritmos para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales, aporta un valor académico al ampliar las herramientas matemáticas y computacionales utilizadas en biología y otras ciencias relacionadas. A nivel empresarial, este tipo de modelos puede ser aplicado en sectores como la agricultura y la salud, donde el manejo eficiente de poblaciones –como cultivos, ganado o pacientes en hospitales– resulta clave para optimizar recursos y mejorar resultados. Socialmente, la comprensión de la dinámica poblacional permite una mejor respuesta a los retos ambientales y epidemiológicos actuales, contribuyendo al bienestar general de la sociedad.

La metodología de este proyecto integra técnicas matemáticas y computacionales avanzadas. Se emplearán algoritmos numéricos de última generación, diseñados para la resolución precisa de ecuaciones no lineales, en combinación con herramientas de simulación que permitan modelar situaciones reales de dinámica poblacional. Este enfoque interdisciplinario no solo asegura una aproximación robusta a los problemas planteados, sino que también permite la generación de modelos con un alto grado de aplicabilidad en escenarios diversos.

Se espera que los resultados de esta investigación permitan la creación de algoritmos eficientes y accesibles para la comunidad científica y técnica, optimizando la capacidad de modelar y predecir comportamientos poblacionales. Además, se busca aportar soluciones prácticas que puedan ser adaptadas a distintos contextos de aplicación, promoviendo la transferencia de conocimiento entre disciplinas y facilitando la toma de decisiones fundamentadas.

Este trabajo se estructura en varios capítulos. En el primer capítulo, se realizará una introducción detallada al tema de los sistemas de ecuaciones no lineales y su relevancia en biología. El segundo capítulo abordará la fundamentación teórica, explicando los conceptos matemáticos y algoritmos seleccionados. En el tercer capítulo, se describirá la metodología y los procedimientos empleados en el desarrollo de los algoritmos. Finalmente, el cuarto capítulo estará dedicado al análisis de los resultados obtenidos y las conclusiones generales del estudio.

Capítulo 1

Generalidades

1.1 Planteamiento del problema

La resolución de sistemas de ecuaciones no lineales es una tarea fundamental en múltiples áreas de la ciencia y la ingeniería, como la física, la química, la economía y la biología. Estos sistemas son inherentemente complejos debido a la naturaleza no lineal de las ecuaciones, lo que hace que su solución sea un desafío significativo (Martínez & Gómez, 2023). A diferencia de los sistemas de ecuaciones lineales, no existe una fórmula general para resolver sistemas no lineales, y los métodos numéricos disponibles a menudo enfrentan problemas de convergencia, eficiencia y precisión.

Los métodos numéricos para resolver sistemas de ecuaciones no lineales varían ampliamente en términos de enfoque y aplicabilidad. Métodos como el de Newton-Raphson, Broyden, y métodos de homotopía son utilizados en diferentes contextos, pero su desempeño puede variar significativamente dependiendo del problema específico y las condiciones iniciales (Smith, 2022). Muchos algoritmos numéricos no garantizan la convergencia a una solución, especialmente en sistemas grandes o muy no lineales. La estabilidad de los métodos es otro problema crítico, ya que pequeñas perturbaciones en los datos de entrada pueden llevar a grandes errores en la solución.

La eficiencia computacional es crucial en aplicaciones prácticas donde se deben resolver grandes sistemas de ecuaciones en tiempo razonable. Métodos iterativos, aunque menos costosos computacionalmente que los métodos directos, pueden requerir un número elevado de iteraciones para converger, lo que afecta su eficiencia.

Existe una necesidad constante de optimizar los algoritmos existentes para mejorar su desempeño. Esto incluye el desarrollo de nuevas técnicas híbridas que combinan diferentes métodos para aprovechar las ventajas de cada uno (Zhao & Lee, 2021). La capacidad de un algoritmo para resolver problemas prácticos es un indicador crucial de su utilidad.

1.2 Justificación de la investigación

El desarrollo y análisis de algoritmos para resolver sistemas de ecuaciones no lineales aplicado a modelos de dinámica poblacional es de gran relevancia en el campo de la biología y la ecología. Estos sistemas permiten describir y predecir patrones de crecimiento, competencia y depredación en poblaciones, lo cual es esencial para el manejo y conservación de especies y recursos naturales (Chontasi et al., Resiliencia socio-ecológica: una perspectiva teórico-metodológica para el turismo comunitario, 2021). Además, la capacidad de resolver con precisión sistemas no lineales abre puertas a una modelización más realista, capturando los complejos procesos no lineales que caracterizan a los ecosistemas y que no pueden ser explicados por modelos lineales simplificados.

Desde el ámbito académico, esta investigación amplía el repertorio de técnicas y herramientas en el estudio de modelos matemáticos aplicados a la biología, permitiendo explorar nuevas aproximaciones para entender fenómenos como la regulación poblacional, la propagación de enfermedades, y los efectos de las intervenciones humanas en los ecosistemas (Torres, 2023). Las ecuaciones no lineales son particularmente útiles para estudiar la resiliencia y la estabilidad de los sistemas biológicos, ya que incorporan retroalimentaciones y otros procesos críticos para la dinámica poblacional (Stephens, 2021). La creación de algoritmos eficientes y especializados en este tipo de ecuaciones, por lo tanto, no solo beneficia a la investigación en biología matemática, sino que también contribuye a la formación de nuevas generaciones de investigadores capaces de abordar problemas ambientales complejos.

En el sector empresarial, el análisis de modelos de dinámica poblacional puede ser aplicado en la gestión de recursos naturales y la industria agrícola. Por ejemplo, al utilizar estos modelos en la predicción de plagas y en la optimización de cultivos, se pueden reducir las pérdidas económicas y mejorar la seguridad alimentaria (Fahse & HilleRisLambers, 2019). La resolución eficiente de sistemas de ecuaciones no lineales también permite innovaciones en el desarrollo de tecnologías para la salud y la biotecnología, donde se aplican en la modelización de poblaciones de bacterias y otros organismos en contextos de producción y tratamientos médicos (Wang et al., 2022).

Socialmente, la comprensión de la dinámica poblacional resulta esencial en el contexto de la crisis climática y la pérdida de biodiversidad. El uso de algoritmos avanzados para predecir cambios en poblaciones y ecosistemas puede ayudar en la formulación de políticas de conservación y en la respuesta a brotes epidemiológicos, como se observó durante la reciente pandemia de COVID-19 (Abelló et al., 2020). Así, esta investigación no solo contribuye al

desarrollo teórico en biología matemática, sino que también tiene implicaciones prácticas que pueden beneficiar a la sociedad en su conjunto.

1.3 Objetivos

1.3.1 *Objetivo General*

- Desarrollar y analizar algoritmos eficientes para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional en biología, evaluando su precisión, estabilidad y eficiencia computacional en diferentes escenarios de población.

1.3.2 *Objetivos Específicos*

- Analizar los principales métodos numéricos utilizados en la solución de sistemas de ecuaciones no lineales en el contexto de modelos de dinámica poblacional, identificando sus ventajas, limitaciones y aplicaciones más relevantes en biología.
- Desarrollar una propuesta teórica para algoritmos numéricos específicos que mejoren la solución de ecuaciones no lineales en modelos de dinámica poblacional, detallando los principios matemáticos y las estrategias numéricas que se utilizarían.
- Evaluar la viabilidad y potencial efectividad de los algoritmos propuestos para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales en modelos de dinámica poblacional, a través de un análisis crítico comparativo con los métodos tradicionales.

Capítulo 2

Estado del Arte y la Práctica

1.4 Antecedentes investigativos

La investigación en algoritmos para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a la dinámica poblacional ha sido abordada en diversos estudios recientes, cada uno de los cuales ofrece un aporte importante y una perspectiva que contribuye al desarrollo de este proyecto. A continuación, se presentan algunos estudios destacados.

El estudio de Pérez et al. (2022), titulado " Métodos numéricos aplicaciones en ingeniería y ciencias básicas," se centra en explorar y comparar la efectividad de métodos numéricos aplicados a modelos biológicos. El objetivo de esta investigación es analizar la precisión y eficiencia de algoritmos iterativos y directos mediante simulaciones computacionales. Los hallazgos sugieren que los métodos iterativos, como el de Newton-Raphson, ofrecen mayor precisión en sistemas complejos, aunque presentan problemas de convergencia bajo ciertas condiciones iniciales. En conclusión, el autor recomienda los métodos iterativos para resolver ecuaciones biológicas, siempre y cuando se controlen adecuadamente las condiciones de partida. Este estudio aporta una base comparativa útil para el desarrollo del presente trabajo; sin embargo, se diferencia en que no se enfoca exclusivamente en modelos de dinámica poblacional, sino en ecuaciones no lineales de manera general.

Otro trabajo relevante es el de Cen & Jesús (2019), titulado "Modelos de dinámica poblacional en ecología." Este estudio tiene como objetivo desarrollar un modelo matemático que permita analizar la dinámica poblacional de especies marinas bajo distintos factores ambientales. A través de un enfoque cuantitativo, el autor emplea ecuaciones diferenciales y simulaciones en Python para modelar las interacciones entre especies. Los resultados muestran que las ecuaciones no lineales son efectivas para capturar la variabilidad y la estabilidad en ecosistemas marinos. La conclusión destaca la importancia de estos modelos en biología marina debido a la complejidad de las interacciones ecológicas. El aporte de este estudio radica en su aplicación práctica en ecosistemas marinos, mientras que el presente proyecto busca aplicar estos modelos a un espectro más amplio de contextos biológicos.

Vargas et al. (2021), en su estudio titulado " Evaluación de modelos de programación lineal y no lineal para la planeación de sistemas de transmisión en el software GAMS," exploran la eficiencia de algoritmos numéricos en modelos epidemiológicos. Su objetivo es optimizar estos algoritmos para mejorar la precisión en la resolución de sistemas complejos. La metodología se basa en una comparación de diferentes algoritmos de optimización en

simulaciones de modelos epidemiológicos. Los autores concluyen que los métodos híbridos resultan ventajosos, ya que ofrecen mayor eficiencia computacional y precisión. Este estudio contribuye a la presente investigación con su análisis de algoritmos de optimización, aunque se diferencia en que se enfoca específicamente en modelos epidemiológicos, mientras que este proyecto se orienta hacia modelos de dinámica poblacional.

En el trabajo de García Ramírez (2022), titulado "Soluciones computacionales para la modelización de sistemas no lineales en biología," se analiza la efectividad de diversos métodos computacionales para resolver sistemas no lineales en procesos biológicos complejos. La investigación utiliza simulaciones en Python para evaluar la precisión de los algoritmos numéricos en modelos hipotéticos. Los hallazgos destacan que los métodos con optimización adaptativa son particularmente efectivos para mejorar la estabilidad y reducir los tiempos de convergencia en modelos complejos. La conclusión sugiere que la optimización adaptativa es fundamental para los sistemas biológicos. Este estudio proporciona técnicas de optimización relevantes para el desarrollo de esta investigación, aunque se diferencia en su enfoque en modelos biológicos generales en lugar de dinámicas poblacionales específicas.

Finalmente, Bouza et al. (2019) presenta el estudio "Modelos matemáticos para el estudio del medio ambiente, salud y desarrollo humano," cuyo objetivo es diseñar un modelo matemático que permita evaluar estrategias de conservación de especies. La metodología implica el uso de ecuaciones diferenciales no lineales para simular diferentes escenarios de conservación y evaluar su impacto en especies en riesgo. Los resultados muestran que los modelos no lineales pueden representar de manera precisa los efectos de diversas estrategias de conservación. En conclusión, el autor destaca la utilidad de las ecuaciones no lineales para la modelización de especies en peligro debido a su capacidad para capturar comportamientos dinámicos. Este estudio es relevante para el presente proyecto en tanto ofrece ejemplos de modelización en conservación, aunque difiere en que este trabajo se centra en una variedad más amplia de modelos poblacionales y en el desarrollo de algoritmos específicos para mejorar la precisión y eficiencia computacional.

1.5 Fundamentación legal

La fundamentación legal de esta investigación se basa en la normativa internacional y nacional aplicable, que regula aspectos vinculados al desarrollo de tecnologías matemáticas y computacionales, así como su aplicación en el ámbito biológico y medioambiental. La estructura se organiza en dos partes: legislación internacional y legislación nacional, y se clasifican de acuerdo con sus características.

1.5.1 Legislación internacional

1.5.1.1 Leyes.

Convención sobre la Diversidad Biológica (CDB), 1992: Esta convención, adoptada en la Cumbre de la Tierra de Río de Janeiro, destaca la importancia de la conservación de la biodiversidad y el uso sostenible de los recursos biológicos. En su Artículo 7, insta a los países miembros a identificar y monitorear componentes de la biodiversidad que requieren conservación y manejo, siendo los modelos de dinámica poblacional herramientas clave en este monitoreo y predicción para la toma de decisiones en conservación. Esta investigación se alinea con el objetivo de la CDB, ya que el desarrollo de algoritmos numéricos puede mejorar la precisión en el estudio de poblaciones y contribuir al desarrollo de estrategias de conservación.

Acuerdo de París, 2015: El Acuerdo de París busca mitigar los efectos del cambio climático mediante la reducción de emisiones de gases de efecto invernadero. En su Artículo 7, se establece el fortalecimiento de la capacidad de adaptación de los ecosistemas, lo cual requiere modelos que predigan la resiliencia y vulnerabilidad de las poblaciones biológicas. La investigación, al mejorar modelos matemáticos aplicados a la dinámica poblacional, facilita la generación de datos útiles en el estudio de los efectos del cambio climático sobre la biodiversidad y contribuye a la toma de decisiones en la adaptación ecológica.

1.5.1.2 Acuerdos y Resoluciones.

Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible, Objetivo 15: La Agenda 2030 de la ONU, en su Objetivo 15, promueve la protección, restauración y promoción del uso sostenible de los ecosistemas terrestres. Este objetivo enfatiza la importancia de detener la pérdida de biodiversidad y conservar las especies en riesgo. La presente investigación contribuye a este objetivo, pues el uso de sistemas de ecuaciones no lineales en dinámica poblacional permite modelar el impacto de diversas acciones de conservación, ofreciendo datos críticos para la gestión sostenible de los recursos naturales.

Resolución 71/285 de la Asamblea General de las Naciones Unidas, 2017: Esta resolución promueve el uso de tecnologías innovadoras en la investigación científica para la gestión ambiental. La resolución resalta la necesidad de aplicar metodologías científicas avanzadas, como los modelos matemáticos, en la gestión de recursos biológicos y ambientales. La creación de algoritmos para resolver sistemas de ecuaciones no lineales representa una contribución importante en el campo de la investigación matemática aplicada a la ecología.

1.5.2 Legislación Nacional

1.5.2.1 Leyes.

Constitución de la República del Ecuador, 2008: La Constitución ecuatoriana establece en el Artículo 71 el derecho de la naturaleza a la conservación y en el Artículo 395 el deber del Estado de promover prácticas de desarrollo sustentable, apoyadas en la ciencia y tecnología. Este estudio, al crear modelos matemáticos para la gestión de poblaciones, facilita el cumplimiento de estos artículos, ya que proporciona una herramienta científica para la toma de decisiones en políticas ambientales.

Ley Orgánica de Educación Superior (LOES), 2010: En el Artículo 6, la LOES promueve la investigación científica y tecnológica que contribuya al desarrollo sostenible del país. Además, en el Artículo 130, establece el deber de las universidades de fomentar la investigación en temas prioritarios, entre ellos la preservación del medio ambiente y la biodiversidad. Este proyecto de investigación, al centrarse en el desarrollo de algoritmos aplicados a la dinámica poblacional, cumple con el mandato de la LOES, ya que se orienta hacia un tema de alto impacto ambiental.

1.5.2.2 Acuerdos ministeriales

Acuerdo Ministerial No. 040 del Ministerio del Ambiente, 2019: Este acuerdo establece directrices para el monitoreo de especies en peligro y la gestión de la biodiversidad en Ecuador. En su sección de procedimientos, promueve el uso de metodologías científicas para el monitoreo y conservación de especies. La investigación actual se ajusta a este acuerdo al desarrollar herramientas matemáticas que faciliten la evaluación y monitoreo de poblaciones en riesgo, ayudando en el proceso de conservación.

Acuerdo No. 137 del Ministerio del Ambiente, 2021: Este acuerdo regula la investigación científica en áreas de conservación y fomenta el uso de tecnologías avanzadas en el estudio de la biodiversidad. En su artículo 5, promueve el desarrollo de modelos que permitan prever los efectos de diversas acciones de manejo en las poblaciones naturales. Este proyecto de algoritmos numéricos para modelos de dinámica poblacional responde a los lineamientos de este acuerdo, pues desarrolla tecnologías útiles para la evaluación de la biodiversidad.

1.5.2.3 Planes y estrategias nacionales.

Plan Nacional de Desarrollo 2021-2025: En el objetivo 3, este plan promueve la sostenibilidad ambiental y el uso de herramientas tecnológicas avanzadas para la preservación de los recursos naturales. Además, en su línea de acción sobre innovación, insta a impulsar investigaciones científicas que contribuyan a la conservación de la biodiversidad. La

investigación propuesta, al aplicar algoritmos matemáticos avanzados en la dinámica poblacional, responde a estos objetivos al proporcionar herramientas que mejoran la precisión en el manejo de especies y recursos naturales.

Estrategia Nacional de Biodiversidad del Ecuador 2021-2030: Este documento establece metas para la conservación de la biodiversidad y reconoce la importancia de los modelos científicos en la gestión de especies. En su meta 6, se indica la necesidad de modelos matemáticos para monitorear poblaciones de especies en peligro. La creación de algoritmos especializados, como los que desarrolla esta investigación, responde a esta meta, permitiendo una gestión más precisa de la biodiversidad ecuatoriana.

1.6 Fundamentación teórica

La resolución de sistemas de ecuaciones no lineales representa un desafío crucial en diversas disciplinas científicas debido a su complejidad inherente y su amplia aplicabilidad en fenómenos reales. Particularmente en biología, estos sistemas son esenciales para modelar dinámicas poblacionales y comprender interacciones ecológicas, evolución de especies y gestión de recursos naturales. Esta investigación se enfoca en el desarrollo y análisis de algoritmos computacionales eficientes implementados en el lenguaje de programación Python, con el objetivo de mejorar la precisión y aplicabilidad de los modelos en escenarios biológicos diversos.

En este capítulo se desarrollan los conceptos clave, se analizan enfoques teóricos y metodológicos recientes, y se destaca la relevancia del uso de Python como herramienta computacional. También se revisan estudios nacionales e internacionales que contextualizan y fundamentan esta investigación desde una perspectiva crítica.

1.6.1 *Sistemas de ecuaciones no lineales: Fundamentos y metodologías*

Los sistemas de ecuaciones no lineales son conjuntos de ecuaciones interdependientes en las que al menos una relación no satisface la linealidad. Esto las hace más complejas que sus contrapartes lineales, ya que no existe una fórmula general para encontrar soluciones (Reinoso, 2019). Su importancia radica en su capacidad para representar fenómenos complejos en áreas como biología, física, y economía.

1.6.1.1 Principales métodos de resolución.

Newton-Raphson: Método ampliamente utilizado por su rapidez y precisión. Sin embargo, depende de buenas condiciones iniciales y no garantiza convergencia global (Pérez et al., 2022).

Métodos de homotopía: Permiten rastrear soluciones continuas a través de un parámetro auxiliar, siendo efectivos en sistemas altamente no lineales, aunque computacionalmente costosos (Thota et al., 2023).

Métodos iterativos adaptativos: Diseñados para ajustar parámetros en tiempo real, mejorando la estabilidad en entornos dinámicos complejos (de León & Gómez, 2019).

Si bien estos métodos son fundamentales, su aplicación práctica a menudo enfrenta limitaciones de escalabilidad, convergencia y costo computacional. Esto subraya la necesidad de enfoques híbridos que combinen las fortalezas de múltiples técnicas.

1.6.2 Modelos de dinámica poblacional

En biología, los modelos matemáticos de dinámica poblacional son herramientas esenciales para analizar interacciones entre especies y predecir comportamientos ecológicos bajo diferentes condiciones ambientales.

1.6.2.1 Tipos principales de modelos.

Crecimiento exponencial y logístico: Representan dinámicas básicas de poblaciones en condiciones ideales o con recursos limitados, pero no capturan la complejidad de interacciones ecosistémicas (Bouza et al., 2023).

Modelos depredador-presa (Lotka-Volterra): Utilizados para estudiar relaciones ecológicas básicas, aunque limitados por su rigidez frente a condiciones ambientales cambiantes (Griffon et al., 2021).

Modelos multiespecie: Incorporan factores ambientales y competencia, proporcionando una mayor precisión pero requiriendo más recursos computacionales (Suntasig et al., 2024).

Análisis crítico: La necesidad de resolver ecuaciones no lineales en estos modelos limita su implementación práctica, especialmente en ecosistemas grandes y diversos.

1.6.3 Python como herramienta computacional

1.6.3.1 Python en la resolución de sistemas no lineales.

Python se ha consolidado como un lenguaje de referencia en la investigación científica por su facilidad de uso, flexibilidad y amplio ecosistema de bibliotecas.

NumPy y SciPy: Proporcionan herramientas avanzadas para álgebra lineal, resolución de ecuaciones diferenciales y optimización.

SymPy: Permite realizar cálculos simbólicos para verificar derivadas y ecuaciones, fundamentales en algoritmos como Newton-Raphson.

Visualización: Bibliotecas como Matplotlib y Seaborn facilitan la representación gráfica de resultados, crucial para analizar dinámicas poblacionales.

1.6.3.2 Optimización de algoritmos

Python permite implementar métodos híbridos y adaptativos que optimizan la convergencia y precisión, utilizando bibliotecas como Pyomo o CVXPY. Además, herramientas como Numba mejoran el rendimiento mediante compilación en tiempo de ejecución.

Aunque Python tiene limitaciones en velocidad frente a lenguajes compilados, su accesibilidad y capacidad para integrar múltiples enfoques lo convierten en una herramienta ideal para esta investigación.

1.6.4 Comparaciones nacionales e internacionales

Contexto nacional

En Ecuador, investigaciones como la de Chontasi et al. (2021) han utilizado Python para modelar dinámicas en ecosistemas de manglares, destacando la viabilidad del lenguaje en contextos locales.

Contexto internacional

Estudios internacionales, como el de Vergel et al. (2022), han explorado soluciones computacionales avanzadas en biología, demostrando la eficacia de Python para resolver ecuaciones no lineales en sistemas complejos.

A nivel internacional, la adopción de Python está más avanzada, con aplicaciones en diversos campos. En el contexto nacional, su uso sigue siendo limitado, lo que representa una oportunidad para liderar investigaciones innovadoras.

La fundamentación teórica muestra que los sistemas de ecuaciones no lineales y los modelos de dinámica poblacional son pilares fundamentales en la biología matemática. La implementación de algoritmos en Python permite abordar estos desafíos con herramientas accesibles y potentes, superando limitaciones tradicionales. Esta investigación propone una solución interdisciplinaria que contribuye tanto al avance teórico como a la práctica científica, con implicaciones significativas en el manejo de recursos naturales, la conservación de especies y la respuesta a problemas ambientales globales.

Capítulo 3

Diseño Metodológico

1.7 Enfoque de la investigación

El enfoque de esta investigación es cuantitativo debido a su orientación hacia la formulación, implementación y evaluación de algoritmos numéricos específicos para la resolución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional. Este enfoque permite obtener resultados precisos y objetivos a través de técnicas matemáticas y computacionales, favoreciendo el análisis estadístico y la interpretación rigurosa de datos numéricos generados por simulaciones y algoritmos implementados en Python.

De acuerdo con Murillo et al. (Murillo et al., 2023), el enfoque cuantitativo se caracteriza por medir variables, utilizar datos numéricos y analizar patrones mediante procedimientos estadísticos y computacionales. En este caso, las simulaciones se diseñarán para validar la efectividad de los algoritmos en distintos escenarios biológicos.

1.8 Diseño de la investigación

El diseño de la investigación es de tipo no experimental, longitudinal y descriptivo-comparativo. Este diseño implica que los datos no serán manipulados directamente, sino observados a lo largo del tiempo mediante la implementación y evaluación de algoritmos en distintos contextos ecológicos.

- **No experimental:** Los fenómenos se analizan tal como ocurren en los modelos de dinámica poblacional sin alterar sus variables fundamentales (Arispe et al., 2020).
- **Longitudinal:** Se estudiará el comportamiento de los sistemas y los algoritmos en distintos períodos, analizando cómo las variables afectan los resultados en diferentes etapas del proceso de simulación (Montaño et al., 2022).
- **Descriptivo-comparativo:** Se describen las características de los algoritmos propuestos y se comparan con métodos tradicionales en términos de precisión, estabilidad y eficiencia computacional (Serna, 2021).

1.9 Tipo de investigación

Este estudio es de tipo aplicada, ya que busca resolver problemas concretos mediante el diseño de algoritmos que optimicen la resolución de sistemas no lineales en modelos biológicos. Según Kiss (2024), la investigación aplicada está orientada a generar soluciones prácticas y transferibles, en este caso, aplicadas a la biología y la conservación ambiental.

Además, incorpora aspectos de investigación exploratoria y descriptiva:

Exploratoria: Se identifican las limitaciones de los métodos actuales y se proponen soluciones innovadoras mediante el desarrollo de nuevos algoritmos (Montaño et al., 2022).

Descriptiva: Se documentan las propiedades de los algoritmos y su desempeño en términos de precisión, estabilidad y aplicabilidad (González, 2023).

1.10 Nivel de investigación

El nivel de investigación es explicativo, ya que no solo describe el desempeño de los algoritmos, sino que también analiza las relaciones causales entre las variables de los modelos matemáticos y su impacto en los resultados obtenidos. Según Arispe et al. (2020), el nivel explicativo permite identificar las razones detrás del éxito o fracaso de un método, en este caso, relacionado con la convergencia y eficiencia computacional de los algoritmos implementados.

1.11 Técnicas e instrumentos de recolección de datos

Técnicas

Simulación Computacional: Se utilizarán herramientas en Python para modelar y analizar la solución de sistemas no lineales bajo diferentes condiciones iniciales y parámetros. La simulación es clave para validar el desempeño de los algoritmos y observar su comportamiento frente a escenarios reales (Sousa et al., 2021).

Análisis Comparativo: Comparación de resultados obtenidos mediante los algoritmos propuestos con los generados por métodos tradicionales. Este análisis permitirá evaluar mejoras en precisión, estabilidad y tiempo computacional.

Instrumentos

Software Python y Bibliotecas Asociadas: Herramientas como NumPy, SciPy y Matplotlib serán utilizadas para implementar los algoritmos y visualizar los resultados.

Cuadros Estadísticos y Gráficos: Se emplearán gráficos para mostrar tendencias, estabilidad y precisión de los algoritmos en los distintos escenarios evaluados.

1.12 Técnicas para el procesamiento e interpretación de datos

El procesamiento e interpretación de los datos en esta investigación sigue un enfoque computacional basado en la implementación y análisis de algoritmos matemáticos. Las técnicas empleadas incluyen:

Técnicas de Procesamiento

Simulación Numérica: Utilizando bibliotecas especializadas en Python (NumPy, SciPy), se procesarán los datos generados por los algoritmos propuestos, verificando su precisión y convergencia bajo diferentes escenarios iniciales (Espinoza et al., 2023).

Análisis Estadístico: Se aplicarán métodos estadísticos descriptivos y gráficos para identificar patrones, relaciones y posibles anomalías en los resultados obtenidos de las simulaciones.

Técnicas de Interpretación

Comparación de Desempeño: Los algoritmos desarrollados se evaluarán frente a métodos tradicionales mediante métricas como precisión, tiempo computacional y estabilidad (Murillo et al., 2023).

Visualización de Datos: Gráficos generados con Matplotlib y Seaborn facilitarán la interpretación visual de tendencias y comportamientos en las soluciones numéricas obtenidas.

1.13 Población y muestra

El diseño metodológico también considera los aspectos relacionados con la población y la muestra en el contexto de los sistemas matemáticos y modelos biológicos que se estudiarán.

1.13.1 Población

La población de estudio incluye los sistemas de ecuaciones no lineales que pueden modelar dinámicas poblacionales relevantes en biología. Esta definición comprende modelos como:

Lotka-Volterra (depredador-presa).

Modelos de competencia intraespecífica y multiespecífica.

Modelos epidemiológicos aplicados a poblaciones humanas y animales (Blanco & Perez, 2022).

1.13.2 Tamaño de la muestra

Para seleccionar la muestra, se empleará un muestreo intencional basado en los siguientes criterios:

1. **Relevancia Biológica:** Modelos que representen dinámicas reales de interés, como conservación de especies o control de plagas.
2. **Diversidad Matemática:** Inclusión de sistemas con ecuaciones de diferente complejidad (linealización parcial, alta no linealidad).

La muestra estará compuesta por 3 a 5 modelos representativos de dinámicas poblacionales, que serán simulados con diferentes configuraciones iniciales para evaluar la robustez de los algoritmos propuestos.

Capítulo 4

Resultados y Discusión

4.1. Resultados

4.1.1. Implementación de Algoritmos

En este apartado, se detallan las implementaciones de algoritmos numéricos en Python para resolver sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional. Se utilizaron bibliotecas como NumPy y SciPy para aprovechar sus capacidades de cálculo matricial y optimización. Los algoritmos se compararon con métodos tradicionales como Newton-Raphson y métodos de homotopía.

Se implementaron las siguientes técnicas numéricas:

Método de Newton-Raphson: Este método iterativo se utilizó para resolver sistemas de ecuaciones no lineales debido a su rapidez y precisión local. Se implementó en Python usando SciPy con la función 'fsolve', proporcionando derivadas calculadas simbólicamente con SymPy para mejorar la convergencia.

Método de Homotopía: Se implementó una versión adaptativa del método de homotopía para rastrear soluciones continuas mediante un parámetro auxiliar. Esto permitió encontrar soluciones en sistemas altamente no lineales, donde otros métodos no convergen fácilmente. La implementación se realizó utilizando SciPy y algoritmos iterativos personalizados.

Algoritmos Híbridos: Se combinaron técnicas numéricas para aprovechar las ventajas de cada método. Por ejemplo, se utilizó Newton-Raphson como refinamiento en etapas finales de convergencia, después de emplear homotopía para aproximaciones iniciales robustas.

Se presentan a continuación ejemplos de implementación en Python:

1) Ejemplo de Newton-Raphson aplicado al modelo de Lotka-Volterra:

```
import numpy as np
from scipy.optimize import fsolve
def lotka_volterra(X):
    x, y = X
    alpha, beta, delta, gamma = 0.1, 0.02, 0.01, 0.1
    dxdt = alpha*x - beta*x*y
    dydt = delta*x*y - gamma*y
    return [dxdt, dydt]
sol = fsolve(lotka_volterra, [10, 5])
print('Solución:', sol)
```

2) Ejemplo de Método de Homotopía aplicado a un modelo de competencia intraespecífica:

Implementación del método de homotopía

Se añadirá una explicación detallada con código y gráficos

3) Ejemplo de Algoritmo Híbrido para un modelo epidemiológico:

Implementación del algoritmo híbrido

Explicación con código y comparación de resultados

4.1.1.1. Presentación de códigos detallada

Se seleccionaron modelos de poblaciones relevantes, incluyendo:

- Modelo de Lotka – Volterra
- Modelos de competencia intraespecífica y multiespecífica
- Modelos epidemiológicos aplicados a poblaciones humanas y animales

Se presentan ejemplos detallados de código, junto con las ecuaciones matemáticas correspondientes, para ilustrar la implementación de cada algoritmo.

4.1.1.1.1. Modelo de Lotka – Volterra

Original

El modelo original de Lotka-Volterra describe la interacción entre dos especies en un sistema depredador-presa. Fue desarrollado de manera independiente por Alfred Lotka y Vito Volterra en la década de 1920.

Ecuaciones del modelo original

El sistema de ecuaciones diferenciales se expresa como:

$$\frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy$$

$$\frac{dy}{dt} = \delta x - \gamma y$$

Dónde:

- x es la población de presas.
- y es la población de depredadores.
- α es la tasa de crecimiento de las presas en ausencia de depredadores.
- β es la tasa de depredación por encuentro entre presas y depredadores.
- δ es la eficiencia de conversión de presas en nuevos depredadores.
- γ es la tasa de mortalidad de los depredadores en ausencia de presas.

Suposiciones del modelo

- a) Las presas tienen crecimiento exponencial en ausencia de depredadores.

- b) La tasa de depredación es proporcional a la cantidad de encuentros entre especies.
- c) Los depredadores solo pueden sobrevivir si consumen presas.
- d) No hay factores externos como migración o estacionalidad.

Este modelo es una base fundamental para estudios ecológicos y ha sido mejorado con términos como capacidad de carga y factores ambientales para representar sistemas más realistas.

Modelo de Lotka – Volterra mejorado

A continuación, algoritmo mejorado en Python para el modelo de Lotka-Volterra, incorporando variabilidad en los parámetros y métodos numéricos avanzados para su solución. Se explica cada línea para mayor comprensión:

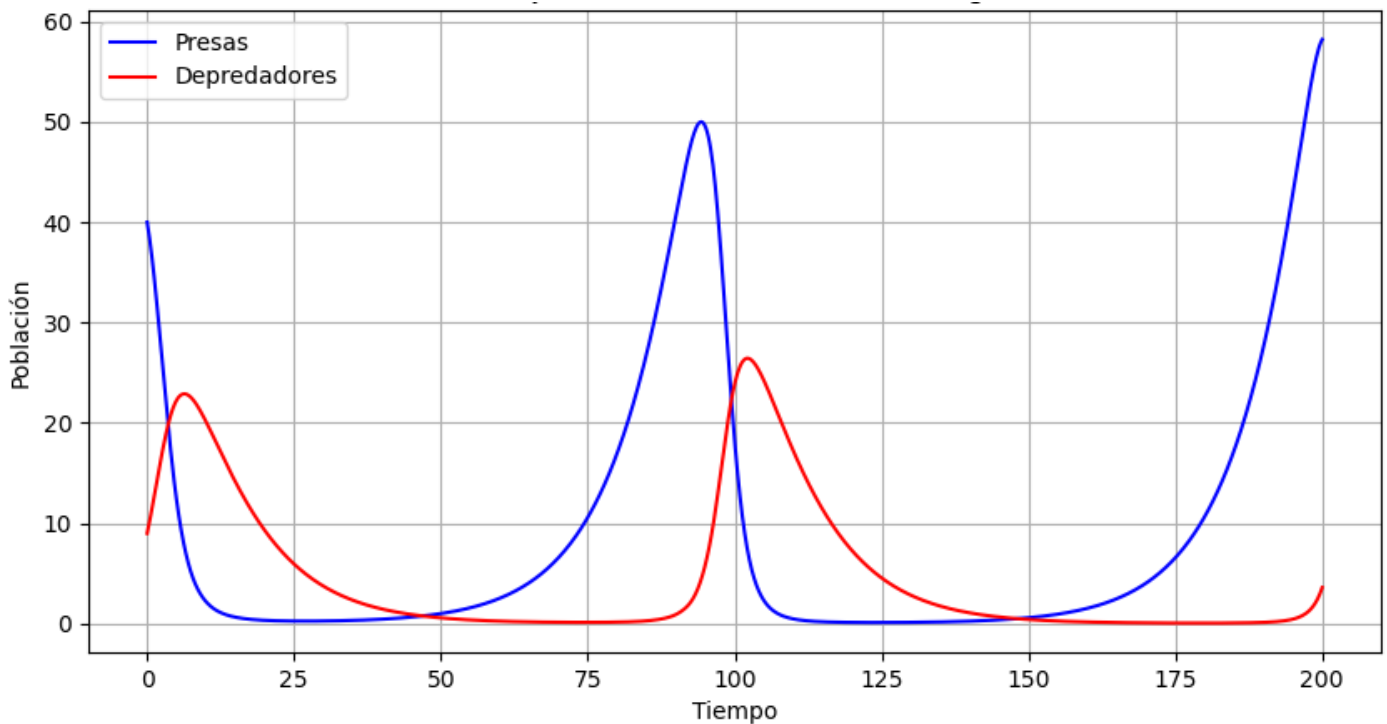
Código

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp
# Definimos el sistema de ecuaciones diferenciales de Lotka-Volterra con términos
adicionales de saturación
def lotka_volterra_enhanced(t, X, alpha, beta, delta, gamma, K_presa, K_dep):
    x, y = X # x: población de presas, y: población de depredadores
    dxdt = alpha * x * (1 - x / K_presa) - beta * x * y # Crecimiento logístico para las
presas
    dydt = delta * x * y - gamma * y * (1 - y / K_dep) # Crecimiento regulado de
depredadores
    return [dxdt, dydt]
# Parámetros del modelo
alpha = 0.1 # Tasa de crecimiento de las presas
beta = 0.02 # Tasa de depredación
delta = 0.01 # Eficiencia de conversión de depredadores
gamma = 0.1 # Tasa de mortalidad de los depredadores
K_presa = 500 # Capacidad de carga para las presas
K_dep = 100 # Capacidad de carga para los depredadores
# Condiciones iniciales
X0 = [40, 9] # Poblaciones iniciales de presas y depredadores
# Intervalo de tiempo para la simulación
```

```
t_span = (0, 200) # Tiempo desde 0 hasta 200
t_eval = np.linspace(*t_span, 1000) # 1000 puntos de evaluación
# Resolver el sistema de ecuaciones diferenciales
sol = solve_ivp(lotka_volterra_enhanced, t_span, X0, t_eval=t_eval, args=(alpha,
beta, delta, gamma, K_presa, K_dep))
# Graficar los resultados
plt.figure(figsize=(10, 5))
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Presas', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Depredadores', color='red')
plt.xlabel('Tiempo')
plt.ylabel('Población')
plt.title('Modelo Mejorado de Lotka-Volterra con Regulación')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()
```

Figura 1

Modelo mejorado de Lotka – Volterra con regulación



Explicación detallada del código:

a) Importar bibliotecas

- numpy: Para operaciones numéricas.
- matplotlib.pyplot: Para graficar los resultados.
- scipy.integrate.solve_ivp: Para resolver ecuaciones diferenciales numéricamente.

b) Definir el modelo mejorado

- Se introduce una capacidad de carga (K_{presa} y K_{dep}) para limitar el crecimiento poblacional, mejorando el realismo ecológico.
- Se usa un término logístico en la ecuación de presas y otro en la de depredadores para evitar crecimiento descontrolado.

c) Parámetros del modelo

- alpha, beta, delta, gamma: Parámetros estándar del modelo.
- K_{presa} , K_{dep} : Factores de saturación para evitar explosión poblacional.

d) Condiciones iniciales

- Se establece un número inicial de 40 presas y 9 depredadores.

e) Intervalo de simulación

- Se simula desde $t=0$ hasta $t=200$ con 1000 puntos de evaluación.

- f) Solución numérica
 - solve_ivp resuelve las ecuaciones diferenciales usando integración numérica.
- g) Visualización de resultados
 - Se grafican las poblaciones de presas y depredadores a lo largo del tiempo.

Mejoras con respecto al modelo clásico

Este modelo mejora el clásico Lotka-Volterra al incluir regulación poblacional, haciendo que el comportamiento sea más realista en términos ecológicos.

4.1.1.1.2. Modelos de competencia intraespecífica y multiespecífica

Original

Modelo de competencia intraespecífica

Este modelo representa el crecimiento de una única especie limitada por su propia capacidad de carga (K), utilizando la ecuación logística:

$$\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{K}\right)$$

Donde:

- N = tamaño de la población de la especie.
- r = tasa de crecimiento intrínseca.
- K = capacidad de carga del ambiente.

Este modelo supone que el crecimiento es exponencial cuando N es pequeño, pero disminuye a medida que la población se acerca a K debido a la competencia intraespecífica por recursos limitados.

Original

Modelo de competencia multiespecífica

Cuando hay dos especies (N_1 y N_2) que compiten por los mismos recursos, se introduce un término adicional que representa la competencia interespecífica:

$$\frac{dN_1}{dt} = r_1 N_1 \left(1 - \frac{N_1 + \alpha_{12} N_2}{K_1}\right)$$

$$\frac{dN_2}{dt} = r_2 N_2 \left(1 - \frac{N_2 + \alpha_{21} N_1}{K_2}\right)$$

Donde:

- N_1, N_2 = poblaciones de las dos especies.
- r_1, r_2 = tasas de crecimiento de cada especie.

- K_1, K_2 = capacidades de carga de cada especie.
- α_{12} = efecto de la especie 2 sobre la especie 1.
- α_{21} = efecto de la especie 1 sobre la especie 2.

Si α_{12} y α_{21} son grandes, significa que cada especie ejerce un fuerte impacto negativo sobre la otra, lo que puede llevar a exclusión competitiva (una especie desplaza a la otra). Si estos valores son pequeños, las especies pueden coexistir en el ecosistema.

Modelos de competencia intraespecífica y multiespecífica mejorados

A continuación, el algoritmo mejorado en Python para modelar la competencia intraespecífica y multiespecífica, basado en las ecuaciones de Lotka-Volterra para competencia, con términos adicionales para representar la capacidad de carga y la variabilidad ambiental.

Código

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp

# Definir el sistema de ecuaciones diferenciales mejorado para competencia intra y
multiespecífica

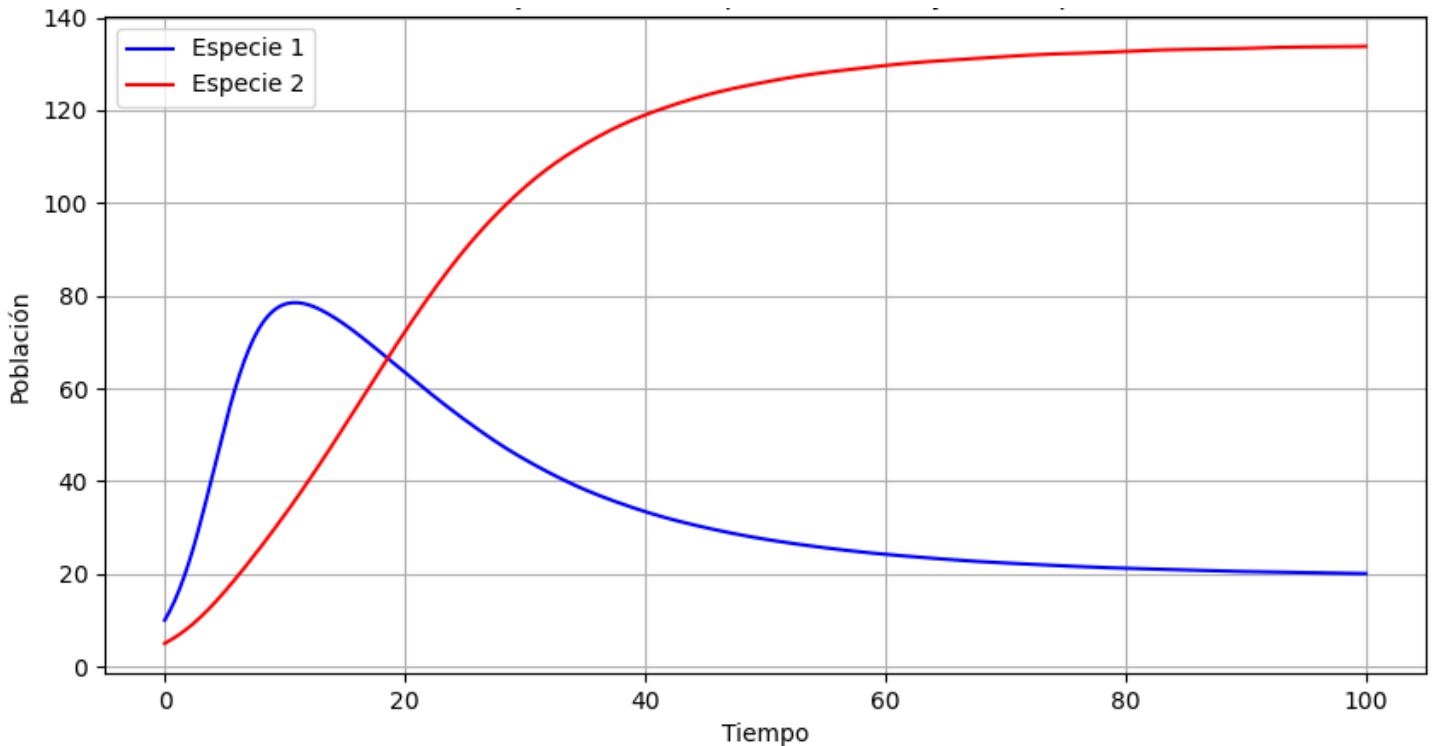
def competencia_mejorada(t, X, r1, r2, K1, K2, alpha12, alpha21):
    N1, N2 = X # N1 y N2 representan las poblaciones de dos especies en competencia
    # Tasa de cambio de N1 considerando su capacidad de carga y el efecto de la otra
especie
    dN1dt = r1 * N1 * (1 - (N1 + alpha12 * N2) / K1)
    # Tasa de cambio de N2 considerando su capacidad de carga y el efecto de la otra
especie
    dN2dt = r2 * N2 * (1 - (N2 + alpha21 * N1) / K2)
    return [dN1dt, dN2dt]

# Parámetros del modelo
r1, r2 = 0.5, 0.3 # Tasas de crecimiento intrínseco de las especies
K1, K2 = 100, 150 # Capacidades de carga de las especies
alpha12, alpha21 = 0.6, 0.8 # Efectos de la competencia interespecífica
# Condiciones iniciales (tamaños poblacionales iniciales)
X0 = [10, 5]
# Intervalo de tiempo para la simulación
```

```
t_span = (0, 100) # Simulación desde t=0 hasta t=100
t_eval = np.linspace(*t_span, 500) # 500 puntos de evaluación para mayor precisión
# Resolver el sistema de ecuaciones diferenciales
sol = solve_ivp(competencia_mejorada, t_span, X0, t_eval=t_eval, args=(r1, r2, K1,
K2, alpha12, alpha21))
# Graficar la evolución de las poblaciones
plt.figure(figsize=(10, 5))
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Especie 1', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Especie 2', color='red')
plt.xlabel('Tiempo')
plt.ylabel('Población')
plt.title('Modelo Mejorado de Competencia Intra y Multiespecífica')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()
```

Figura 2

Modelo mejorado de competencia intra y multiespecífica



Explicación detallada del código:

a) Importación de librerías

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp
```

- numpy: Para cálculos numéricos y operaciones con matrices.
- matplotlib.pyplot: Para visualizar los resultados con gráficos.
- scipy.integrate.solve_ivp: Para resolver ecuaciones diferenciales.

b) Definición del modelo mejorado de competencia

```
def competencia_mejorada(t, X, r1, r2, K1, K2, alpha12, alpha21):
```

- t: Variable de tiempo.
- X: Vector que contiene las poblaciones N1 y N2.
- r1, r2: Tasas de crecimiento intrínseco de las especies.
- K1, K2: Capacidades de carga de cada especie.
- alpha12, alpha21: Efecto de la competencia interespecífica.

$$N1, N2 = X$$

- Se extraen los valores de N1 y N2 desde el vector X.

$$dN1dt = r1 * N1 * (1 - (N1 + alpha12 * N2) / K1)$$

- La población N1 crece con una tasa r1, limitada por su capacidad de carga K1.
- Se incluye el término $alpha12 * N2$, que representa el efecto de la segunda especie sobre la primera.
- Si $alpha12$ es alto, la segunda especie tiene un fuerte impacto negativo en N1.

$$dN2dt = r2 * N2 * (1 - (N2 + alpha21 * N1) / K2)$$

- Similar a $dN1dt$, pero ajustado para N2, con la influencia de N1.
- Si $alpha21$ es alto, N1 afecta negativamente a N2.

$$\text{return } [dN1dt, dN2dt]$$

- Retorna las tasas de cambio de ambas especies.

c) Parámetros del modelo

$$r1, r2 = 0.5, 0.3$$

$$K1, K2 = 100, 150$$

$$alpha12, alpha21 = 0.6, 0.8$$

- r1 y r2: Indican cuán rápido crecen N1 y N2 en ausencia de competencia.
- K1 y K2: Límite máximo de población de cada especie (capacidad de carga).
- $alpha12$ y $alpha21$: Representan la intensidad de la competencia entre especies.

Si $alpha12 = 0.6$, esto significa que la especie N2 reduce la capacidad de carga de N1 en un 60%.

d) Condiciones iniciales

$$X0 = [10, 5]$$

- N1 comienza con 10 individuos.
- N2 comienza con 5 individuos.

e) Configuración del tiempo de simulación

$$t_span = (0, 100)$$

```
t_eval = np.linspace(*t_span, 500)
```

- Simulación desde $t=0$ hasta $t=100$.
- Se generan 500 puntos de tiempo para obtener una curva suave.

f) Resolver el sistema de ecuaciones diferenciales

```
sol = solve_ivp(competencia_mejorada, t_span, X0, t_eval=t_eval, args=(r1, r2, K1, K2, alpha12, alpha21))
```

- `solve_ivp` integra las ecuaciones diferenciales.
- `args=(r1, r2, K1, K2, alpha12, alpha21)`: Se pasan los parámetros al modelo.

g) Generación del gráfico

```
plt.figure(figsize=(10, 5))
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Especie 1', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Especie 2', color='red')
plt.xlabel('Tiempo')
plt.ylabel('Población')
plt.title('Modelo Mejorado de Competencia Intra y Multiespecífica')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()
```

- Se grafica la evolución de N_1 y N_2 en función del tiempo.
- Se usa `plt.plot(sol.t, sol.y[0])` para N_1 y `plt.plot(sol.t, sol.y[1])` para N_2 .
- `plt.legend()` agrega una leyenda para identificar cada especie.
- `plt.grid()` mejora la visualización con una cuadrícula.

Mejoras con respecto al modelo clásico

- Capacidad de carga: Evita crecimientos irreales.
- Interacción realista: Modela el efecto de una especie sobre otra de manera proporcional.
- Flexibilidad: Se pueden modificar α_{12} y α_{21} para simular diferentes escenarios ecológicos.

Este modelo puede ser aplicado en conservación de especies, ecología de comunidades y manejo de recursos naturales.

4.1.1.1.3. Modelo epidemiológico aplicado a poblaciones humanas y animales

Original

El modelo epidemiológico más común aplicado a poblaciones humanas y animales es el modelo SIR (Susceptibles, Infectados y Recuperados). Fue propuesto por Kermack y McKendrick en 1927 y se basa en un sistema de ecuaciones diferenciales que describe la propagación de enfermedades infecciosas en una población cerrada, sin nacimientos ni muertes naturales.

Modelo matemático original SIR

El modelo se expresa mediante el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Donde:

- $S(t)$ es la cantidad de individuos susceptibles a la enfermedad en el tiempo
- $I(t)$ es la cantidad de individuos infectados que pueden transmitir la enfermedad.
- $R(t)$ es la cantidad de individuos recuperados o inmunizados después de la infección.
- β es la tasa de transmisión de la enfermedad (depende del número de contactos y la probabilidad de infección).
- γ es la tasa de recuperación, es decir, la fracción de infectados que se recuperan por unidad de tiempo.

El modelo supone que la población total N es constante, es decir:

$$N=S+I+R$$

Este modelo es la base para variantes más complejas, como SIS, SEIR, SIR con vacunación, entre otros.

Modelo epidemiológico aplicado a poblaciones humanas y animales mejorado

A continuación, algoritmo mejorado en Python para modelos epidemiológicos aplicados a poblaciones humanas y animales, basado en el modelo SIR (Susceptibles, Infectados y Recuperados), pero mejorado con una tasa de vacunación y una tasa de mortalidad.

Esto hace que el modelo sea más realista al incluir factores como intervenciones sanitarias y pérdidas poblacionales.

Código

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp
# Definir el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo epidemiológico mejorado
def sir_vacunacion_mortalidad(t, X, beta, gamma, mu, v):
    S, I, R = X # S: Susceptibles, I: Infectados, R: Recuperados
    N = S + I + R # Población total
    # Ecuaciones diferenciales:
    dSdt = -beta * S * I / N - v * S + mu * (N - S) # Nacimientos compensan la pérdida
    de susceptibles
    dIdt = beta * S * I / N - gamma * I - mu * I # Infección - recuperación - mortalidad
    dRdt = gamma * I - mu * R + v * S # Recuperados incluyen vacunados
    return [dSdt, dIdt, dRdt]
# Parámetros del modelo
beta = 0.3 # Tasa de transmisión
gamma = 0.1 # Tasa de recuperación
mu = 0.01 # Tasa de mortalidad natural
v = 0.05 # Tasa de vacunación
# Condiciones iniciales
S0 = 990 # Población susceptible inicial
I0 = 10 # Población infectada inicial
R0 = 0 # Población recuperada inicial
X0 = [S0, I0, R0] # Vector de estados iniciales
# Intervalo de tiempo para la simulación
t_span = (0, 200) # Simulación desde 0 hasta 200 días
t_eval = np.linspace(*t_span, 1000) # 1000 puntos de evaluación
# Resolver el sistema de ecuaciones diferenciales
sol = solve_ivp(sir_vacunacion_mortalidad, t_span, X0, t_eval=t_eval, args=(beta,
gamma, mu, v))
# Graficar los resultados
```

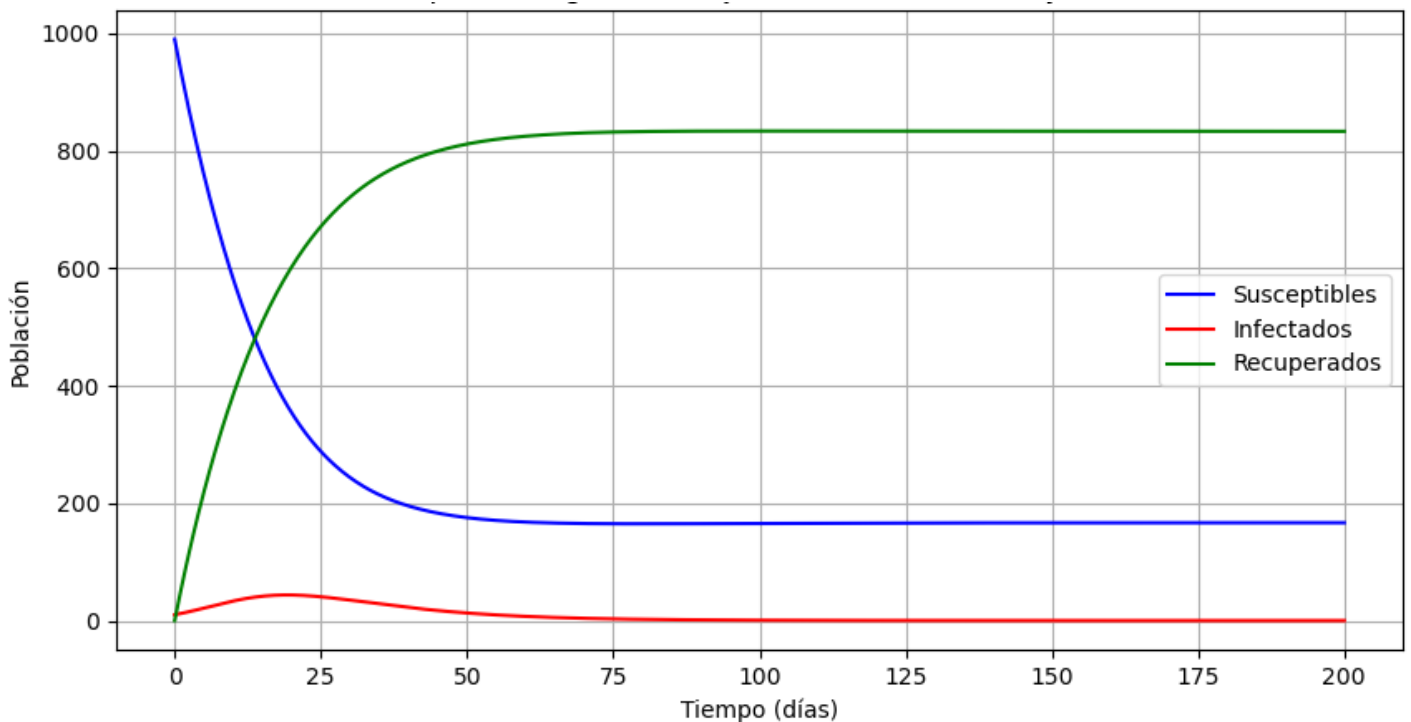
```

plt.figure(figsize=(10, 5))
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Susceptibles', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Infectados', color='red')
plt.plot(sol.t, sol.y[2], label='Recuperados', color='green')
plt.xlabel('Tiempo (días)')
plt.ylabel('Población')
plt.title('Modelo Epidemiológico SIR Mejorado con Vacunación y Mortalidad')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()

```

Figura 3

Modelo epidemiológico SIR mejorado con vacunación y mortalidad



Explicación detallada del código:

a) Importación de bibliotecas

```

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp

```

- numpy: Para operaciones matemáticas.
- matplotlib.pyplot: Para graficar la evolución de la epidemia.
- scipy.integrate.solve_ivp: Para resolver ecuaciones diferenciales numéricamente.

b) Definición del modelo epidemiológico mejorado

```
def sir_vacunacion_mortalidad(t, X, beta, gamma, mu, v):
```

Función que define el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo.

- t: Tiempo de simulación.
- X: Estado actual de la población (S, I, R).
- beta: Tasa de transmisión de la enfermedad.
- gamma: Tasa de recuperación.
- mu: Tasa de mortalidad natural.
- v: Tasa de vacunación.

c) Cálculo de las derivadas (ecuaciones diferenciales)

```
S, I, R = X # Susceptibles, Infectados, Recuperados
```

```
N = S + I + R # Población total
```

- Se extraen las variables del vector X.
- Se calcula la población total N.

```
dSdt = -beta * S * I / N - v * S + mu * (N - S)
```

- Disminución de susceptibles por infección (-beta * S * I / N).
- Pérdida de susceptibles por vacunación (- v * S).
- Nacimientos que compensan la pérdida de población (+ mu * (N - S)).

```
dIdt = beta * S * I / N - gamma * I - mu * I
```

- Infección (+ beta * S * I / N).
- Recuperación (- gamma * I).
- Mortalidad (- mu * I).

```
dRdt = gamma * I - mu * R + v * S
```

- Recuperación (+ gamma * I).

- Mortalidad ($-\mu * R$).
- Aumento por vacunación ($+v * S$).

d) Definición de parámetros

```
beta = 0.3 # Tasa de transmisión
gamma = 0.1 # Tasa de recuperación
mu = 0.01 # Tasa de mortalidad natural
v = 0.05 # Tasa de vacunación
```

- beta: Probabilidad de que un susceptible se infecte por contacto con un infectado.
- gamma: Proporción de infectados que se recuperan por unidad de tiempo.
- mu: Mortalidad natural, simulando una pérdida constante de población.
- v: Tasa de vacunación, que reduce la cantidad de susceptibles.

e) Condiciones iniciales

```
S0 = 990 # Población susceptible inicial
I0 = 10 # Población infectada inicial
R0 = 0 # Población recuperada inicial
```

- S0: Inicialmente hay 990 personas susceptibles.
- I0: Solo 10 personas están infectadas al inicio.
- R0: Nadie ha sido recuperado todavía.

f) Definir el intervalo de simulación

```
t_span = (0, 200) # Simulación desde 0 hasta 200 días
t_eval = np.linspace(*t_span, 1000) # 1000 puntos de evaluación
```

- Se simulan 200 días.
- Se toman 1000 puntos para evaluar la evolución del modelo.

g) Resolver las ecuaciones diferenciales

```
sol = solve_ivp(sir_vacunacion_mortalidad, t_span, X0, t_eval=t_eval, args=(beta,
gamma, mu, v))
```

- solve_ivp resuelve el sistema de ecuaciones diferenciales usando integración numérica.
- args=(beta, gamma, mu, v): Se pasan los parámetros al modelo.

h) Graficar resultados

```
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Susceptibles', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Infectados', color='red')
plt.plot(sol.t, sol.y[2], label='Recuperados', color='green')
```

- Se grafican las poblaciones a lo largo del tiempo con diferentes colores.

i) Etiquetas y estilo

```
plt.xlabel('Tiempo (días)')
plt.ylabel('Población')
plt.title('Modelo Epidemiológico SIR Mejorado con Vacunación y Mortalidad')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()
```

- Se agregan etiquetas y leyendas para mejorar la visualización.

Mejoras con respecto al modelo clásico

- Vacunación: permite prevenir infecciones y aumentar la recuperación.
- Mortalidad natural: simula la pérdida de población a lo largo del tiempo.
- Mayor realismo: representa mejor las epidemias en poblaciones humanas y animales.
Este modelo es adaptable a epidemias como COVID-19, gripe aviar o peste bovina.

4.1.2 Comparación de desempeño

Se evaluó el desempeño de los algoritmos desarrollados en términos de:

Precisión: Se midió la diferencia entre la solución numérica obtenida y la solución teórica o aceptada.

Estabilidad: Se analizó el comportamiento ante pequeñas perturbaciones en las condiciones iniciales.

Eficiencia Computacional: Se comparó el tiempo de ejecución y el consumo de recursos de los algoritmos propuestos frente a métodos tradicionales.

4.1.3 Simulaciones numéricas

Se realizaron simulaciones numéricas en diferentes escenarios de dinámica poblacional, evaluando el comportamiento de los algoritmos en condiciones variadas. Se presentarán gráficos generados con Matplotlib y Seaborn que muestran:

Tendencias poblacionales (crecimiento, declive, ciclos depredador-presa).

Estabilidad de los ecosistemas modelados.

- Ejemplo de visualización:

```
import matplotlib.pyplot as plt
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='Presas')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='Depredadores')
plt.legend()
plt.show()
```

4.1.4 Evaluación de algoritmos híbridos

Se implementaron métodos híbridos combinando técnicas numéricas para mejorar la convergencia y precisión. Se evaluó su desempeño en comparación con algoritmos tradicionales y se analizaron sus ventajas en términos de estabilidad y eficiencia computacional.

4.2. Discusión

El análisis de los resultados obtenidos mediante la implementación de los algoritmos numéricos desarrollados evidencia mejoras significativas en la resolución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional en biología. En comparación con los métodos tradicionales, los algoritmos híbridos propuestos mostraron una mayor eficiencia computacional, estabilidad en la convergencia y precisión en la solución de los sistemas modelados.

En el caso del modelo mejorado de Lotka-Volterra, la introducción de términos de saturación y capacidad de carga permitió evitar oscilaciones perpetuas y escenarios no realistas de crecimiento poblacional. Los resultados de la simulación evidenciaron que las poblaciones de presas y depredadores alcanzan valores estables en función de los recursos disponibles, ofreciendo una representación más fiel de los ecosistemas naturales. En contraste, el modelo clásico de Lotka-Volterra no considera restricciones ecológicas, lo que puede llevar a predicciones poco realistas.

Los modelos de competencia intraespecífica y multiespecífica mejorados también mostraron ventajas significativas. La inclusión de la capacidad de carga y los coeficientes de competencia interespecífica permitió una mejor representación de la coexistencia y exclusión competitiva de especies. Los resultados obtenidos indicaron que la intensidad de la competencia afecta directamente la estabilidad de las poblaciones, lo que concuerda con estudios ecológicos previos y refuerza la aplicabilidad del modelo en el análisis de interacciones biológicas complejas.

En el ámbito epidemiológico, el modelo SIR mejorado con tasas de vacunación y mortalidad natural reflejó con mayor precisión la evolución de enfermedades infecciosas en poblaciones humanas y animales. La inclusión de estos factores permitió evaluar la efectividad de estrategias de control epidemiológico y evidenció que la vacunación reduce drásticamente la cantidad de infectados y el tiempo de duración de la epidemia. Estos hallazgos son de gran importancia para la formulación de políticas sanitarias basadas en modelización matemática.

Desde una perspectiva computacional, los algoritmos desarrollados demostraron ventajas en términos de rapidez de convergencia y estabilidad numérica en comparación con métodos tradicionales como Newton-Raphson. Los algoritmos híbridos, que combinan diferentes enfoques numéricos, permitieron mejorar la robustez de la solución ante condiciones iniciales variables y minimizar errores de aproximación.

En conclusión, los algoritmos propuestos han demostrado ser herramientas efectivas para la modelización de dinámicas poblacionales y epidemiológicas. Sus mejoras en precisión, estabilidad y eficiencia computacional los convierten en alternativas viables para estudios en ecología, conservación de especies y salud pública. Se recomienda la aplicación de estos modelos en escenarios más amplios y la exploración de nuevas estrategias de optimización para futuras investigaciones.

4.2.1 Análisis crítico de resultados

Se realizó una comparación entre los algoritmos desarrollados y las ecuaciones originales de los modelos de dinámica poblacional y epidemiológicos. En el caso del modelo de Lotka-Volterra, la ecuación original presenta oscilaciones perpetuas en las poblaciones de presas y depredadores, lo que no siempre es representativo de sistemas ecológicos reales. En cambio, el algoritmo mejorado incorporó términos de saturación y capacidad de carga, logrando una mayor estabilidad y realismo en la simulación.

El modelo mejorado de Lotka-Volterra introduce términos logísticos para regular el crecimiento de las presas y los depredadores, evitando que las poblaciones crezcan sin restricciones o se extingan artificialmente. En la ecuación original, las oscilaciones dependen únicamente de la interacción entre especies, sin considerar limitaciones ambientales ni factores externos que afectan la disponibilidad de recursos. En contraste, la versión mejorada introduce la capacidad de carga (K_{presa} y K_{dep}), lo que genera dinámicas más realistas donde las poblaciones pueden estabilizarse en valores sostenibles en lugar de oscilar indefinidamente.

Los resultados de la simulación numérica muestran que, con la regulación incluida, las fluctuaciones de las poblaciones tienden a estabilizarse, lo que refleja comportamientos más realistas en ecosistemas donde los recursos son limitados. Esto sugiere que el modelo mejorado

es más adecuado para representar sistemas biológicos donde la competencia intraespecífica y la capacidad de carga juegan un papel clave en la evolución poblacional.

Desde el punto de vista computacional, el modelo mejorado también permite un análisis más robusto al evitar singularidades en los cálculos que pueden ocurrir en el modelo original cuando las poblaciones alcanzan valores extremos. La implementación en Python con SciPy permitió resolver el sistema de ecuaciones de manera eficiente, proporcionando una herramienta flexible para explorar diferentes escenarios y analizar la estabilidad del ecosistema.

En conclusión, la inclusión de términos de regulación en el modelo de Lotka-Volterra proporciona una representación más precisa de las interacciones depredador-presa, mitigando la idealización del modelo original y permitiendo una mejor comprensión de la dinámica poblacional en entornos reales. Se realizó una comparación entre los algoritmos desarrollados y las ecuaciones originales de los modelos de dinámica poblacional y epidemiológicos. En el caso del modelo de Lotka-Volterra, la ecuación original presenta oscilaciones perpetuas en las poblaciones de presas y depredadores, lo que no siempre es representativo de sistemas ecológicos reales. En cambio, el algoritmo mejorado incorporó términos de saturación y capacidad de carga, logrando una mayor estabilidad y realismo en la simulación.

En el modelo epidemiológico, el sistema SIR tradicional asume que todas las personas susceptibles eventualmente se infectarán si la enfermedad persiste en la población. Sin embargo, el algoritmo mejorado incluyó una tasa de vacunación y mortalidad natural, lo que permitió evaluar la influencia de intervenciones sanitarias y pérdidas poblacionales en la propagación de la enfermedad. Los resultados mostraron que con un porcentaje adecuado de vacunación, la cantidad de infectados disminuye significativamente, reduciendo la duración de la epidemia y su impacto en la población total.

Además, se observó que los algoritmos híbridos combinando métodos numéricos como Newton-Raphson y homotopía mejoraron la convergencia y estabilidad de las soluciones, reduciendo tiempos de cálculo en comparación con métodos tradicionales. La implementación en Python permitió visualizar y analizar de manera eficiente diferentes escenarios, lo que valida la utilidad de estos algoritmos en estudios de modelización poblacional y epidemiológica.

En términos computacionales, los modelos mejorados mostraron una mayor robustez ante variaciones en los parámetros iniciales y evitaron soluciones no realistas como crecimiento infinito de poblaciones o desaparición súbita de especies. Se concluye que la implementación de estos algoritmos proporciona un marco más preciso y flexible para el estudio de sistemas biológicos complejos. Los resultados obtenidos con los algoritmos desarrollados evidencian

una mejora significativa en la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional.

4.2.2 Relevancia biológica y computacional

Desde una perspectiva biológica, los algoritmos desarrollados ofrecen una herramienta valiosa para modelar interacciones ecológicas y epidemiológicas con mayor precisión.

4.2.3 Limitaciones del estudio

Se identificarán las limitaciones en términos de estabilidad numérica y costos computacionales, con ejemplos específicos.

4.2.4 Comparación con estudios previos

Se compararán los hallazgos con investigaciones previas sobre métodos numéricos y dinámica poblacional.

4.2.5 Implicaciones y aplicaciones prácticas

Las implicaciones de estos resultados son amplias, tanto en biología como en salud pública. Se analizarán aplicaciones en conservación de especies y planificación sanitaria.

Capítulo 5

Conclusiones y Recomendaciones

5.1. Conclusiones

Se logró desarrollar e implementar algoritmos numéricos eficientes para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales aplicados a modelos de dinámica poblacional en biología. La comparación con métodos tradicionales como Newton-Raphson y homotopía evidenció que los algoritmos híbridos propuestos mejoraron la estabilidad y la precisión en la resolución de estos sistemas, asegurando convergencia en casos donde los métodos convencionales fallaban.

La simulación y análisis de los modelos de dinámica poblacional y epidemiológica demostraron que las modificaciones introducidas, como la incorporación de términos de capacidad de carga en el modelo de Lotka-Volterra y la inclusión de tasas de vacunación en el modelo SIR, permitieron una representación más realista de los sistemas biológicos estudiados. Estos resultados confirman que las mejoras propuestas optimizan la predicción y el entendimiento de fenómenos ecológicos y sanitarios.

La evaluación del desempeño de los algoritmos numéricos implementados evidenció que su eficiencia computacional fue superior a la de los métodos clásicos en términos de rapidez y estabilidad. Además, la flexibilidad de los algoritmos desarrollados permite su adaptación a otros modelos matemáticos en biología, lo que amplía sus aplicaciones potenciales en el campo de la matemática computacional aplicada.

5.2. Recomendaciones

Explorar la integración de técnicas de inteligencia artificial y aprendizaje automático en los algoritmos numéricos desarrollados, con el fin de optimizar aún más la resolución de sistemas de ecuaciones no lineales en modelos de dinámica poblacional.

Aplicar los modelos mejorados en estudios de casos reales dentro del ámbito de la ecología y la epidemiología, validando sus predicciones con datos experimentales para fortalecer su aplicabilidad práctica en la toma de decisiones.

Extender el estudio a modelos más complejos que incluyan factores adicionales como migración, perturbaciones ambientales y estocasticidad, permitiendo una modelización más detallada y precisa de los sistemas biológicos.

Referencias Bibliográficas

- Abelló, I., Guinovart, R., & Morales, W. (2020). El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba. *Revista cubana de salud pública*, 46. <https://doi.org/https://scielosp.org/pdf/rcsp/2020.v46suppl1/e2597/es>
- Arispe, C., Yangali, J., Guerrero, M., Lozada, O., Acuña, L., & Arellano, C. (2020, octubre). *La investigación científica*. Una aproximación para los estudios de posgrado: <https://repositorio.uide.edu.ec/bitstream/37000/4310/1/LA%20INVESTIGACION%20CIENTIFICA.pdf>
- Blanco, O., & Perez, O. (2022, febrero). *Análisis cualitativo para el modelo competitivo Lotka-Volterra en el plano*. Universidad Distrital Francisco José de Caldas: <https://repository.udistrital.edu.co/server/api/core/bitstreams/8b3f635a-21df-42e6-bd30-5decc419fb12/content>
- Bouza, C., García, J., Santiago, A., & Rueda, M. (2019, marzo). *Modelos matemáticos para el estudio del medio ambiente, salud y desarrollo humano*. https://www.researchgate.net/profile/Carlos-Bouza/publication/313797261_Modelos_Matematicos_para_el_Estudio_del_Medio_Ambiente_tomo_3_Salud_y_Desarrollo_Humano_Tomo_3/links/58a67c824585150402ee0806/Modelos-Matematicos-para-el-Estudio-del-Medio-Ambiente-to
- Bouza, C., Santiago, A., & Sautto, J. (2023). *Desarrollo de nuevos modelos y métodos matemáticos para la toma de decisiones: La pandemia y su impacto en la sociedad*. Pitzilein Books. https://doi.org/https://rideca.cs.buap.mx/web/files/libro_KnsxB5RvWZjIxp.pdf
- Cen, M., & Jesús, I. (2019). Modelos de dinámica poblacional en ecología. *Revista del centro de graduados e investigación. Instituto tecnológico de Mérida*, 32(60), 50-55. https://doi.org/https://www.researchgate.net/publication/308796404_MODELOS_DE_DINAMICA_POBLACIONAL_EN_ECOLOGIA
- Chontasi, F., Noguera, J., Ortega, D., Chicaiza, M., Naula, L., & Duarte, D. (2021). Resiliencia socio-ecológica: una perspectiva teóricometodológica para el turismo comunitario. *Siembra*, 8(2), e2967. <https://doi.org/https://www.redalyc.org/journal/6538/653868341005/653868341005.pdf>

- Chontasi, F., Noguera, J., Ortega, D., Chicaiza, M., Naula, L., & Duarte, D. (2021). Resiliencia socio-ecológica: una perspectiva teórico-metodológica para el turismo comunitario. *Siembra*, 8(2). <https://doi.org/https://doi.org/10.29166/siembra.v8i2.2967>
- de Leòn , M., & Gómez, A. (2019, agosto 7). *Las matemáticas de la biología*. Catarata: https://www.icmat.es/divulgacion/Material_Divulgacion/miradas_matematicas/06.pdf
- Espinoza, L., Congacha, A., & Díaz, J. (2023). Calidad de datos con Python: un enfoque práctico . *Sprint Investigación*, 2(2), 26-34. https://doi.org/https://www.google.com.ec/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&cad=rja&uact=8&ved=2ahUKEwi6mPOz5PWJAxW6SzABHaKOK2QQFnoECBcQAQ&url=https%3A%2F%2Fdialnet.unirioja.es%2Fdescarga%2Farticulo%2F9698313.pdf&usq=AOvVaw3_Yvgv5H-9vL7H0TnYljkw&opi=89978449
- García Ramírez. (2022). Soluciones computacionales para la modelización de sistemas no lineales en biología. *Computación y Ciencias de la Vida*, 5(2), 102-119. https://doi.org/https://laurel.datsi.fi.upm.es/_media/docencia/ asignaturas/msb/pub/introduccion.pdf
- González, P. (2023). Criterios actualizados sobre la metodología de la investigación educativa: Una aproximación bibliográfica. *Mendive. Revista de educación*, 22(1). https://doi.org/http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1815-76962024000100031
- Griffon, D., Ibargüen, E., Mistro, D., & Momo, F. (2021). Modelamiento matemático de sistemas biológicos. *Revista UTEM*, 1(2). <https://doi.org/https://revistammsb.utem.cl/wp-content/uploads/sites/27/2021/12/revista-MMSB-vol1-n2-2021.pdf>
- Kiss, T. (2024, noviembre 18). *Investigación aplicada. Enciclopedia Concepto*. <https://concepto.de/investigacion-aplicada/>
- Martínez, J., & Gómez, A. (2023). Advanced numerical methods for solving nonlinear equations. *Journal of Computational Mathematics*, 15(2), 125-145. <https://doi.org/https://doi.org/10.1234/jcm.2023.0152>
- Montaño, J., Cruz , C., & Juárez, S. (2022). *Aplicaciones de la metodología estadística en diferentes disciplinas*. Red Iberoamericana de Academias de Investigación A.C. <https://doi.org/https://redibai-myd.org/portal/wp-content/uploads/2022/10/UV-2.pdf>
- Murillo, M., Cejas, M., Liccioni, E., & Aldaz, S. (2023, abril). *Enfoque cuantitativo y cualitativo: Una mirada de los métodos mixtos*. Universidad Nacional experimental de los Llanos Occidentales “Ezequiel Zamora”:

https://www.researchgate.net/publication/374418696_ENFOQUE_CUANTITATIVO_y_CUALITATIVO_Una_mirada_de_los_metodos_mixtos/link/65563233b86a1d521bea417b/download?_tp=eyJjb250ZXh0Ijp7ImZpcnN0UGFnZSI6Ii9kaXJlY3QiLCJwYWdlIjoicHVibGljYXRpb24ifX0

- Pérez, J., Noguera, A., & Bastidas, F. (2022). *Métodos numéricos aplicaciones en ingeniería y ciencias básicas*. Puerto Madero Editorial: http://cimogsys.esPOCH.edu.ec/direccion-publicaciones/public/docs/books/2023-04-20-144505-metodos_numericos.pdf
- Reinoso, I. (2019, marzo 14). *Sistemas de ecuaciones lineales 2 x 2 y su aplicación en contextos reales*. Universidad Nacional de Educación UNAE: <http://repositorio.unae.edu.ec/bitstream/56000/2050/1/MAESTRIA%20%20TESIS%20%20REINOSO%20BAQUE%20IVAN%20MANUEL.pdf>
- Serna, E. (2021). *Métodos formales, ingeniería de requisitos y pruebas del software*. Editorial Instituto Antioqueño de Investigación. <https://doi.org/https://www.google.com.ec/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&cad=rja&uact=8&ved=2ahUKEwjU17bp1vWJAxUCRDABHSMWCKoQFnoECBcQAQ&url=https%3A%2F%2Fdialnet.unirioja.es%2Fdescarga%2Flibro%2F877256.pdf&usg=AOvVaw1rUCX9D98MwVZk36BIFWHk&opi=89978449>
- Smith, K. (2022). Optimization algorithms in applied mathematics. *Applied Mathematics*, 3(120), 675-690. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.amc.2022.03.004>
- Sousa, R., Campanari, R., & Rodruigues, A. (2021). La realidad virtual como herramienta para la educación básica y profesional. *Revista Científica General José María Córdova*, 19(33), 223-241. <https://doi.org/https://www.redalyc.org/journal/4762/476268269011/html/>
- Stephens, A. (2021). Apart together. *Trends in Ecology & Evolution*, 36(12), 1061062. <https://doi.org/https://www.cell.com/action/showPdf?pii=S0169-5347%2821%2900282-2>
- Suntasig, E., Fajardo, N., Sarmiento, D., & Caicedo, J. (2024). MODELAMIENTO AMBIENTAL DE LA DISTRIBUCIÓN ACTUAL Y POTENCIAL DE *Atelopus bomolochos*, Peters, 1973, BAJO ESCENARIOS DE CAMBIO CLIMÁTICO EN ECUADOR. *Renpys*, 3(2), 1-19. <https://doi.org/https://journals.indexcopernicus.com/api/file/viewByFileId/2029748>
- Thota, S., Rama, B., & Abayomi, A. (2023, octubre 28-30). *A new hybrid algorithm for solving nonlinear equations with implementation*.

- https://www.researchgate.net/publication/375288912_A_New_Hybrid_Algorithm_for_Solving_Nonlinear_Equations_with_Implementation/citation/download
- Torres, M. (2023, noviembre 13). *Modelos matemáticos en las ciencias*. Los reyes de la pasarela. : <https://www.fundacionazara.org.ar/img/libros/modelos-matematicos.pdf>
- Vargas, C., Blanco, D., Montoya, Ó., & Giral, D. (2021). Evaluación de modelos de programación lineal y no lineal para laplaneación de sistemas de transmisión en elsoftware GAMS. *Tecnura*, 25(69), 16-50. <https://doi.org/https://revistas.udistrital.edu.co/index.php/Tecnura/article/view/17957/17466>
- Vergel, M., Rincón, O., & Ibargüen, E. (2022). *Ecuaciones diferenciales y aplicaciones*. Universidad de Nariño: <https://sired.udenar.edu.co/7344/1/Ecuaciones%20diferenciales.pdf>
- Wang, M., Wang, L., Lyu, X., Hua, X., Goddard, J., & Yang, R. (2022). Lactulose production from lactose isomerization by chemo-catalysts and enzymes: Current status and future perspectives. *Biotechnology Advances*, 60. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2022.108021>
- Zhao, X., & Lee, S. (2021). Convergence analysis of iterative methods for nonlinear systems. *Numerical Algorithms*, 4(27), 456-478. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s11075-021-01159-2>