

BISTUA

Revista de la Facultad de Ciencias Básicas

ISSN: 0120-4211 • ISSN-e: 2711-3027

Volumen 20 - No. 2 Año 2022



Publicado: 17/Noviembre/ 2022



<http://ojs.unipamplona.edu.co/ojsviceinves/index.php/bistua>

BISTUA es la revista de la Facultad de Ciencias Básicas de la Universidad de Pamplona-Colombia, cuyo fin primordial es la difusión de trabajos originales que contribuyan a ampliar los conocimientos en ciencias naturales y exactas. BISTUA es una publicación científica de acceso abierto, arbitrada por pares, un volumen anual de dos números, desde 1982 edición en papel ISSN:0120-4211 y desde 2004 edición electrónica e-ISSN:2711-3027. La edición electrónica está alojada en la plataforma *Open Journal Systems* (OJS).

BISTUA publica artículos de investigación científica y tecnológica, artículos de revisión y cartas al editor. Las áreas de interés son las siguientes:

Biología Física Geología Química Matemáticas Ciencias Básicas Aplicada

Información de la Revista

BISTUA, ISSN:0120-4211, Impreso, 2711-3027, electrónico, publicada por la Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Pamplona – Colombia, con periodicidad semestral.

Información de contacto

E-mail: Bistua.RevistaFCB@unipamplona.edu.co

Dirección: Revista BISTUA, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Pamplona, Campus Principal, Pamplona – Colombia.

Teléfono: (57) 5685303 Ext: (232)

© Copyright. Universidad de Pamplona.

Se permite la reproducción completa o parcial para fines educativos, garantizando que se cite la fuente indicada en el sitio web de cada artículo.



Nota:

Todas las declaraciones, métodos, instrucciones e ideas que contienen los artículos son responsabilidad exclusiva de los autores y no necesariamente representan la visión de la Universidad de Pamplona. El Editor o la Universidad de Pamplona no se hacen responsables de ninguna lesión y/o daño por el uso del contenido de esta revista. Los conceptos y opiniones expresados en los artículos son responsabilidad exclusiva de los autores.

Indexación y Bases de datos

BISTUA está admitida en:

PUBLINDEX, Sistema Nacional de Indexación y Homologación de Revistas Especializadas CT+I, Categoría C (2022)



Contacto Editorial

Jorge Enrique Rueda - PhD

Editor / Profesor Titular

Departamento de Física

Facultad de Ciencias Básicas

Universidad de Pamplona

e-mail: jruedap2003@unipamplona.edu.co

BISTUA

Revista de la Facultad de Ciencias Básicas



Equipo Editorial

Editor

Jorge Enrique Rueda Parada / Doctor en Ciencias-Física
Departamento de Física
Facultad de Ciencias Básicas
Universidad de Pamplona, Colombia

Comité Editorial

Ángel Rodrigo Salazar Martínez / Doctor en Ciencias -Física
Universidad Pontificia Bolivariana, Colombia

Luis Alberto Nuñez - / Doctor en Ciencias
Universidad Industrial de Santander, Colombia

Pierre Pellat Finet / Docteur és Sciences
Université de Bretagne Sud, Francia

Diana Alexandra Torres / Doctora en Ciencias - Química
Universidad de Pamplona, Colombia

Comité Científico

Javier Mateo Oyagüe / Doctor en Ciencias y Tecnología de Alimentos
Universidad de León, España

Nelson Humberto Hurtado / Doctor en Ciencias Químicas
Universidad de Nariño, Colombia

Hernando García / Applied Physics Ph.D.
Southern Illinois University, EE. UU.

Carlos Alberto Ríos Reyes / Doctor en Ciencias Aplicadas
Universidad Industrial de Santander, Colombia

Giovanni Orlando Cancino / Doctor en Ciencias-Biotecnología Vegetal
Universidad de Pamplona, Colombia



Pares Evaluadores / Volumen 20, No.1 y 2

Álvaro de la Cruz Correa Arroyave

Universidad Santo Tomás, Bogotá, Colombia

Aurora Lisette Carreño Otero

Universidad Industrial de Santander, Colombia

Fausto Alejandro Marín Güiza

Universidad Industrial de Santander, Colombia

Diego Fernando Montaña Montoya

Universidad de Pamplona, Colombia

Eliseo Amado González

Universidad de Pamplona, Colombia

Aldemar Alberto Acevedo Rincón

Lab. de Genética y Evolución, Universidad de Chile

Carlos David Zuluaga Ríos

Institución Universitaria Pascual Bravo, Colombia

Seir Antonio Salazar Mercado

Universidad Francisco de Paula Santander, Colombia

Juan David Vásquez Jaramillo

Universidad de Pamplona, Colombia

Heiber Cárdenas Henao

Universidad del Valle, Colombia

Iván Meléndez Gélvez

Universidad de Pamplona, Colombia

Edilberto Arroyo Ortiz

Universidad de Sucre, Colombia

Carlos José Torres López

Universidad del Trujillo, Trujillo, Perú

Ana Ramírez

Universidad Industrial de Santander, Colombia

Jarol Derley Ramón Valencia

Universidad de Pamplona, Colombia

Yesika Rojas Savogal

Universidad del Atlántico, Colombia

Liliana Solano Flórez

Universidad de Sucre, Colombia

Antistio Anibal Alviz Amador

Universidad de Cartagena, Colombia

Luis Parmenio Suescún Bolívar

Universidad de Santiago de Cali, Colombia

Carlos Andrés Granados Ortiz

Universidad Nacional Abierta Distancia, Colombia

Arnaldo de la barrera correa

Universidad de Pamplona, Colombia

Rithert Walter Mahecha

Escuela de Ingeniero Militares, Colombia

Mauricio Figueroa Lozano

Universidad de Pamplona, Colombia

Nelson Fernández

Universidad de Pamplona, Colombia

Jorge Enrique Fonseca Becerra

Escuela De Ingenieros Militares, Colombia



Contenido / BISTUA, Vol. 20, N°. 2 (2022)

Perfil genético de la paloma doméstica *Columba livia* utilizando genes asociados al color del plumaje en Cotorra-Córdoba, Colombia

*Genetic profile of the domestic pigeon *Columba livia* using genes associated with plumage color in Cotorra-Córdoba, Colombia*

Adrian E. Rodríguez de la Barrera; Luis Causil Vargas. Páginas 9-15

Modelo de deslizamientos de tierra usando OpenFOAM aplicado a la zona de Pamplona, Colombia

Landslide model using OpenFOAM applied to the area of Pamplona, Colombia

Edwin Acevedo; Francisco Cabrera; Juan Carlos Serrano Rico. Páginas 16-21

Acoplamiento molecular de derivados de la 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c] quinolina como inhibidores de la Topoisomerasa 1 y PARP 1

Molecular docking of 6-(pyridin)-7H-indeno[2,1-c] quinolines derivatives as Topoisomerase 1 and PARP 1 inhibitors

Cristian C. Bernal. Páginas 22-28

Conexidad, compacidad y axiomas de separación vía conjuntos (i,j) - α^m -abiertos en espacios bitopológicos

Connected, Compactness and separation axioms via (i,j) - α^m -open sets in bitopological spaces.

Carlos Granados; Eduin Rodríguez; Judith Bermúdez. Páginas 29-34

Kernels equivalentes, relación dual y aplicaciones

Equivalent kernels, dual relation, and applications

Arnaldo De La Barrera; Elgar Gualdrón; Osmin Ferrer. Páginas 35-42

Aplicación de una función límite de distribución hipergeométrica negativa en la valoración de opciones

Application of a limit function of negative hypergeometric distribution in option pricing

Samson O. Egege; Bright O. Osu; Carlos Granados. Páginas 43-47



Perfil genético de la paloma doméstica *Columba livia* utilizando genes asociados al color del plumaje en Cotorra-Córdoba, Colombia

Genetic profile of the domestic pigeon *Columba livia* using genes associated with plumage color in Cotorra-Córdoba, Colombia

Adrian E. Rodríguez de la Barrera ^a; Luis Causil Vargas ^b

^a Escuela Normal Superior Santa Teresita, Colombia

^b Universidad de Córdoba, Colombia

Correspondencia: adrian.norssate@gmail.com

Recibido: Septiembre 01, 2022. Aceptado: Septiembre 30, 2022. Publicado: Octubre 27, 2022

Resumen

El objetivo de la investigación fue analizar el perfil genético de la paloma doméstica *Columba livia* utilizando genes asociados al color del plumaje en Cotorra-Córdoba, Colombia. Se muestrearon cinco subpoblaciones, los muestreos aleatorios se desarrollaron entre enero y febrero del 2019, mediante excursiones urbanas, observación directa y con ayuda de registros fotográficos. Se utilizaron los marcadores autosómicos que codifican la coloración y diseño del plumaje: *Grizzle (G)*; *Spread (S)*; *Checker (C)* y *Ash-Red (B)* ligado al sexo. Los perfiles genéticos se calcularon con los siguientes índices genético-poblacionales: frecuencias alélicas, diversidad genética, heterocigocidad esperada, heterocigocidad esperada de la población total, coeficiente de diferenciación genética, flujo génico, distancias genéticas entre las subpoblaciones muestreadas, los anteriores parámetros se estimaron utilizando el programa PopGene 1.31. El número de alelos por locus e índice de Shannon se calculó mediante el programa FSTAT v 2.9.3.2. Se dibujó un dendrograma empleando el programa MEGA 5.2. Los locus *Spread* y *Checker* fueron los de frecuencias más altas, por el contrario, *Ash-red* arrojó los valores bajos, la diferenciación genética fue insuficiente entre las subpoblaciones y un elevado flujo genético, configurando un mismo perfil genético para esta población de palomas domésticas. Se sugiere posibles ventajas de la selección natural asociadas a rendimiento reproductivo y mejorías fisiológicas

Abstract

The objective of the research was to analyze the genetic profile of the domestic pigeon *Columba livia* using genes associated with plumage color in Cotorra-Córdoba, Colombia. Five subpopulations were sampled, the random samples were developed between January and February 2019, through urban excursions, direct observation and with the help of photographic records. Autosomal markers that encode plumage coloration and pattern were used: *Grizzle (G)*; *Spread (S)*; *Checker (C)* and *Ash-Red (B)* linked to sex. Genetic profiles were calculated with the following genetic-population indices: allelic frequencies, genetic diversity, expected heterozygosity, expected heterozygosity of the total population, genetic differentiation coefficient, gene flow, genetic distances between subpopulations, were estimated using the PopGene program. 1.31. The number of alleles per locus and Shannon's index was calculated using the FSTAT v 2.9.3.2 program. A dendrogram was drawn using the MEGA 5.2 program. The *Spread* and *Checker* loci were the ones with the highest frequencies, on the contrary *Ash-red* showed the lowest values, the genetic differentiation was insufficient between the subpopulations and a high gene flow, configuring the same genetic profile for this population of domestic pigeons. Possible advantages of natural selection associated with reproductive performance and physiological improvements are suggested.

Palabras clave: perfil genético; frecuencias alélicas; flujo génico

Keywords: genetic profile; allelic frequencies; gene flow.

1. Introducción

El proceso de Domesticación de las palomas *Columba livia* (Columbidae) se efectuó en el medio Oriente seguramente en el periodo Neolítico donde paralelamente se establecieron más de 350 razas domésticas [1]. Los marcadores fenotípicos en palomas domésticas son utilizados

en genética de poblaciones para extraer información de frecuencias alélicas y aprender acerca de factores como el apareamiento aleatorio y relación entre poblaciones [2], por lo tanto esta especie puede aportar valiosa información sobre los patrones genéticos del color especialmente en ejemplares con fenotipo diverso [3].

En aves se ha encontrado que el rasgo de pigmentación responde a una variación de la secuencia de codificación en el gen del receptor de Melanocortina (*Mcr1r*) estas variantes activas o nulas eliminan los patrones de color producidos por cambios de pigmentos eumelaninas-feomelaninas [4], los colores del plumaje se expresan como una combinación de estructura y colores químicos, el color estructural es producido por la reflexión de la luz que depende de la estructura física de la pluma; el color químico es el resultado de pigmentos [5]. La codificación de la pigmentación de la melanina tiene incidencias pleiotrópicas y adaptativas en la paloma doméstica, de modo que se cree que individuos con diferentes colores están adaptados a entornos variados [6], además, estas variaciones fenotípicas del plumaje presentan un apreciable interés científico debido a que en términos evolutivos estos rasgos genéticos permiten determinar procesos de camuflaje, atracción de parejas sexuales y para los criadores posibles ventajas de selección artificial [7]

La paloma doméstica (*C. livia*) es un ejemplo clásico de variación fenotípica formada por selección natural, con multitud de colores y patrones de color, estas aves revelan una oportunidad excepcional para comprender las bases genéticas de los atributos de la pigmentación e historia natural de la especie [8]. En este estudio se usaron los colores del plumaje y patrones de las alas producidos por cuatro sistemas de alelos primarios: *Checker*, *Ash-Red*, *Grizzle* y *Spread* [9].

En Colombia se han reportado tres estudios atinentes a la estructura genética poblacional de la paloma doméstica, el primero realizado en Bogotá con 3384 individuos distribuidos en 28 colonias, encontrando como resultados alto intercambio genético entre estas subpoblaciones [9]; En Lorica, se utilizaron 6 colonias y una muestra poblacional de 336 palomas, se localizó posible selección natural para los marcadores melanóticos [10] y en San Antero se estudió la diversidad genética usando genes polimórficos asociados al color del plumaje obteniendo que los marcadores más oscuros tienen ventajas selectivas y reproductivas [6]

Existe poca información en esta zona del país, que indiquen los sucesos adaptativos que puedan estar relacionados con la selección natural de los marcadores melanóticos del plumaje y la historia natural de la especie. El objetivo de la investigación fue analizar el perfil genético de la paloma doméstica *Columba livia* utilizando genes asociados al color del plumaje en Cotorra-Córdoba, Colombia

2. Materiales y Métodos

2.1. Área de Estudio

El estudio se realizó en Cotorra, el municipio está ubicado en la Costa Norte de Colombia a $9^{\circ} 3' 41.539''$ N y $75^{\circ} 45'$

$40.164''$ W y tiene una temperatura promedio de 28°C . Se muestrearon cinco subpoblaciones ubicadas en los sitios de Iglesia Central, El Carmen, San Roque, Zarabanda y las Arepas (Figura 1)



Figura 1. Subpoblaciones de palomas domésticas muestreadas en Cotorra-Córdoba, Colombia [Tomadas de Google -Map]

2.2. Obtención de datos

Los muestreos aleatorios se desarrollaron entre Enero y Febrero del 2019, se escogieron cinco subpoblaciones del Municipio de Cotorra, mediante excursiones urbanas, con observación directa y con ayuda de registros fotográficos, en horas de la mañana (6:00am a 9:00am) se hizo una clasificación fenotípica de cada uno de los individuos adultos encontrados ($n=321$), atendiendo a la presencia o ausencia de los marcadores autosómicos (Tabla 1): Grizzle (G); Spread (S); Checker (C) y Ash-Red (B) ligado al sexo; se eliminaron todos aquellos registros de individuos de los cuales no había seguridad de que no habían sido observados primeramente;

se construyó una base de datos y los resultados fueron analizados con diferentes estadísticos.

2.3. Diseño estadístico

Los perfiles genéticos de la población de Palomas doméstica se calcularon con los siguientes índices genético-poblacionales: frecuencias alélicas de cada marcador a nivel poblacional y global, así mismo las medidas de diversidad genética [11]; correspondiente a la heterocigocidad esperada (He), heterocigocidad esperada de la población total (HT), coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}), flujo génico (Nm), , distancias genéticas entre las subpoblaciones, se estimaron utilizando el programas PopGene 1.31 [12]. El número de alelos por locus e índice de Shannon (I) se calculó mediante el programa FSTAT v 2.9.3.2 [13]. Además, a partir de los cálculos de PopGene se dibujó un dendrograma con la distancia genética de Nei (1972) y el método de agrupación de pares por media aritmética no ponderada, UPGMA, con el programa MEGA 5.2 [14]

3. Resultados

Se muestrearon un total de 321 individuos distribuidos en cinco subpoblaciones, Iglesia Central (n=91), El Carmen (n=53), San Roque (n=69), Zarabanda (n=45) y Las Arepas (n=63)

3.1. Frecuencias alélicas

Las frecuencias alélicas para cada subpoblación (Tabla 2), evidencia que el marcador *Spread* (p=0.4070) fue el más frecuente, seguido de *Checker* (p=0.3842); mientras que *Ash-Red* evidenció los valores más bajos (p=0.1241)

Locus	Alelos	característica
<i>Grizzle</i> (gen autosómico)	G	Mutante, produce machas blancas extendidas alrededor de la cabeza o el cuerpo de la paloma.
	g	Silvestre, sin machas blancas.
<i>Spread</i> (gen autosómico)	S	Mutante, origina palomas negras.
	s	Silvestre, palomas no negras.
<i>Checker</i> (gen autosómico)	C	Mutante, produce un patrón de manchas triangulares gris claro o azul, sobre fondo oscuro en el dorso de las alas.
	c	Silvestre, sin machas triangulares.
<i>Ash-Red</i> (gen ligado al sexo)	B	Mutante, produce palomas rojas.
	b	Silvestre, origina palomas no rojas

Grizzle (G); *Spread* (S); *Checker* (C) y *Ash-Red* (B)

3.2. Diversidad genética

La heterocigocidad esperada más alta se encontró en el marcador *Spred* con un valor de 0.4933 y la más baja para el marcador *Ash-Red* con un valor de 0.1262 (Tabla 3). Los valores de heterocigocidad observada fueron bajos, oscilaron entre un máximo de 0.2558 para el marcador *Spread* y un mínimo de 0.0159 para los marcadores *Grizzle*. En cada marcador el nivel medio de variabilidad genética fue relativamente bajo

3.3. Coeficiente de diferenciación genética.

El nivel de diferenciación genética entre las distintas subpoblaciones de palomas domésticas (*Columba livia*) en las subpoblaciones de Cotorra fue relativamente bajo, G_{ST} =0.041, (Tabla 4) lo que indica que aproximadamente el 4,1% de la variación revelada se debe a diferencia entre las poblaciones, por tanto, las cinco subpoblaciones no fueron significativamente diferentes para los marcadores estudiados.

Tabla 2. Frecuencias alélicas de cada marcador en las poblaciones estudiadas.

Poblaciones	Locus			
	G	S	C	B
Iglesia Central	0.3516	0.4000	0.3710	0.1290
El Carmen	0.3333	0.4211	0.5263	0.0877
San Roque	0.1932	0.3667	0.4773	0.0568
Zarabanda	0.2596	0.5673	0.3269	0.0673
Las arepas	0.2799	0.2799	0.2799	0.2799
Total	0.2835	0.4070	0.3842	0.1241

G: *Grizzle*; S: *Spread*; C: *Checker*; B: *Ash-Red*.

El valor de flujo génico (Nm=3.158), evidencia que las subpoblaciones mantienen un grado significativo de intercambio genético, asumiéndose un total aproximado de 3 migrantes por generación, el valor obtenido está por encima de 1, lo que demuestra que las subpoblaciones se comportan como una sola, de modo que propone que para su mejor análisis y comprensión dinámica espacio-temporal no se debería realizar una subestructura de la población debido a que todas ellas se comportan como una sola población

Tabla 3. Índice de diversidad genética de Nei (1973) en cada marcador a través de la Heterocigosis esperada (He) heterocigosidad observada (Ho) y p-value para cada marcador.

Locus	He	Ho	P- value
<i>Grizzle</i>	0.3863	0.0159	0.1132
<i>Spread</i>	0.4933	0.2558	0.1624
<i>Checker</i>	0.4422	0.1164	0.1541
<i>Ash-Red</i>	0.1262	0.0178	0.1530
Promedio	0.3620	0.1014	0.1481

3.4. Índice de diversidad.

El índice de diversidad de Shannon, que cuantifica la biodiversidad específica, presento un promedio de 0,5512; su valor más alto se localizó en el marcador *Spread* con un valor de 0.6904, ya que es el marcador con mayor numero alelos (entendiendo que cada marcador representa un locus distinto); y el valor más bajo del índice fue para el marcador *Ash-Red* con un número de 0.2644 (Tabla 5).

Tabla 4. Coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}) y flujo génico (Nm) en Cotorra.

G_{ST}	Nm
0.041	3.158

3.5. Distancias Genética

La distancia genética entre las subpoblaciones fue baja, siendo Iglesia Central y el Carmen las subpoblaciones más cercanas, mientras que las subpoblaciones Iglesia Central y las Arepas resultaron ser las de mayor diferencia génica (Tabla 6)

Tabla 5. número de alelos e índice de Shannon por cada locus

Locus	Número de alelos	Índice de Shannon
<i>Ash-Red</i>	1.1593	0.2644
<i>Grizle</i>	1.6206	0.5710
<i>Spread</i>	1.9891	0.6904
<i>Checker</i>	1.9453	0.6790
Promedio	1.6785	0,5512

El dendrograma (*figura 2*) evidencia la similitud genética entre las subpoblaciones Iglesia Central y el Carmen a las cuales se asocia la subpoblación San Roque, luego Zarabanda y las Arepas; por otro lado, la subpoblación de las Arepas se mantuvo alejada de las demás, pero con un valor poco significativo de distancia que nos permite inferir que las poblaciones en conjunto están muy relacionadas

Tabla 6. Matriz de distancia genética (Nei, 1972) entre las poblaciones.

	1	2	3	4	5	6
1	--					
2	.0195	--				
3	.0389	.0139	--			
4	.0183	.0181	.0218	--		
5	.0583	.0487	.0420	.011	--	
6						--

1: Iglesia Central; 2: El Carmen.; 3: San Roque.; 4: Zarabanda; 5: Las arepas

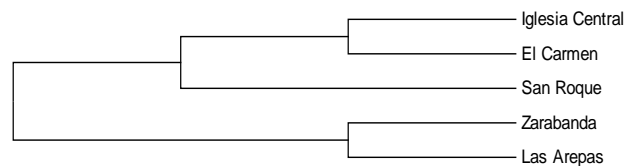


Figura 2. Dendrograma de neighbor-joining elaborado para las subpoblaciones de Cotorra usando cuatro marcadores genéticos y la distancia genética D de Nei (1972)

4. Discusión

Los resultados adquiridos en esta investigación son concordantes con otros estudios (Čanádý & Mošanský, 2013; Pardo et al., 2015; Rodríguez et al., 2019) y corresponden con la elevada frecuencia de los genes *Spread* y *Checker*. El predominio de los genes oscuros en las subpoblaciones de palomas domesticas se puede explicar por el hecho de que el municipio de Cotorra es una población relativamente pequeña y esto podría favorecer el efecto selectivo de la población de palomas domesticas en esta zona conservando con esto sus frecuencias alélicas, probablemente por la resistencia a la intromisión de alelos extranjeros, es decir es posible que estos genes melanóticos consiguieran fijar su presencia poblacional en localidad de forma aleatoria y generar con esto frecuencias altas [2], en ese sentido existen estudios que reportan que la paloma doméstica no tiene grandes movimiento diarios de modo que estos ejemplares tendrían seguramente poca posibilidad de experimentar cambios severos en sus frecuencias alélicas [15], otras hipótesis señalan que existe relación entre la fijación de estos genes fenotípicos y el éxito rendimiento reproductivo, ya que se cree que los individuos más oscuros tienen temporadas más largas de reproducción, lo que garantiza un mayor número de crías de estos fenotipos en la población [16], por otro lado, investigaciones enfocadas en determinar la relación huésped-parasito y la exposición de metales traza y en el plumaje de la coloración reportan que posiblemente exista ventajas adaptativas de las palomas con coloración oscura con respecto a aquellas con coloraciones más claras esto podría estar aconteciendo en estas aves debido a que la individuos más oscuros exhiben una cantidad considerable de células T como mecanismo de respuesta cutánea ante los ataques de los parásitos haciéndolos más resistente y con mayor probabilidad de sobrevivencia; caso contrario para el caso de las palomas con colores más pálidos [17], lo anterior entonces es probable que constituya los factores pleiotrópicos por los cuales las frecuencias alélicas de estos marcadores más oscuros se están fijando en esta Localidad. Previamente en estudios recientes se reportaron que estas consideraciones de inmunidad a parásitos y la gran producción de huevos en largas temporadas al año, fueran generalmente consecuente con la zona donde se realizó el estudio, lo que puede explicar los eventos selectivos de estos genes polimórficos [6]. Algunos estudios genéticos aseveran que seguramente los patrones de colores melanóticos del plumaje (regulados por docena de variantes *Mc1r*) podrían estar induciendo una activación oscurecedora del gen del receptor de Melanocortina en las poblaciones de palomas domésticas, aunque no se podría considerar lo anterior como un aspecto de apoyo, ya que es posible que *Mc1r* no genere cambios de feomelanina-eumelanina en el plumaje como acontece en otros taxones [4], los efectos fisiológicos de este receptor en aves aún no está del todo develado, debido a que se sabe poco acerca de su origen evolutivo [18].

El alto grado de flujo genético permite apoyar la explicación acerca de un grado de asilamiento de esta población de

palomas domésticas dado que geográficamente el municipio dispone de una separación en tramos de distancias relativas con los centros urbanos más contiguos, lo cual ha causado posiblemente eventos de agrupamiento poblacional y las barreras entre las subpoblaciones de estas aves en la zona se han mantenido fuertes, figurando con esto, el mismo acervo genético generación tras generaciones [19]

El grado de diferenciación genética fue bajo ($G_{ST}= 0.041$), investigaciones han reportado que la distancia de dispersión de palomas juveniles es de 93 m, más concretamente estos ejemplares mantienen una grado de relación con otros individuos en un radio de 25km; por fuera de este rango la relación disminuye, con todo es posible que el impacto de la urbanización en el municipio pueda depender de las estrategias específicas de supervivencia y de la historia natural de la especie [20], en tal sentido es posible que estas cercanías hayan originado procesos de endogamia local, del mismo modo estudios han reportado que en las poblaciones de palomas los individuos seleccionan sexualmente compañeras con genotipos parecidos, generando caso raros en donde al momento de la elección los machos hacen reconocimiento individual de parejas basado en olores [21]. Es probable que, en poblaciones pequeñas históricamente consanguíneas, los alelos puedan purgarse más rápido después de su primera aparición, cercandando así, la cantidad de fusión mutacional lo que podría configurar un perfil genético en la localidad [22]

El índice de Shannon para los cuatro marcadores presento valores pequeños, probablemente estos valores indiquen que la población contiene solo una pequeña fracción de la diversidad genética de la especie [23], lo que se manifiesta por la elevada proporción de alelos raros y privados, lo anterior posiblemente puede estar asociado a un proceso de erosión genética que ha ocasionado la pérdida de alelos en esta población [24].

Las distancias genéticas entre las cinco subpoblaciones, primordialmente la cercanía geográfica entre la subpoblación Iglesia Central y El Carmen se explicarían por el movimiento significativo de estos marcadores entre colonias, consiguiendo obtener con esto un alto flujo genético en la población de palomas, consecuentemente se cree que los individuos de estas poblaciones presentan mayor riesgo de vuelo de una población cercana a otra, lo que genera mayor grado de confianza, de modo que posiblemente repercutió en su adaptación en localidad [6], esta dinámica poblacional es invariable debido a que geográficamente en el municipio de Cotorra existen parches no ideales-habitables lo cual revela que seguramente el tipo de población de palomas domesticas de esta zona presenta un mosaico, por tanto la población de palomas evidencia posiblemente un mismo perfil genético. El dendrograma demostró la semejanza genética entre las subpoblaciones de Iglesia central y El Carmen, en consecuencia, es posible que se estén presentando eventos de intercambio de genes y esto estaría estrechando las relaciones

genéticas entre estas dos poblaciones [25], lo cual podría deberse a la cercanía geográfica ya que Cotorra es una Localidad relativamente pequeña.

5. Conclusión

El marcador fenotípico *Spread* probablemente debido a las ventajas de la selección natural podría estar asociado a rendimiento reproductivo y ciertas ventajas fisiológicas. A nivel de las subpoblaciones la diferenciación genética demuestra que entre estas colonias existe intercambio genético, revelando las semejanzas en patrones genéticos en la población de palomas en este municipio. La diversidad genética revela que la población mantiene flujo genético significativo razón que se explica por la geografía de la zona. El dendrograma demostró que existe semejanza genética entre las subpoblaciones de Iglesia central y El Carmen, en consecuencia, eventos de intercambio de genes están estrechando las relaciones genéticas entre estas subpoblaciones.

Reconocimientos

Los Autores hacen agradecimiento especial a la estudiante Julieth Doria, alumna de la Escuela Normal Superior Santa Teresita de Lorica por facilitar el proceso de muestreo.

Referencias

- [1] Ma et al., «Análisis de ARN largos no codificantes y ARNm asociados con la lactancia en la cosecha de palomas (*Columba livia*)», *Genes*, pp. 11 (2), 201. <https://doi.org/10.3390/genes11020201>, 2020.
- [2] M. R. F. G. R. y. C. H. Peñuela, «Inferencia genética transcontinental de poblaciones de palomas urbanas utilizando marcadores fenotípicos», *Avian Biology Research*, pp. 12 (4), 152-162. <https://doi.org/10.1177%2F1758155919866550>, 2019.
- [3] R. V. H. H. O. E. J. K. Z. M. E. Y. M. & S. M. D. Bruders, «A copy number variant is associated with a spectrum of pigmentation patterns in the rock pigeon (*Columba livia*)», *PLoS genetics*, pp. 16(5), e1008274. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008274>. <https://doi.org/10.1101/792945>, 2020.
- [4] S. & C. R. L. Krishnan, «Effects of mutations in pigeon Mc1r implicate an expanded plumage color patterning regulatory network», *bioRxiv*, p. 792945., 2019.
- [5] L. Soletto, «Estudios de estructura-actividad de la interacción entre el receptor de melanocortinas tipo 4 (MC4R) y las proteínas accesorias de los receptores de melanocortinas (MRAPs) e implicación de las melanocortinas en la regulación de los ritmos circadianos de a.» ([Tesis de Doctorado, Universidad Católica]. Repositorio Institucional – Universidad Católica, 2020.
- [6] A. C. L. y. C. O. Rodríguez, «Determinación de la diversidad genética de la paloma doméstica *Columba livia* (Columbidae) a partir de genes polimórficos asociados con el color del plumaje en San Antero, Córdoba, Colombia», *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, pp. 43(166), 78-83. <https://doi.org/10.18257/raccefyn.794>, 2019.
- [7] E. H. J. W. T. F. C. D. J. K. J. ... & H. J. Domyan, «SOX10 regula múltiples genes para dirigir la producción de eumelanina versus feomelanina en la paloma doméstica», *Investigación de células pigmentarias y melanoma*, pp. 32 (5), 634-642. <https://doi.org/10.1111/pcmr.12778>, 2019.
- [8] A. y. L. G. Linderholm, «El papel de los humanos en facilitar y mantener la variación del color del pelaje en animales domésticos.» *En Seminarios en biología celular y del desarrollo*, pp. (Vol. 24, No. 6-7, pp. 587-593). Prensia Académica, 2013.
- [9] E. C. T. & A. G. Pardo, «Análisis de la diversidad genética de la paloma doméstica (*Columba livia*) en Bogotá, Colombia utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje.» *BISTUA REVISTA DE LA FACULTAD DE CIENCIAS BASICAS*, pp. 13(1), 35-45. http://revistas.unipamplona.edu.co/ojs_viceinves/index.php/BISTUA/article/view/1666/677, 2015.
- [10] Causil et al., «Diversidad genética de palomas domesticas (*Columba livia*) en Lorica, Colombia,utilizando genes que codifican la coloración del plumaje.» *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, pp. 27(3), 448-457. <http://biociencias.unach.mx/ibciencias/doc/volumen2articulo1>, 2016.
- [11] M. Nei, «Genetic distance between populations», *Amer Natur*, pp. 106: 283-292., 1972.
- [12] F. Y. R. & B. T. Yeh, «Microsoft Windows-based free ware for population genetic analysis (Release 1.31)», *University of Alberta, Edmonton*, pp. p. 1-3., 1999.
- [13] J. Goudet, «FSTAT 2.9. 3: A program to estimate and test», *Lausanne: Switzerland*, pp. p. 485-486., 2002.
- [14] Tamura et al., «MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods», *Mol Biol Evol*, pp. 28: 2731-2739., 2011.
- [15] E. N. P. & H.-W. D. Rose, «Spatio-temporal use of the urban habitat by feral pigeons (*Columba livia*)», *Behavioral Ecology and Sociobiology*, pp. 60(2), 242-254. <https://doi.org/10.1007/>, 2006.
- [16] Vickrey et al., «La introgresión de alelos reguladores y una mutación codificadora sin sentido impulsan la diversidad del patrón de plumaje en la paloma bravía», *Elife*, pp. 7 , e34803., 2018.
- [17] Chatelain et al., «Los metales traza, la pigmentación a base de melanina y su interacción influyen en los parámetros inmunológicos de las palomas salvajes (*Columba livia*)», *Ecotoxicología*, pp. 25 (3), 521-529. <https://sci-hub.se/10.1007/s10646-016-1610-5>, 2016.
- [18] Makarova et al., «Molecular-genetic bases of plumage coloring in chicken.» *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, pp. 23(3), 343-354. <http://dx.doi.org/10.18699/VJ19.499>, 2019.
- [19] Biala et al., «Diversidad genética en ocho razas puras y forma urbana de paloma doméstica (*Columba livia* var. *Domestica*) basada en siete loci de microsatélites», *J. Anim. Planta. Sci.*, pp. 25 , 1741-1745. https://www.researchgate.net/profile/Andrzej-Dybus/publication/289325753_Genetic_diversity_in_eight_pure_breeds_and_urban_form_of_domestic_pigeon_Columba_livia_var_domestica_based_on_seven_microsatellite_loci/links/568b833108ae1e63f1fd01f2, 2015.
- [20] E. Carlen y S. Munshi, «Conectividad genética generalizada de palomas salvajes en la megaciudad del noreste.» *Aplicaciones evolutivas*, p. <https://doi.org/10.1111/eva.12972>, 2020.
- [21] Zhang et al., «Do major roads reduce gene flow in urban bird populations?», *PLoS ONE*, pp. 8(10), 1-7. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0077026>, 2013.
- [22] Cobo et al., «Comprender el carácter distintivo morfológico y genético de las palomas pouter españolas: el Pouter Marchenero como caso de estudio.» *Ibis*, pp. 162 (3), 766-777. <https://doi.org/10.1111/ibi.12797>, 2020.
- [23] Parraguirre et al., «Estructura de la diversidad Genética en poblaciones naturales de *pinus greggii* Engelm.» *Revista Fitotecnia Mexicana*, pp. 25(3), 279-287. <https://www.redalyc.org/pdf/610/61025308.pdf>, 2002.
- [24] Mathur et al., «Evidencia de erosión genética en una población periférica de un ave de caza de América del Norte: la codorniz

Montezuma (*Cyrtonyx montezumae*),» *Genética de la conservación*, pp. 20 (6), 1369-1381.
<https://link.springer.com/article/10.1007/s10592-019-01218-9>, 2019.

- [25] Causil et al., «Evaluación de la estructura genético poblacional del caballo criollo colombiano (*Equus caballus*) mediante genes del pelaje en el Bajo Sinú-Colombia,» *IBCIENCIA*, pp. 2 (1): 1-6, 2019.
- [26] A. & M. L. Čanády, «Population size and plumage polymorphism of feral pigeon (*Columba livia* forma urbana) from urban environment of Košice city (Slovakia),» *Zoology and Ecology*, pp. 23(2), 104-110., 2013.



Modelo de deslizamientos de tierra usando OpenFOAM aplicado a la zona de Pamplona, Colombia.

Landslide model using OpenFOAM applied to the area of Pamplona, Colombia.

Edwin Acevedo ^a; Francisco Cabrera ^a; Juan Carlos Serrano Rico ^b

^a Universidad de Pamplona, Grupo de investigación PANGEA, Colombia

^b Universidad de Pamplona, Programa Ingeniería Mecánica, GIMUP, Colombia

Correspondencia: edwin.acevedo@unipamplona.edu.co

Recibido: Junio 6, 2022 Aceptado: Octubre 1, 2022 Publicado: Octubre 26, 2022

Resumen

Eventos catastróficos tienen diferentes orígenes, algunos naturales y otros debido a fallas de instalaciones o equipos creados por el ser humano, entre los eventos catastróficos naturales están los deslizamientos de tierra. Es ampliamente conocido que los deslizamientos de tierra y los flujos de escombros son provocados por movimientos geológicos o por lluvias intensas. Debido a su configuración geológica, geomorfológica y climática, algunas regiones son más propensas a la ocurrencia de este tipo de fenómenos. En este campo, la investigación se ha concentrado en el desarrollo de tecnología para la predicción de los deslizamientos. En este trabajo se simula un deslizamiento de tierra superficial producto de lluvias en el cual el geo material involucrado en el deslizamiento puede modelarse como un fluido, se toma mediciones en terreno usando un mapa digital de elevación DEM y se obtiene los parámetros característicos del suelo mediante técnicas de prospección sísmica, finalmente se implementa un modelo reológico que se adapta a las condiciones del suelo y se usa el software OpenFOAM para modelar un deslizamiento de tierra en la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander, donde se muestra la extensión de propagación de un posible deslizamiento de tierra sobre la Universidad de Pamplona.

Palabras clave: Deslizamiento; Modelo; Flujo.

Abstract

Catastrophic events have different origins, some of them happened in natural way and some others due to failures in facility or equipment created by human beings. Among the natural catastrophic events are landslides. It is widely known that landslides and debris flows are triggered by geological movements or heavy rainfall. Due to their geological, geomorphological and climatic configuration, some regions are more prone to the happening of this type of phenomena. In this study field, research has focused on the development of landslide prediction technology. In this work, a superficial landslide product of rains is simulated in which the geomaterial involved in the landslide can be modeled as a fluid, measurements are taken on the ground spot using a digital DEM elevation map and the characteristic parameters of the soil are obtained by means of seismic prospecting techniques, finally a rheological model is implemented which adapts to soil conditions and the OpenFOAM software is used to model a landslide in the km 1 zone via Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander, where the extension of propagation of a possible landslide over the University of Pamplona is shown.

Keywords: Landslide; Model; Flux.

1. Introducción

Los deslizamientos de tierra a menudo ocasionan daños considerables en infraestructuras y pérdida de vidas humanas, es conocido que sobre todo en temporada de lluvias se presentan una gran cantidad de deslizamientos. El modelado de deslizamientos y avalanchas representa una herramienta para la comprensión de este tipo de fenómenos, además

permite explicar eventos pasados y gestionar riesgos futuros siendo fundamentales para el mapeo de zonas de peligro.

De acuerdo a [1], los movimientos en masa son definidos como desplazamientos descendentes de materiales que conforman un talud o ladera, que a su vez se encuentran compuestos de roca, suelo, detritos, rellenos artificiales o de la combinación de estos materiales, y que ocurren por efecto de la gravedad. La clasificación de estos eventos actualmente se rige por la naturaleza del proceso, escala, velocidad, el tipo de material involucrado, tamaño de las partículas, el mecanismo

de falla, entre otros cómo se menciona en [2]. En este trabajo se modela deslizamientos de masa superficiales tipo flujo, donde el geo material involucrado en el deslizamiento se puede considerar como un fluido, esto ocurre en los movimientos de ladera asociados a fuertes lluvias.

El modelo de flujo consta por un lado de las ecuaciones de conservación de masa, momentum y energía, que corresponde a las ecuaciones básicas de conservación y su reformulación en forma integral según [3], por otro lado, las ecuaciones constitutivas que completan las ecuaciones gobernantes teniendo en cuenta las propiedades reológicas del material en movimiento cómo se menciona en [4].

Se han propuesto métodos numéricos para solucionar las ecuaciones que describen el comportamiento de materiales sometidos a flujo, por ejemplo, en [5] se empleó la ecuación constitutiva elastoplástica para suelo arenoso no saturado en el modelo de flujo, en [6] se resuelve las ecuaciones de Navier Stokes y como cierre se usa el modelo constitutivo tipo Bingham para simular suelos arcillosos, en [7] se describe el comportamiento de deslizamientos tipo flujo y avalanchas mediante un esquema basado en [3], para la aplicación a flujos superficiales en terreno natural que es el enfoque de este trabajo.

Desde la primera aplicación del esquema de flujos superficiales que se atribuye a [3] el modelo mecánico ha sido continuamente mejorado y extendido a, superficies bidimensionales simples [8], superficies complejas poco profundas [9] o flujo curvo y retorcido [10]. Finalmente, los modelos respectivos se han adaptado al terreno natural, es decir, arbitrario, pero ligeramente curvado, lo que hace posible la simulación de casos reales de deslizamientos y avalanchas.

Existen varios métodos numéricos para resolver las respectivas ecuaciones gobernantes, básicamente, la mayoría de los métodos se pueden clasificar como métodos de diferencias finitas como los usados por ejemplo [11], métodos de elementos finitos por ejemplo [12], métodos de volumen finito [13] o como métodos de partículas lagrangianas [14]. El método de áreas finitas proporciona todos los operadores necesarios para esta clase de modelos. Esto permite una implementación relativamente sencilla.

Recientemente [15], propusieron un modelo de flujo granular superficial, como un problema matemático bidimensional integrando las respectivas ecuaciones de conservación. Esto da como resultado ecuaciones diferenciales parciales, expresadas en términos de gradientes a lo largo de la superficie sobre la cual viaja el flujo, expresado en términos de ecuaciones diferenciales parciales de superficie [16,17] presentaron una implementación de código abierto basada en el conjunto de herramientas CFD OpenFOAM®. El modelo mecánico subyacente es muy similar al modelo clásico de [3] y sus derivaciones.

El solucionador presentado en [15] implementa un modelo monofásico incompresible que incluye varios cierres de arrastre y fricción basal intercambiables, lo cual permite describir algunos tipos de flujo, por ejemplo, flujos granulares de acuerdo a [18], flujos de nieve, avalanchas según [19], también flujos de lodo y derrubios de acuerdo a [20], estos

modelos constitutivos pueden ser modificados o incluso es posible implementar nuevos modelos constitutivos para la descripción de diferentes flujos de acuerdo a las características reológicas.

La zona kilómetro 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander presenta una configuración geológica montañosa y los fuertes aguaceros han ocasionado constantemente deslizamientos en la vía que conduce de Pamplona a Bucaramanga por lo cual esta zona se considera ideal para la simulación de deslizamientos. En el terreno de estudio se identifica un área de liberación de acuerdo a la morfología de la zona y se mide parámetros característicos del suelo que permiten su descripción reológica para aplicar el modelo constitutivo de Voellmy [20], adicionalmente se toma datos de batimetría que contienen la topografía del terreno, teniendo en cuenta así parámetros in situ para una aproximación a la posible ocurrencia de deslizamientos en esta zona.

2. Modelo matemático

El solucionador empleando en OpenFOAM se llama *faSavageHutterFoam*, el cual se basa en un modelo de flujo integrado en profundidad similar al modelo de [3], la teoría de este solucionador es descrita por [15] y la aplicación a terreno natural ha sido desarrollada e implementada por [7]. El modelo describe un flujo granular de espesor h , velocidad promedio en profundidad $\bar{\mathbf{u}}$ y densidad ρ en un terreno complejo,

$$\frac{\partial h}{\partial t} + \nabla \cdot (h\bar{\mathbf{u}}) = S_e - S_d, \quad (1)$$

$$\frac{\partial (h\bar{\mathbf{u}})}{\partial t} + \nabla \cdot (h\bar{\mathbf{u}}\bar{\mathbf{u}}) = -\frac{1}{\rho}\boldsymbol{\tau}_b + h\mathbf{g}_s - \frac{1}{2\rho}\nabla s(hp_b), \quad (2)$$

$$\nabla_n \cdot (h\bar{\mathbf{u}}\bar{\mathbf{u}}) = h\mathbf{g}_n - \frac{1}{2}\rho\nabla_n(hp_b) - \frac{1}{\rho}\mathbf{n}_b p_b. \quad (3)$$

La Ec.(1) representa la conservación de la masa, la Ec.(2) la conservación del momentum tangencial superficial y la Ec.(3) el momentum normal superficial, \mathbf{g}_s es la aceleración gravitatoria tangencial superficial y \mathbf{g}_n la aceleración gravitacional normal superficial, \mathbf{n}_b es entonces el vector normal superficial. La tasa de arrastre volumétrico S_e , la tasa de deposición S_d y la fricción basal $\boldsymbol{\tau}_b$ se expresan como funciones locales de la velocidad integrada en profundidad $\bar{\mathbf{u}}$ y la presión basal p_b como se muestra en [7] y [15] y teniendo en cuenta el modelo constitutivo de acuerdo a las propiedades del flujo a modelar.

1.1 Modelo reológico

Las ecuaciones Ec.(1), Ec.(2) y Ec.(3) se complementan con la fricción basal $\boldsymbol{\tau}_b$ y el arrastre S_e , siguiendo el modelo

constitutivo de Voellmy [20], para la fricción basal se tiene:

$$|\tau_b| = \mu p + \frac{\rho g}{\xi} |\bar{u}|^2. \quad (4)$$

Donde $\mu = \tan(\phi)$ representa el coeficiente de fricción interna del suelo, para el caso específico se ha encontrado que el suelo de la zona tiene un ángulo de fricción $\phi = 18^\circ$, por lo tanto $\mu = 0.32$ y ξ es el coeficiente de turbulencia de Voellmy.

1.2 Modelo de arrastre

Este modelo de arrastre ha sido aplicado a flujos de derrubios y lodo como se muestra en [21], según este enfoque el arrastre se calcula a partir de consideraciones de estabilidad de la capa basal. La tasa de arrastre volumétrico S_e , se calcula como:

$$|S_e| = \frac{|\tau_b| - c - \mu P_b}{\rho(|g_n| - \mu|g_s|)}. \quad (5)$$

Donde c representa la cohesión, para el terreno en estudio este parámetro tiene un valor $c = 150kPa$.

3. Descripción del terreno

La zona kilómetro 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander presenta una geomorfología propensa a deslizamientos de tierra por sus pendientes y la composición del suelo. En la parte superior de la ladera se evidencia una serie de grietas en el suelo producto de la saturación del mismo efecto de acumulación de agua cómo se muestra en el recuadro de la Fig. 1.



Figura 1. Ortofotografía de la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander, coordenadas 1157934.6,1308667.6 SRC: EPSG 4326
Fuente: Autores.

El procesamiento previo de los datos se realiza principalmente a través de un Sistema de Información Geográfica (SIG), para el caso específico de usa la herramienta de código abierto QGIS. Los datos GIS se traducen a diccionarios OpenFOAM utilizando scripts de Python cómo se menciona en [7], de este modo es posible importar la topografía del terreno a partir de archivos ráster, el mapa digital de elevación DEM de la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander se muestra en la Fig. 2.

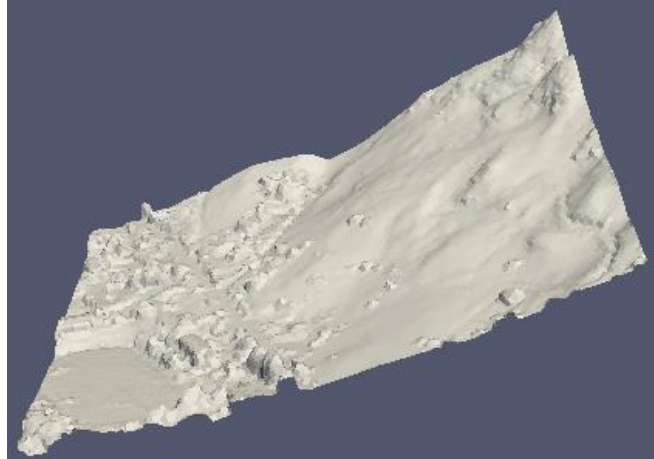


Figura 2. Mapa digital de elevación (DEM) de la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander
Fuente: Autores.

El DEM ha sido creado mediante la utilidad *gridToSTL* en el software OpenFOAM a partir de datos ráster tomados del terreno, este archivo conforma la geometría del problema, claramente se observa la topografía 3D de la zona en estudio.

4. Construcción del modelo

A partir del archivo DEM se genera una malla que cubre el volumen por encima y alrededor del terreno de interés, pero solo se utiliza la malla límite inferior que corresponde al terreno de la zona. Se usa la utilidad *pMesh* que aplica un modo dominado por polígonos con refinamientos cerca de las superficies relevantes como se muestra en la Fig. 3.

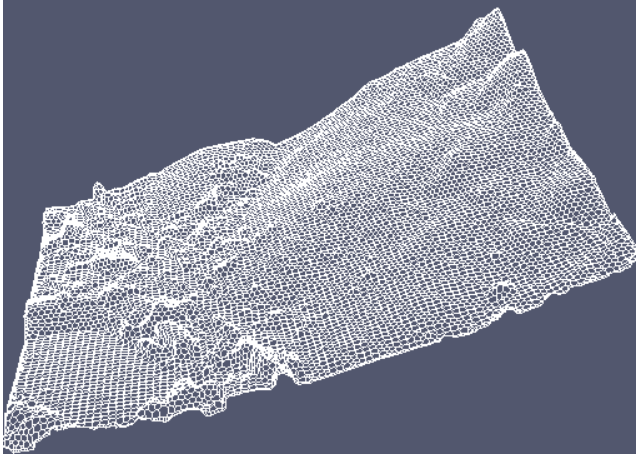


Figura 3. Mallado generado con *pMesh* sobre la geometría de la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander.

Fuente: Autores.

La utilidad *pMesh* es capaz de crear mallas de superficie suave de alta calidad, lo cual es necesario para la estabilidad del método de área finita. Este es un resultado significativo, considerando la topografía irregular del terreno montañoso y las estructuras como edificios y vías. Posteriormente se define una zona de deslizamiento en la parte superior de la ladera que se denomina área de liberación, una capa delgada de terreno que inicialmente entra en movimiento sobre la montaña cómo se muestra en la Fig. 4.

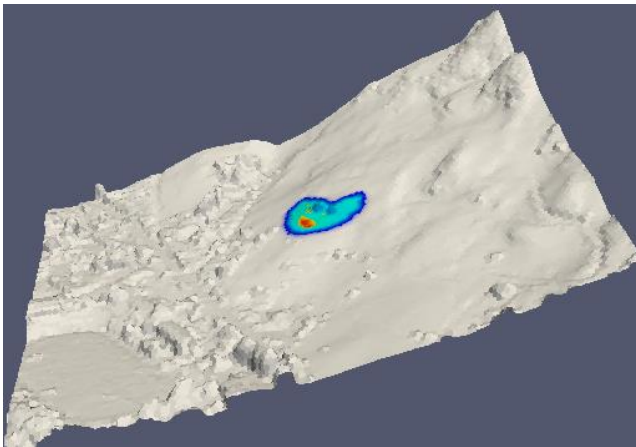


Figura 4. Área de liberación sobre la geometría de la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander

Fuente: Autores.

El deslizamiento de tierra se inicia por una liberación repentina de toda la capa de suelo en una región inestable. La corriente de turbidez es iniciada por un flujo de entrada, donde se establece una condición límite de Dirichlet. El resto de los límites se especifican como condiciones de contorno de Neumann., se pueden encontrar más detalles sobre la configuración de simulaciones en [15].

5. Resultados

Los siguientes resultados muestran la extensión de propagación de un posible deslizamiento de tierra en la zona kilómetro 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander, teniendo en cuentas datos de topografía del terreno y usando la caracterización de suelos de dicha zona para establecer parámetros del modelo. De acuerdo al área de liberación establecida la Fig. 4 se presenta el flujo temporal del descenso de geo material fluido a lo largo de la ladera

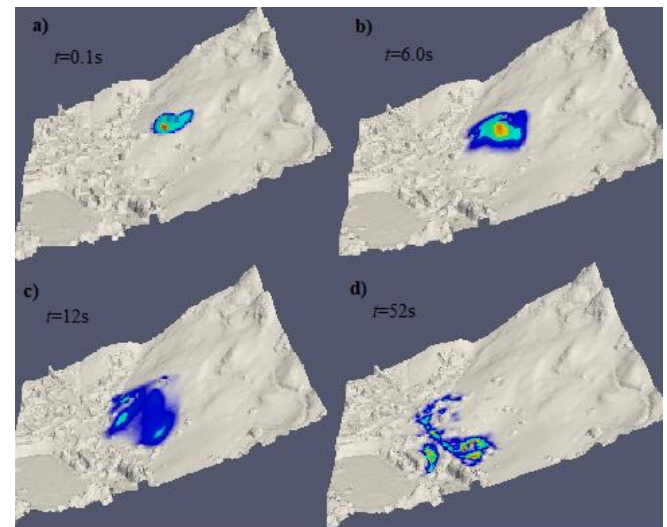


Figura 5. Serie temporal de Propagación y extensión de un posible deslizamiento en la zona, simulado con *faSavageHutterFoam* y visualizada en ParaView.

La Fig. 5 muestra la línea de tiempo de la simulación del deslizamiento realizado con OpenFOAM mediante la herramienta *faSavageHutterFoam*. La capa de terreno con un espesor de aproximadamente 1m se libera en $t = 0s$ y viaja cuesta abajo con una velocidad de hasta 4 m/s. De acuerdo a la simulación, el deslizamiento ocurre en 52 segundos y la zona de deposición se muestra en la Fig. 6, el espesor de material alcanza los 2.4 metros, cubre la carretera y una parte entra al campus de la Universidad de Pamplona como se muestra en la Fig. 7.

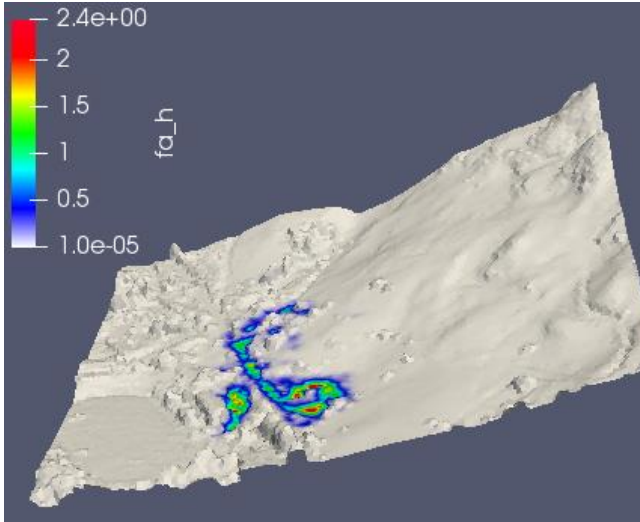


Figura 6. Extensión de propagación de un posible deslizamiento en la zona. La escala de colores representa el espesor del flujo fa_h en metros.

Fuente: Autores.

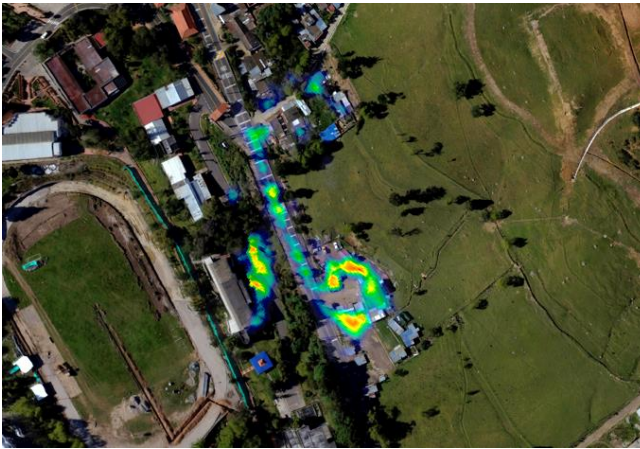


Figura 7. Deposición final del deslizamiento, muestra las viviendas e infraestructura afectadas.

Fuente: Autores.

La simulación se ejecutó en un procesador Intel(R) Core i5-7250U 16g RAM, gráficos NVIVIA GeForce 950MX.

6. Conclusiones

Los deslizamientos de tierra son comunes y variados, su comportamiento depende de muchos factores, principalmente de la variedad de materiales en flujo. El esquema presentado incluye los solucionadores y herramientas para configurar diversos tipos de flujos lo cual permite aplicar este esquema a varios tipos de deslizamientos y avalanchas mediante software de código abierto.

Se implementa un modelo de arrastre teniendo en cuenta los parámetros c y μ del suelo que permite describir el arrastre del geo material en flujo y se presenta la topografía

del terreno en un mapa de elevación digital, de acuerdo a la simulación, un deslizamiento de tierra podría presentarse en la zona km 1 vía Bucaramanga, Pamplona Norte de Santander y tener consecuencias significativas dependiendo del área de liberación inicial, cómo se muestra en la Fig. 6, el espesor de flujo alcanza alturas de 2.4 metros y la extensión incluye el campus de la Universidad de Pamplona y la vía nacional que comunica de Pamplona a Bucaramanga.

La simulación describe un flujo superficial lo cual es una buena aproximación a muchos deslizamientos ocasionados por lluvia y avalanchas sin embargo otros tipos de deslizamientos requieren una descripción en profundidad para obtener resultados satisfactorios.

El software OpenFOAM es una herramienta poderosa para la simulación de flujos, sin embargo, la generación de mallas y soluciones sobre superficies complejas tiene costo computacional elevado.

Referencias

- [1] Varnes, D. J. (1978). Slope movement types and processes. Special report, 176, (1978) 11-33.
- [2] Hungr, O., Leroueil, S., Picarelli, L., The Varnes classification of landslide types, an update. Landslides, 11 (2) (2013) 167-194. <https://doi.org/10.1007/s10346-013-0436-y>
- [3] Savage S.B., Hutter K., The motion of a finite mass of granular material down a rough incline. Journal of Fluid Mechanics, (1989) 177-215. <https://doi.org/10.1017/s0022112089000340>
- [4] De Blasio F. V., Introduction to the Physics of Landslides, Dordrecht: Springer Netherlands (2011) 88-107
- [5] Matsumaru T., Uzuoka R., Three-phase coupled analysis of unsaturated embankment subjected to rainfall infiltration and seismic motion, Unsaturated Soils: Research & Applications. CRC Press, (2014) 597-603. <https://doi.org/10.1201/b17034-83>
- [6] Moriguchi S., Yashima A., Sawada K., Uzuoka R., Ito M., Numerical simulation of flow failure of geomaterials based on fluid dynamics, Soils and Foundations, 45 (02) (2005) 155-165. https://doi.org/10.3208/sandf.45.2_155
- [7] Rauter M., Kofler A., Fellin W., faSavageHutterFOAM 1.0: depth-integrated simulation of dense snow avalanches on natural terrain with OpenFOAM. Geoscientific Model Development, 11(7), (2018) 2923-2939. <https://doi.org/10.5194/gmd-11-2923-2018>
- [8] Greve, R., Koch, T., Hutter, K.: Unconfined Flow of Granular Avalanches along a Partly Curved Surface. I. Theory, P. Roy. Soc. Lond. A Mat., 445, (1994) 399-413, <https://doi.org/10.1098/rspa.1994.0068>
- [9] JGray J. M. N. T., Tai Y.C., S. Noelle, Shock waves, dead zones and particle-free regions in rapid granular free-surface flows, Journal of Fluid Mechanics, 491 (2003) 161-181 <https://doi.org/10.1017/s0022112003005317>
- [10] Pudasaini S.P, Eckart W, Hutter K., Gravity-Driven rapid shear flows of dry granular masses in helically curved and twisted channels, Mathematical Models and Methods in Applied Sciences, 13 (07) (2003) 1019-1052. <https://doi.org/10.1142/s0218202503002805>
- [11] Wang, Y., Hutter, K., Pudasaini, S. P., The Savage-Hutter theory: A system of partial differential equations for avalanche flows of snow, debris, and mud, ZAMM-Z, 84 (8) (2004) 507-527. <https://doi.org/10.1002/zamm.200310123>

-
- [12] Hanert E., Le Roux D.Y., Legat V., Deleersnijder, E., An efficient Eulerian finite element method for the shallow water equations, *Ocean Model.*, 10 (2005) 115–136. <https://doi.org/10.1016/j.ocemod.2004.06.006>
- [13] Christen M., Kowalski J., Bartelt, P., RAMMS: Numerical simulation of dense snow avalanches in three-dimensional terrain, *Cold Reg. Sci. Technol.*, 63 (2010) 1–14. <https://doi.org/10.1016/j.coldregions.2010.04.005>
- [14] Sampl P., Granig M., Avalanche Simulation with SamosAT, in: *Proceedings of the International Snow Science Workshop, Davos*, 27 (2009) 519–523.
- [15] Rauter M., Tuković, Ž., A finite area scheme for shallow granular flows on three-dimensional surfaces. *Computers & Fluids*, 166 (2018) 184–199. <https://doi.org/10.1016/j.compfluid.2018.02.017>
- [16] Deckelnick K., Dziuk G., and Elliott, C. M., Computation of geometric partial differential equations and mean curvature flow, *Acta Numer.*, 14, (2005) 139–232. <https://doi.org/10.1017/S0962492904000224>
- [17] Tuković Ž., Jasak H., A moving mesh finite volume interface tracking method for surface tension dominated interfacial fluid flow, *Computers & Fluids*, 55 (2012) 70–84. <https://doi.org/10.1016/j.compfluid.2011.11.003>
- [18] Pouliquen O., Y. Forterre Y., Friction law for dense granular flows: Application to the motion of a mass down a rough inclined plane, *Journal of Fluid Mechanics*, vol. 453, (2002) 133–151, <https://doi.org/10.1017/s0022112001006796>
- [19] Jop P., Forterre Y., Pouliquen O., A constitutive law for dense granular flows, *Nature*, 441 (7094) (2006). 727–730, <https://doi.org/10.1038/nature04801>
- [20] Voellmy A., Über die Zerstörungskraft von Lawinen., *Schweizerische Bauzeitung* 73 (15).
- [21] Medina V., Hürlimann M., Bateman A., Application of FLATModel, a 2D finite volume code, to debris flows in the northeastern part of the Iberian Peninsula. *Landslides*, 5 (1) (2007) 127–142. <https://doi.org/10.1007/s10346-007-0102-3>



Acoplamiento molecular de derivados de la 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolina como inhibidores de la Topoisomerasa 1 y PARP 1

Molecular docking of 6-(pyridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolines derivatives as Topoisomerase 1 and PARP 1 inhibitors

Cristian C. Bernal

Escuela de Ciencias, Programa de Química-Instituto Universitario de la Paz, Barrancabermeja, Colombia

Correspondencia: cristian.bernal@unipaz.edu.co

Recibido: Septiembre 10, 2022. *Aceptado:* Octubre 14, 2022. *Publicado:* Octubre 26, 2022

Resumen

Una variedad de compuestos derivados de la 7H-indeno[2,1-c]quinolina han sido reportados ya que poseen propiedades anticáncer significativas. Sin embargo, los modos de acción aún no están claramente definidos. Se seleccionaron treinta derivados 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolínicos los cuales exhiben actividad anticáncer y fueron sometidos a cálculos de acoplamiento molecular usando AutoDock Vina. Para investigar preliminarmente las dianas moleculares potenciales y confirmar la prueba de actividad experimental para estos compuestos anticancerígenos, el acoplamiento se realizó utilizando dos enzimas involucradas en el ciclo celular y en la replicación del ADN, e.g topoisomerasa 1 y PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1). Los resultados de acoplamiento revelaron que la 6-(piridin-4-il)-7H-indeno[2,1-c]quinolina-2-carboxamida 1j exhibió una mejor interacción de unión que el conocido inhibidor (D7N) co-cristalizado dentro de la (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1). Por otro lado, la 2-fluoro-6-(piridin-2-il)-7H-indeno[2,1-c]quinolina 3e se unió mejor a la ADN topoisomerasa 1. Los resultados obtenidos son útiles para comprender las características estructurales necesarias para mejorar las actividades inhibitoras.

Palabras clave: Acoplamiento molecular, Topoisomerasa 1, PARP 1, Interacción Ligando-Proteína, indeno[2,1-c]quinolinas.

Abstract

A variety of compounds from 7H-indeno[2,1-c]quinoline derivatives have been reported to possess substantial anticancer properties. However, their modes of action have not been clearly defined. Selected thirty 6-(pyridin)-7H-indeno[2,1-c]quinoline derivatives that exhibit anticancer activity were subjected to docking simulations using AutoDock Vina. To preliminarily investigate the potential molecular targets and to confirm the experimental activity testing for these anticancer compounds, the docking was performed using two enzymes involved with cell cycle, and DNA replication, i.e., topoisomerase and 1 and PARP 1 (Poly [ADP-ribose] polymerase 1). The docking results revealed that 6-(pyridin-4-yl)-7H-indeno[2,1-c]quinoline-2-carboxamide 1j exhibited better binding interaction to (Poly [ADP-ribose] polymerase 1) than the known D7N co-crystallized inhibitor. By other hand 2-fluoro-6-(pyridin-2-yl)-7H-indeno[2,1-c]quinoline 3e was best bound to DNA topoisomerase 1. The obtained results are useful to understand the structural features required to enhance the inhibitory activities.

Keywords: Molecular docking, Topoisomerase 1, PARP 1, Ligand-Protein interaction, Indeno[2,1-c]quinolines.

1. Introducción

El acoplamiento molecular (*molecular docking*) es una herramienta computacional ampliamente utilizada con el fin de predecir energías de unión y maneras de interacción entre moléculas modelo (ligandos) y proteínas (receptores) [1-3]. Los datos obtenidos del acoplamiento molecular, brindan una excepcional información para el diseño y posible desarrollo de nuevos andamiajes moleculares con efectos terapéuticos específicos. Dentro de los variados efectos terapéuticos, se encuentran compuestos con potencial anticancerígeno, ya que podrían inhibir alguna de las muchas proteínas clave existentes en el ciclo celular [4-6]. Como dianas biológicas se encuentran estas proteínas clave, las enzimas de tipo

topoisomerasa 1 y PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1), ya que juegan un papel muy relevante. Estas entidades proteicas, participan exclusivamente en la fase de síntesis del ADN, en procesos de separación de las hebras, transcripción-reparación y replicación del material genético [7-9]. La función de la topoisomerasa 1 es evitar el superenrollamiento por medio de anulación de tensiones del ADN producidas durante cualquiera de los procesos mencionados con anterioridad. Al lograrse la inhibición de este tipo de enzima, la célula se vuelve incapaz de replicar su material genético, y la replicación del ADN se ve interrumpida por el exceso de tensiones creadas, lo que, en la mayoría de casos conduce a una muerte celular inminente [10-12]. Por otro lado, la función de la PARP 1 es iniciar un protocolo inmediato de

reparación en cuanto se identifican daños en el material genético. Cuando se detectan estas anomalías en el ADN, la PARP 1 se une en la zona averiada y sirve como marcador para que se inicie la cascada de reacciones que conllevan a la reparación [13-15].

Dentro de las estructuras insignia en el camino de la inhibición de la enzima topoisomerasa 1, la Camptotecina se sitúa como un referente. Desde su primera extracción, a partir de la corteza del árbol de *camptoteca acuminata* hace más de 50 años, este compuesto logró posicionarse como compuesto clave en fines terapéuticos. La Camptotecina posee un sistema tetracíclico de elevada planaridad lo que le confiere propiedades intercalantes en el ADN y le permite inhibir las funciones de la topoisomerasa 1 en la liberación de tensiones de superenrollamiento. Adicionalmente, modificaciones al sistema plano base de la Camptotecina, brindan otro tipo de interacciones dentro del sitio activo que pueden llegar a potencializar la unión entre el complejo enzimático-ADN [16-18].

Para el tratamiento dirigido en la inhibición de la PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1), los avances son más reducidos, ya que los estudios disponibles que se han hecho con esta diana biológica en los últimos 15 años son pocos. Sin embargo, actualmente ya existen algunos fármacos desarrollados como el Olaparib y Niraparib, los cuales son utilizados en tratamientos de cáncer de ovario [19-21].

Los avances de tratamientos del cáncer, especialmente en la rama de la quimioterapia han ido en auge con el desarrollo y avance de las herramientas informáticas. Sin embargo, es necesario crear nuevas quimiotecas de compuestos con promisorias propiedades anticancerígenas, que ayuden al desarrollo de compuesto líderes en la obtención de fármacos anticancerígenos. Es por todo esto, que en este artículo se realizó un estudio de acoplamiento molecular tipo *docking* de una serie de 30 potenciales inhibidores de la Topoisomerasa 1 y PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1). Las diferentes interacciones fueron clasificadas por medio de los modos energéticos de unión de cada uno de los derivados 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolínicos propuestos con el complejo Topo1-ADN y PARP 1.

2. Metodología

El acoplamiento molecular fue llevado a cabo usando el software libre AUTODOCK VINA (AV) disponible en (<https://vina.scripps.edu/>) usando la interfaz gráfica Autodocktools 1.5.6 para detectar el tamaño del *Grid* de acoplamiento. Discovery Studio Visualizer (DSV), se usó para la determinación de coordenadas atómicas y obtener algunos ligandos en formato pdb. Autodock Tools y su extensión Raccoon, fue utilizada para la creación de los correspondientes archivos de entrada (formato pdbqt) de los ligandos trabajados. La visualización de las energías de acoplamiento, la evaluación de conformeros y la validación

del acoplamiento molecular (RMSD) se calcularon usando Chimera en su versión 1.16. La región del sitio activo fue determinada con el ligando co-cristalizado por medio de la creación de una esfera de radio aproximado de 15 Å con centro en el ligando. Las coordenadas seleccionadas en cada uno de los ejes para la topoisomerasa 1 (PDB ID:1sc7) fueron: en X (99,4965), Y (1,8187) y Z (11,3498). Las coordenadas seleccionadas en cada uno de los ejes para la PARP 1 (PDB ID:5A00) fueron: en X (21,1800), Y (13,900) y Z (76,250). El acoplamiento molecular fue hecho mediante un tamaño de caja de acoplamiento (30x30x30) para Topo 1 y PARP 1 respectivamente. El espaciado fue 0.375 Å, conteniendo 50 corridas independientes y con un máximo de 4000 iteraciones ejecutadas en una población simple de 100 determinado mediante un algoritmo por defecto [22-24]. El sitio activo de cada uno de los receptores fue considerado rígido, mientras que los enlaces de los ligandos se consideraron como rotables para dar grados de libertad durante el acoplamiento.

Se eligió la proteína topoisomerasa 1 (PDB ID:1sc7), la cual se encuentra co-cristalizada con el ácido 4-(5,11-dioxo-5,11-dihydro-6H-indeno[1,2-c]isoquinolin-6-il)butanóico (ligando M38). Se eligió la proteína PARP 1 (PDB ID:5A00), la cual se encuentra co-cristalizada con la 2-[1-(4,4-difluorociclohexil)-piperidin-4-il]-6-fluoro-3-oxo-2,3-dihidro-1H-isoindol-4-carboxamida (ligando D7N). Las proteínas fueron descargadas del Colaboratorio Investigativo para Bioinformática Estructural (<http://www.rcsb.org/pdb>). La estructura 3D de la Topoisomerasa 1 posee resolución de 3.0 Å. La masa molecular es PDB ID:1sc7: 84.24 KDa con un contenido cercano de 611 residuos de aminoácidos. La estructura 3D de la PARP 1 posee resolución de 2.75 Å. La masa molecular fue PDB ID:5A00: 40.01 KDa con un contenido cercano de 340 residuos de aminoácidos. Antes de iniciar el acoplamiento molecular, cada una de las proteínas fue pretratada eliminando moléculas de agua, glicerol o iones que poseían, ya que estos son considerados en las interacciones durante la puntuación de Vina. Los átomos polares de hidrógeno fueron adicionados para corregir la ionización. Las cargas fueron ajustadas (*Kollman Charges* y *Gasteiger Charges*). Estas proteínas refinadas fueron guardadas en formato pdbqt.

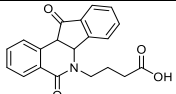
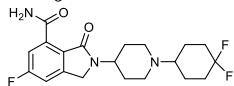
Un total de 30 ligandos fue evaluado. Se crearon usando *Chem Draw* y fueron guardados en formato cmx. Adicionalmente se verificó cada estructura y al encontrarse adecuada, se minimizaron energéticamente usando el campo de fuerza MM2 de la extensión de Gaussian. Las estructuras minimizadas energéticamente, fueron guardadas en formato pdb. Los archivos pdb de los ligandos, por medio de Autodock Raccoon, se ajustaron y fueron transformados en formato pdbqt, eligiendo el punto de torsión estructural, especificando el número de torsiones y realizando una asignación del criterio aromático a los carbonos aromáticos de la estructura.

3. Resultados y Discusión

3.1 – Validación de los parámetros del acoplamiento molecular

Como prueba preliminar, antes de la realización del acoplamiento molecular de la topoisomerasa 1 (ID PDB:1sc7) y la PARP 1 (PDB ID:5A00) con los 30 ligandos, fue necesaria la validación de esta metodología mediante un proceso llamado “redocking”. Este paso evalúa la eficiencia del acoplamiento molecular. Los ligandos co-cristalizados M38 de la Topoisomerasa 1 y el ligando D7N de la PARP 1 fueron retirados del sitio activo de cada una de las proteínas y se acoplaron al sitio activo de la misma por medio de los parámetros establecidos para los ligandos de estudio *docking*. Luego se determinó el RMSD entre las conformaciones *redockeadas* y las conformaciones originales que se encuentran co-cristalizadas dentro de cada una de las entidades enzimáticas de estudio (Tabla 1).

Tabla 1. Validación del acoplamiento molecular. Valor de RMSD (Å) para M38 Y D7N.

Estructura Ligandos	Enzima	RMSD (Å)
	ADN Topoisomerasa I (ID PDB:1sc7)	1.345
	PARP 1 (ID PDB:5A00)	1.149

3.2 – Acoplamiento molecular 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolinas con el complejo Topo1-ADN (ID PDB:1sc7) y PARP 1 (ID PDB:5A00)

Es necesario resaltar que para que el acoplamiento molecular sea válido, el valor de RMSD debe ser menor a 2.0 Å. Los resultados obtenidos del método de validación del acoplamiento molecular mostrados en la tabla. 1 son una prueba de esto. En esta se puede observar, que el valor encontrado para el RMSD de todos los átomos entre la conformación co-cristalizada y “redockeada” es de 1.345 Å (M38) y 1.149 Å (D7N) en el experimento “redocking”. Este valor indica que los parámetros para la simulación del acoplamiento con los 30 ligandos son buenos para la reproducción dentro de la estructura cristalina de rayos X de la proteína (ID PDB: 1sc7) y (ID PDB: 5A00). El valor de RMSD puede ser visualizado, mediante la ligera desviación que se observa entre el ligando co-cristalizado y el ligando redockeado (Figura 1).

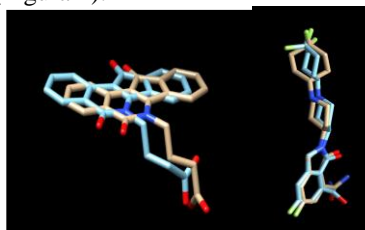


Figura 1. Validación del acoplamiento molecular para M38 (izquierda) y D7N (derecha). Ligando Ocre. Estructura co-cristalizada y caracterizada por DRX. b. Ligando azul celeste. Estructura producto del “Redocking”.

Una vez definidos los parámetros por medio de la validación del acoplamiento molecular, se realizaron los cálculos de energías de afinidad para los 30 ligandos propuestos. Cada uno de los experimentos evaluó la interacción proteína ligando de las 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c]quinolinas y la topoisomerasa 1 y PARP 1. Los resultados producto de estas interacciones se encuentran resumidos en la tabla 2.

Tabla 2. Estructuras y valores de energía de afinidad del mejor conformero después del acoplamiento molecular con la topoisomerasa 1 (PDB ID:1sc7) y PARP 1 (PDB ID:5A00).

Entrada	Comp.	Vina Score Kcal/mol PARP 1	Vina Score Kcal/mol TOPO 1
1	1a	-10.5	-11.3
2	1b	-11.0	-11.0
3	1c	-10.8	-11.1
4	1d	-10.4	-11.3
5	1e	-10.3	-11.1
6	1f	-10.8	-11.5
7	1g	-10.8	-11.1
8	1h	-10.7	-11.1
9	1i	-10.3	-11.1
10	1j	-11.2	-11.2
11	2a	-10.4	-11.3
12	2b	-10.8	-11.1
13	2c	-10.6	-11.1
14	2d	-10.3	-11.1
15	2e	-10.2	-11.2
16	2f	-10.8	-11.4
17	2g	-10.7	-11.1
18	2h	-10.5	-11.1
19	2i	-10.5	-11.0
20	2j	-11.1	-11.1
21	3a	-10.2	-11.5
22	3b	-10.7	-11.7
23	3c	-10.5	-11.5
24	3d	-10.2	-11.5
25	3e	-10.2	-11.3
26	3f	-10.7	-11.9
27	3g	-10.5	-11.5
28	3h	-10.4	-11.5
29	3i	-10.1	-11.3
30	3j	-10.0	-11.6
31	D7N	-11.0	-----
32	M38	-----	-10.1

Los primeros resultados del acoplamiento molecular se realizaron con las estructuras del ligando co-cristalizado M38 para Topoisomerasa 1 y DN7 para PARP 1. En la figura 2 se muestran las interacciones que presenta el M38 con los residuos aminoacídicos de la proteína (ID PDB:1sc7). En esta se puede evidenciar que el andamiaje molecular isoquinolínico M38 presenta interacciones con 4 bases nucleotídicas donde se encuentra intercalado entre los siguientes nucleótidos TGP11, DA113, DC112 y DT 10. Las interacciones mostradas del ligando co-cristalizado con los residuos de aminoácidos son tipo puente de hidrógeno con la

ARG364 y arrojó un valor de energía de afinidad de -10.1 KCal/mol.

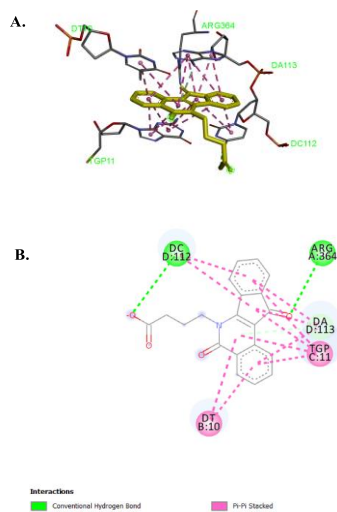


Figura 2. Interacciones M38 con complejo enzimático Topo 1-ADN (ID PDB:1sc7). A. Vista 3D de las interacciones. B. Vista 2D de las interacciones.

Ahora en la figura 3 se muestran las interacciones que presenta el D7N con los residuos aminoacídicos de la proteína (5A00). En esta se puede evidenciar que el andamiaje molecular isoindolcarboxamida D7N presenta tres de estas con los halógenos estructurales y los residuos GLN759, PHE897 y THR887. También se observan interacciones tipo pi alquílicas con los aminoácidos TYR889, TYR896 y ALA898. Finalmente, se observan interacciones de puente de hidrógeno con los aminoácidos GLY:863 y SER904. Todas las interacciones arrojan una energía de afinidad de -11.0 KCal/mol.

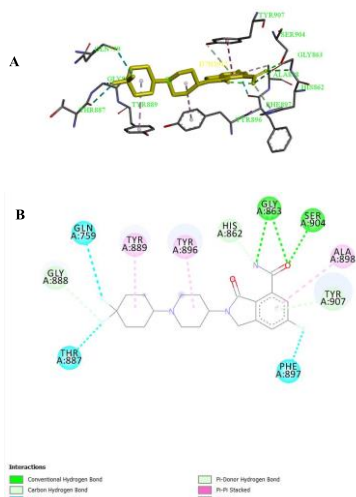


Figura 3. Interacciones D7N con estructura enzimática PARP 1 (5A00). A. Vista 3D de las interacciones. B. Vista 2D de las interacciones.

Una vez analizadas las interacciones de los compuestos co-cristalizados, se procedió evaluar las energías de afinidad obtenidas para cada uno de los 30 ligandos propuestos y comparar los resultados con las energías de afinidad de las

especies co-cristalizadas. Para poder comprender a detalle la información producto del acoplamiento molecular, se decidió escoger aquellos compuestos que presentaron mayores energías en el proceso. Para el caso de las interacciones de los compuestos de estudio con la topoisomerasa 1, el compuesto 3j exhibió la mejor energía de afinidad figura 4A (-11.9 Kcal/mol) muy superior a la mostrada por su ligando co-cristalizado M38 (-10.1 Kcal/mol). Por otra parte, las interacciones de los ligandos con la PARP 1, arrojaron que el compuesto 1j mostró la mejor energía de afinidad figura 4B (-11.2 Kcal/mol) muy cercana a la del ligando co-cristalizado D7N (-11.0 Kcal/mol). Estos resultados dan un indicio respecto a que los ligandos de estudio se acoplan de manera similar a los ligandos co-cristalizados y en algunos casos, de una manera mejor que estos dentro del sitio activo de la respectiva enzima.

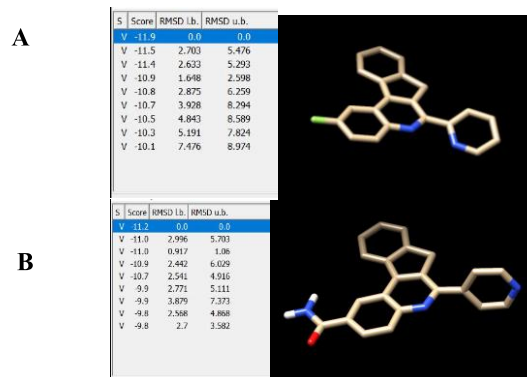


Figura 4. Conformeros con mejor VinaScore para las interacciones Topo 1 y PARP1. A. Conformer compuesto 3f (TOPO 1). B. Conformer compuesto 1j (PARP 1).

Evaluando más a fondo las interacciones del conformero 3f con la enzima topoisomerasa 1, se observa la intercalación perfecta por parte de la molécula. Se puede ver, que la 2-fluoro-6-(piridin-2-il)-7H-indeno[2,1-c]quinolina 3f se posa en la única zona escindida por el enzima Topoisomerasa 1. La molécula 3f queda rodeada por dos pares de nucleótidos DT10, DG12, DA113 y DC112. Todas estas interacciones se ajustan a interacciones tipo pi-pi, entre los anillos del ligando y los anillos de las bases nucleotídicas (Figura 5).

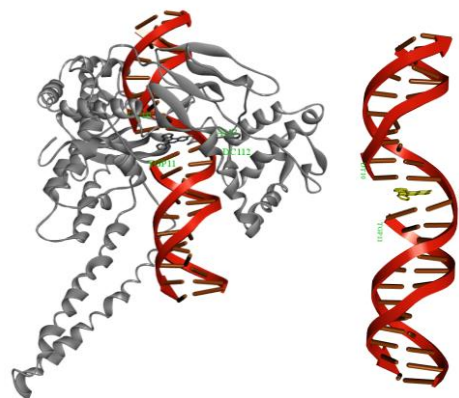


Figura 5. Intercalación ligando 3f con complejo enzimático Topo 1-ADN (PDB ID:1sc7).

Viendo más a detalle y restringiendo la zona únicamente a las interacciones del ligando, se puede observar una serie de interacciones directas con residuos aminoacídicos clave durante el proceso de replicación del ADN, esos aminoácidos son: THR718, ARG364, ASP533. Se encontró también que el compuesto 3f forma un enlace de hidrógeno con la ARG364. Así mismo, se reveló que, en la mayoría de los compuestos sintetizados y evaluados, el átomo de nitrógeno quinolínico forma un enlace de hidrógeno con el residuo de Arginina 364. Es de recalcar que, para los compuestos con sustituyente diferente a flúor en la posición dos del anillo quinolínico, se forma un enlace más débil con el residuo de Arginina 364 en lugar del puente de hidrógeno con su átomo de nitrógeno, motivo que hace que cambien los valores de la energía de afinidad respecto a los otros sustituyentes. Las interacciones adicionales que se observan, corresponden a complementos hidrofóbicos de aminoácidos y nucleótidos, los cuales ayudan a estabilizar el complejo Enzima-ADN-Ligando, obteniéndose de esta manera una energía de afinidad de -11.9 Kcal/mol. Los resultados de acoplamiento molecular muestran, que todos los compuestos estudiados siguen patrones de unión similares al de la estructura co-cristalizada (M38) y se pueden ver claramente las similitudes existentes en el sitio de unión del complejo ADN-Topoisomerasa 1 (Figura 6).

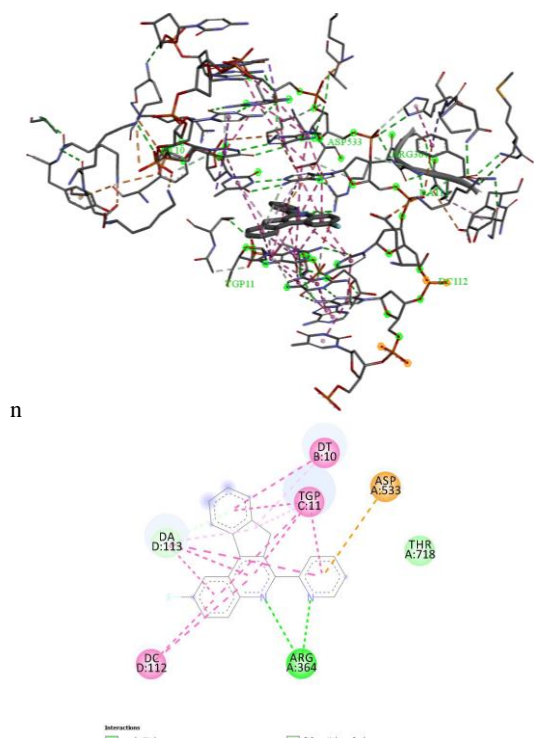


Figura 6. Interacciones ligando 3f con complejo enzimático Topo 1-ADN. A. Vista 3D de las interacciones. B. Vista 2D de las interacciones.

Pasando ahora a los valores de energías de afinidad del complejo enzimático PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1), se logró evidenciar lo siguiente. El compuesto 1j mostró un número significativo de interacciones, las cuales

corroboran la elevada energía de afinidad que presentó, superando aunque por poco, la energía de afinidad presentada por el ligando co-cristalizado (D7N). De esta serie de interacciones se puede resaltar que, la molécula presenta contactos cercanos con 12 residuos de aminoácidos. Cuatro de estas interacciones son tipo pi con 5 residuos, HIS862, LYS903, ALA898, TYR896 y TYR 907. Tres interacciones son de tipo van der Waals con los residuos GLY863, SER904 y PHE897. Las últimas cuatro interacciones y más importantes son tipo puente de hidrógeno con los residuos SER864, GLY888, MET890 y GLU988. Todas las interacciones mostradas en la figura 7 presentan homología con el ligando co-cristalizado en la PARP 1 (ID PDB:5A00), de ahí que sus energías de afinidad sean relativamente cercanas.

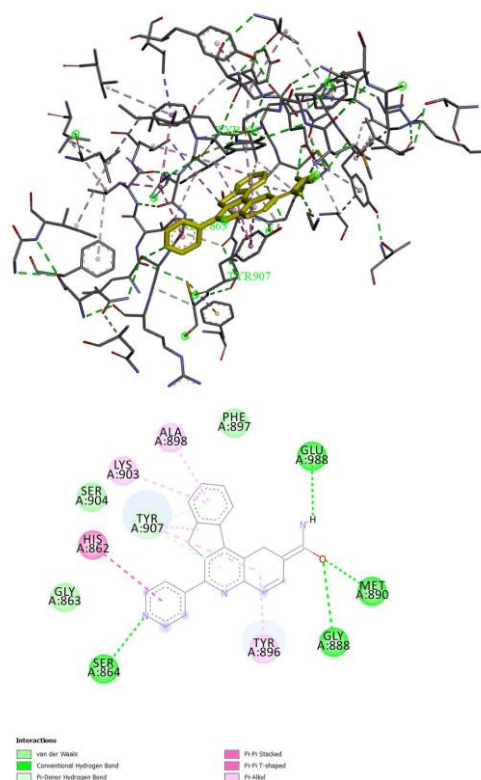


Figura 7. Interacciones ligando 1j en sitio activo de PARP 1. A. Vista 3D de las interacciones. B. Vista 2D de las interacciones.

3.3 – Índice de estabilidad

Con los datos obtenidos de los valores de las energías de unión en el apartado anterior, se puede llegar a establecer un valor llamado índice de estabilidad. Este dato cuantifica la fuerza que ejerce la interacción del sitio activo de cada entidad enzimática con el ligando en su interior. Otro dato importante, es que el índice de estabilidad limita el análisis al sitio activo de la proteína.

El índice de estabilidad se calcula por medio de los valores energéticos de las interacciones proteína-ligando y se divide entre el menor valor energético hallado en la ecuación 1, por

último los valores son normalizados mediante el uso de la ecuación 2.

$$IE = \frac{E_i}{E_{menor}} \quad (1)$$

$$IEN = \frac{|(E_i - E_{menor})|}{|E_{mayor} - E_{menor}|} \quad (2)$$

Donde:

E_i=Energía de interacción obtenida

E_{menor}= Menor energía de interacción obtenida

E_{mayor}= Mayor energía de interacción obtenida

De acuerdo a la tabla 3, se puede observar que los compuestos 1j y 3f mostraron la mayor estabilidad dentro del sitio activo de la topoisomerasa 1 y la PARP 1 respectivamente. También se puede evidenciar que, los ligandos estudiados tienen una alta selectividad sobre la topoisomerasa 1 que por la PARP 1. Sin embargo, los índices de estabilidad superan a los de las especies co-cristalizadas de cada entidad enzimática indicando que estos ligandos se unen de una manera mejor y más estable dentro de cada sitio activo.

Tabla 3. Índice de estabilidad normalizado para cada ligando con la PARP 1 (ID PDB:5A00) y Topoisomerasa (PDB ID:1sc7).

Entrada	Comp.	IEN PARP 1	IEN TOPO 1
1	1a	0,42	0,68
2	1b	0,83	0,52
3	1c	0,70	0,58
4	1d	0,33	0,68
5	1e	0,25	0,58
6	1f	0,70	0,79
7	1g	0,70	0,58
8	1h	0,58	0,58
9	1i	0,25	0,58
10	1j	1,00	0,68
11	2a	0,33	0,68
12	2b	0,70	0,58
13	2c	0,50	0,58
14	2d	0,25	0,58
15	2e	0,17	0,63
16	2f	0,70	0,73
17	2g	0,58	0,58
18	2h	0,50	0,58
19	2i	0,50	0,52
20	2j	0,91	0,58
21	3a	0,17	0,79
22	3b	0,58	0,89
23	3c	0,50	0,79
24	3d	0,17	0,79
25	3e	0,17	0,68
26	3f	0,58	1,00
27	3g	0,50	0,78
28	3h	0,33	0,79
29	3i	0,08	0,68
30	3j	0	0,84
31	D7N	0,83	-----
32	M38	-----	0

4. Conclusiones

Se podría esperar que los compuestos estudiados logren inhibir la topoisomerasa 1 y la PARP 1. Sin embargo, es necesario realizar ensayos enzimáticos que potencialicen los resultados obtenidos. Además, estos resultados demuestran

por medio de las validaciones realizadas que, los parámetros establecidos son óptimos para su reproducibilidad en un amplio espectro de ligandos potenciales inhibidores de la topoisomerasa 1 y la PARP 1. Los compuestos 1j y 3f mostraron los valores de energías de afinidad e índices de estabilidad del sitio activo de la PARP 1 (Poli [ADP-ribosa] polimerasa 1) y de la topoisomerasa 1 respectivamente. Adicionalmente, se puede destacar que estos compuestos inhiben de forma significativa ambas entidades enzimáticas lo que los podría postular como potenciales inhibidores duales en la detención del ciclo celular. De la misma manera, el estudio proporciona un indicio de que estos compuestos pueden ser investigados más a fondo en la interacción con otros tipos de enzimas dentro del ciclo celular.

Referencias

- [1] Li, J., Fu, A., & Zhang, L. (2019). An Overview of Scoring Functions Used for Protein-Ligand Interactions in Molecular Docking. *Interdisciplinary Sciences – Computational Life Sciences*, 11(2), 320–328. <https://doi.org/10.1007/s12539-019-00327-w>
- [2] Fu, Y., Zhao, J., & Chen, Z. (2018). Insights into the Molecular Mechanisms of Protein-Ligand Interactions by Molecular Docking and Molecular Dynamics Simulation: A Case of Oligopeptide Binding Protein. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2018. <https://doi.org/10.1155/2018/3502514>
- [3] Wu, Q., Peng, Z., Zhang, Y., & Yang, J. (2018). COACH-D: Improved protein-ligand binding sites prediction with refined ligand-binding poses through molecular docking. *Nucleic Acids Research*, 46(W1), W438–W442. <https://doi.org/10.1093/nar/gky439>
- [4] Ammar, Y. A., Sh El-Sharief, A. M., Belal, A., Abbas, S. Y., Mohamed, Y. A., Mehany, A. B. M., & Ragab, A. (2018). Design, synthesis, antiproliferative activity, molecular docking and cell cycle analysis of some novel (morpholinylsulfonyl) isatins with potential EGFR inhibitory activity. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 156, 918–932. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2018.06.061>
- [5] AboulWafa, O. M., Daabees, H. M. G., & Badawi, W. A. (2020). 2-Anilinopyrimidine derivatives: Design, synthesis, in vitro anti-proliferative activity, EGFR and ARO inhibitory activity, cell cycle analysis and molecular docking study. *Bioorganic Chemistry*, 99(March), 103798. <https://doi.org/10.1016/j.bioorg.2020.103798>
- [6] Gurung, A. B., Ali, M. A., Bhattacharjee, A., Abul Farah, M., Al-Hemaid, F., Abou-Tarboush, F. M., Al-Anazi, K. M., Al-Anazi, F. S. M., & Lee, J. (2016). Molecular docking of the anticancer bioactive compound proceraside with macromolecules involved in the cell cycle and DNA replication. *Genetics and Molecular Research*, 15(2), 1–8. <https://doi.org/10.4238/gmr.15027829>
- [7] Fielden, J., Wiseman, K., Torrecilla, I., Li, S., Hume, S., Chiang, S. C., Ruggiano, A., Narayan Singh, A., Freire, R., Hassanieh, S., Domingo, E., Vendrell, I., Fischer, R., Kessler, B. M., Maughan, T. S., El-Khamisy, S. F., & Ramadan, K. (2020). TEX264 coordinates p97- and SPRTN-mediated resolution of topoisomerase I-DNA adducts. *Nature Communications*, 11(1), 1–16. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15000-w>
- [8] Zhao, B., Liu, P., Fukumoto, T., Nacarelli, T., Fatkhutdinov, N., Wu, S., Lin, J., Aird, K. M., Tang, H. Y., Liu, Q., Speicher, D. W., & Zhang, R. (2020). Topoisomerase I cleavage complex enables pattern recognition and inflammation during senescence. *Nature Communications*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-14652-y>
- [9] Takahashi, D. T., Gabelle, D., Agama, K., Kiselev, E., Zhang, H., Yab, E., Petrella, S., Forterre, P., Pommier, Y., & Mayer, C. (2022). Topoisomerase I (TOP1) dynamics: conformational transition from open to closed states. *Nature Communications*, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-27686-7>
- [10] Promonet, A., Padiou, I., Liu, Y., Sanz, L., Biernacka, A., Schmitz, A. L., Skrzypczak, M., Sarrazin, A., Mettling, C., Rowicka, M., Ginalski, K., Chedin, F., Chen, C. L., Lin, Y. L., & Pasero, P. (2020). Topoisomerase I prevents replication stress at R-loop-enriched transcription termination

sites. *Nature Communications*, 11(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17858-2>

[11] Saha, L. K., Wakasugi, M., Akter, S., Prasad, R., Wilson, S. H., Shimizu, N., Sasanuma, H., Huang, S. Y. N., Agama, K., Pommier, Y., Matsunaga, T., Hirota, K., Iwai, S., Nakazawa, Y., Ogi, T., & Takeda, S. (2020). Topoisomerase I-driven repair of UV-induced damage in NER-deficient cells. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 117(25), 14412–14420. <https://doi.org/10.1073/pnas.1920165117>

[12] Li, F., Li, S., Guo, X., Dong, Y., Yao, C., Liu, Y., Song, Y., Tan, X., Gao, L., & Yang, D. (2020). Chiral Carbon Dots Mimicking Topoisomerase I To Mediate the Topological Rearrangement of Supercoiled DNA Enantioselectively. *Angewandte Chemie - International Edition*, 59(27), 11087–11092. <https://doi.org/10.1002/anie.202002904>

[13] Nilov, D., Maluchenko, N., Kurgina, T., Pushkarev, S., Lys, A., Kutuzov, M., Gerasimova, N., Feofanov, A., Švedas, V., Lavrik, O., & Studitsky, V. M. (2020). Molecular mechanisms of PARP-1 inhibitor 7-methylguanine. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(6), 1–11. <https://doi.org/10.3390/ijms21062159>

[14] Zandarashvili, L., Langelier, M. F., Velagapudi, U. K., Hancock, M. A., Steffen, J. D., Billur, R., Hannan, Z. M., Wicks, A. J., Krastev, D. B., Pettitt, S. J., Lord, C. J., Talele, T. T., Pascal, J. M., & Black, B. E. (2020). Structural basis for allosteric PARP-1 retention on DNA breaks. *Science*, 368(6486). <https://doi.org/10.1126/science.aax6367>

[15] Ramadan, S. K., Elrazaz, E. Z., Abouzid, K. A. M., & El-Naggar, A. M. (2020). Design, synthesis and: In silico studies of new quinazolinone derivatives as antitumor PARP-1 inhibitors. *RSC Advances*, 10(49), 29475–29492. <https://doi.org/10.1039/d0ra05943a>

[16] Martino, E.; Della, S.; Terribile, E.; Benetti, E.; Sakaj, M.; Centamore, A.; Sala, A.; Collina, S. *Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters* The Long Story of Camptothecin : From Traditional Medicine to Drugs. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **2017**, 1, 1-17. <https://doi.org/10.1016/j.bmcl.2016.12.085>

[17] Huang, Q.; Wang, L.; Lu, W. *European Journal of Medicinal Chemistry Evolution in Medicinal Chemistry of E-Ring-Modified Camptothecin Analogs as Anticancer Agents.* *Eur. J. Med. Chem.* **2013**, 63, 746–757. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2013.01.058>

[18] Munagala, S.; Sirasani, G.; Kokkonda, P.; Phadke, M.; Krynetskaia, N.; Lu, P.; Sharom, F. J.; Chaudhury, S.; Abdulhameed, M. D. M.; Tawa, G.; et al. Synthesis and Evaluation of Strychnos Alkaloids as MDR Reversal Agents for Cancer Cell Eradication. *Bioorganic Med. Chem.* **2014**, 22, 1148–1155. <https://doi.org/10.1016/j.bmc.2013.12.022>

[19] Tavares, T. S., Hofman, J., Lekešová, A., Želazková, J., & Wsól, V. (2020). Olaparib synergizes the anticancer activity of daunorubicin via interaction with akr1c3. *Cancers*, 12(11), 1–16. <https://doi.org/10.3390/cancers12113127>

[20] Sahin, K., & Durdagi, S. (2021). Identifying new piperazine-based PARP1 inhibitors using text mining and integrated molecular modeling approaches. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 39(2), 681–690. <https://doi.org/10.1080/07391102.2020.1715262>

[21] Wang, B. L., Pan, D. Q., Kou, S. B., Lin, Z. Y., & Shi, J. H. (2020). Exploring the binding interaction between bovine serum albumin and perindopril as well as influence of metal ions using multi-spectroscopic, molecular docking and DFT calculation. *Chemical Physics*, 530(May 2019), 110641. <https://doi.org/10.1016/j.chemphys.2019.110641>

[22] Becke A.D. Density-functional thermochemistry. IV. A new dynamical correlation functional and implications for exact-exchange mixing. *J. Chem. Phys.* **1996**, 104, 1040 - 1046. <https://doi.org/10.1063/1.470829>

[23] Mullay J. A simple method for calculating atomic charge in molecules. *J. Am. Chem. Soc.* **1986**, 108, 1770 - 1775. <https://doi.org/10.1021/ja00268a010>

[24] Morris, G.; Huey, R.; Lindstrom, W.; Sanner, M.; Belew, R.; Goodsell, D.; Olson, A. AutoDock4 and AutoDockTools4: Automated Docking with Selective Receptor Flexibility. *J Comput Chem.* 2009 Dec; 30(16): 2785–2791. <https://doi.org/10.1002/jcc.21256>



Connected, Compactness and separation axioms via (i, j) - α^m -open sets in bitopological spaces

Conexidad, compacidad y axiomas de separación vía conjuntos (i, j) - α^m -abiertos en espacios bitopológicos

Carlos Granados^a; Eduin Rodríguez^b; Judith Bermúdez^c

^a Magister en Ciencias Matemáticas, Universidad Nacional Abierta y a Distancia, Barranquilla, Colombia, carlosgranadosortiz@outlook.es

^b Magister en Ciencias Matemáticas, Universidad de la Costa, Barranquilla, Colombia, eduinrodriguez1987@gmail.com

^c Magister en Ciencias Matemáticas, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia, yudithb30@gmail.com

Correspondencia: yudithb30@gmail.com

Recibido: Julio 8, 2022. Aceptado: Agosto 20, 2022. Publicado: Agosto 31, 2022

Resumen

En este artículo, se utiliza la noción de conjuntos (i, j) - α^m -abiertos para introducir las nociones de (i, j) - α^m -conexo, (i, j) - α^m -compacto, (i, j) - α^m - T_0 -espacio, (i, j) - α^m - T_1 -espacio e (i, j) - α^m - T_2 -espacio. Adicionalmente, algunas de sus propiedades y caracterizaciones son probadas.

Palabras clave: Espacios bitopológicos, generalizaciones de conjuntos abiertos, conexidad y compacidad.

Abstract:

In this paper, we use the notion of (i, j) - α^m -open sets to introduce the concepts of (i, j) - α^m -connected, (i, j) - α^m -compact, (i, j) - α^m - T_0 -space, (i, j) - α^m - T_1 -space and (i, j) - α^m - T_2 -space. Furthermore, we prove and show some of their properties and characterizations.

Keywords: Bitopological spaces, generalized open sets, connected and compactness.

1. Introduction and preliminaries.

The notion of bitopological space was introduced by Kelly [8] in 1963, the study of open and closed sets in bitopological spaces have increased in several field of general topology. Additionally, it is well know that the concept of compactness is one of the most important subject in general topology and it has a very important role in the theory of topological spaces, bitopological spaces and much more. On the other hand, connected spaces is very important in general topology. Recently, Granados [5] studied ω - \mathcal{N} - α -open sets on connected spaces and showed some of their properties. Furthermore, the notion of (i, j) - α^m -open sets, (i, j) - α -continuous and conta (i, j) - α^m -continuous functions were introduced by Granados see([4, 3]).

In this paper, we show and investigate various properties of (i, j) - α^m -compact, (i, j) - α^m -connected, (i, j) - α^m - T_0 -space, (i, j) - α^m - T_1 -space, (i, j) - α^m - T_2 -space. Besides, we prove some of their properties.

Throughout this paper, (X, τ_1, τ_2) means a bitopological space on which no separation axioms are assumed unless otherwise mentioned. Moreover, we sometimes write X instead of (X, τ_1, τ_2) .

Now, we write some definitions which are useful for the developing of this paper.

Definition 1. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space and $A \subset X$, then A is said to be (i, j) - α^m -closed set [4] if $\text{Int}_{\tau_i}(\text{Cl}_{\tau_j}(A)) \subseteq U$, whenever $A \subseteq U$ and U is (i, j) - α -open set where $(i, j) \in \{1, 2\}$. The complement of an (i, j) - α^m -closed set is called (i, j) - α^m -open set.

Example 1. Let $X = \{q, w, e, r\}$, $\tau_i = \{\emptyset, X, \{q\}, \{w\}, \{q, w\}, \{q, w, r\}\}$ and $\tau_j = \{\emptyset, X, \{q\}, \{e\}, \{q, e\}, \{q, e, r\}\}$. Then, $\{q, w\}$ is an (i, j) - α^m -closed set.

Definition 2. [4] The intersection of all (i, j) - α^m -closed sets of X containing A is called the (i, j) - α^m -closure of A and it is denoted by (i, j) - α^m -Cl(A).

Definition 3. A function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is said to be (i, j) - α^m -continuous [4] if $f^{-1}(V)$ is (i, j) - α^m -closed (respectively, (i, j) - α^m -open) set of X for every σ_j -closed (respectively, σ_j -open) set V of Y where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 4. A function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is said to be (i, j) - α^m -irresolute if [4] $f^{-1}(V)$ is (i, j) - α^m -closed (re-



spectively, (i, j) - α^m -open set of X for every (i, j) - α^m -closed (respectively, (i, j) - α^m -open) set V of Y where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 5. A function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is said to be contra (i, j) - α^m -continuous [3] if $f^{-1}(V)$ is (i, j) - α^m -closed set of X for every σ_j -open set V of Y where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 6. A function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is said to be contra (i, j) - α^m -irresolute if [3] $f^{-1}(V)$ is (i, j) - α^m -closed set of X for every (i, j) - α^m -open set V of Y where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 7. A collection U of a bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be pairwise open [2] if $U \subset \tau_i \cup \tau_j$ and for each $(i, j) \in \{1, 2\}$, $U \cap \tau_i$ contains a non-empty set. Besides, U is said to be pairwise open cover of X if U covers X .

Definition 8. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be pairwise compact [2] if every pairwise open cover of X has a finite subcover.

Definition 9. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space. Then, X is said to be pairwise C -compact [9] if for each pair of point τ_j -closed A of X and each subsets pairwise open on \mathcal{U} of A , exists a finite sub-family of elements $\mathcal{U}, V_1, V_2, V_3, \dots, V_n$ such that $A \subset \bigcup_{i=1}^n \tau_j\text{-Cl}V_i$, where $i \neq j$ where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

2. Separation axioms via (i, j) - α^m -open sets

In this section, we define and study the concepts of (i, j) - α^m - T_0 -space, (i, j) - α^m - T_1 -space and (i, j) - α^m - T_2 -space. Throughout this section (X, τ_1, τ_2) is a bitopological space where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 10. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be (i, j) - α^m - T_0 if for every pair of distinct points in X , there exists an (i, j) - α^m -open set of X containing one of points but not the other.

Theorem 1. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_0 if and only if for each pair of distinct points x, y of X , (i, j) - α^m - $Cl(\{x\}) \neq (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$

Proof. Let (X, τ_1, τ_2) be an (i, j) - α^m - T_1 space and x, y any two distinct points of X . Then, there exists an (i, j) - α^m -open set V containing x or y , say, x but not y . Then, $X - V$ is an (i, j) - α^m -closed set, that does not contain x but contains y . Since (i, j) - α^m - $Cl(\{y\})$ is the smallest (i, j) - α^m -closed set containing y , (i, j) - α^m - $Cl(\{y\}) \subset X - V$, and so $x \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$. Consequently, (i, j) - α^m - $Cl(\{x\}) \neq (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$. Conversely, let $x, y \in X, x \neq y$ and (i, j) - α^m - $Cl(\{x\}) \neq (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$. Then, there exists a point $z \in X$ such that z belongs to one of the two sets, say, (i, j) - α^m - $Cl(\{x\})$ but not to (i, j) - α^m - $Cl(\{y\})$. Suppose that $x \in (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$, then $z \in (i, j)$ - α^m - $Cl(\{x\}) \subset (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$, which is a contradiction with $z \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$. Therefore, $x \in X - (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$, but $X - (i, j)$ - α^m - $Cl(\{y\})$ is an (i, j) - α^m -open

set and does not contain y . In consequence, (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_0 . \square

Definition 11. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be (i, j) - α^m - T_1 if for every pair of distinct points x, y of X , there exists a pair (i, j) - α^m -open sets one containing x but not y and the other containing y but not x .

Remark 1. It is clear that every (i, j) - α^m - T_1 is (i, j) - α^m - T_0 , but the converse need not be true.

Theorem 2. For a bitopological space (X, τ_1, τ_2) , the following statements are equivalent:

1. (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_1 .
2. Each singleton subset of X is (i, j) - α^m -closed in X .
3. Each subset of X is the intersection of all (i, j) - α^m -open sets containing it.
4. The intersection of all (i, j) - α^m -open sets containing the point $x \in X$ is the set $\{x\}$.

Proof. (1) \Rightarrow (2): Let $x \in X$. Then, by the part (1) of this Theorem, for any $y \in X, y \neq x$, there exists an (i, j) - α^m -open set U_y containing y but not x . Indeed, $y \in U_y \subset X - \{x\}$. Now, varying y over $X - \{x\}$, we have $X - \{x\} = \bigcup \{U_y : y \in X - \{x\}\}$. Hence, $X - \{x\}$ being an union of (i, j) - α^m -open sets. Therefore, $\{x\}$ is (i, j) - α^m -closed.

(2) \Rightarrow (3): If $U \subset X$, then for each point $y \notin U$, there exists a set $X - \{y\}$ such that $U \subset X - \{y\}$ and each of these sets $X - \{y\}$ is (i, j) - α^m -open. Therefore, $U = \bigcap \{X - \{y\} : y \in X - U\}$ and so the intersection of all (i, j) - α^m -open sets containing U is the set U itself.

(3) \Rightarrow (4): It is clear.

(4) \Rightarrow (1): Let $x, y \in X$ and $x \neq y$. Then, there exists an (i, j) - α^m -open sets, say, V_x such that $y \notin V_x$. Similarly, there exists an (i, j) - α^m -open set $V_y, x \notin V_y$. Therefore, (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_1 . \square

Lemma 1. If every finite subset of a bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m -closed, then it is (i, j) - α^m - T_1 .

Proof. Let $x, y \in X$ such that $x \neq y$. Then, by hypothesis, $\{x\}$ and $\{y\}$ are (i, j) - α^m -closed sets in X . Thus, $X - \{x\}$ and $X - \{y\}$ are (i, j) - α^m -open sets of X such that $x \in X - \{y\}$ and $y \in X - \{x\}$. Therefore, (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_1 . \square

Definition 12. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be (i, j) - α^m - T_2 if for every pair of distinct points x, y of X , there exists a pair of disjoint (i, j) - α^m -open sets, one containing x and the other containing y .

Remark 2. It is clear that every (i, j) - α^m - T_2 is (i, j) - α^m - T_1 , but the converse need not be true.

Theorem 3. For a bitopological space (X, τ_1, τ_2) , the following statements are equivalent:

1. (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_2 .
2. Let $x \in X$. For each $y \neq x$, there exists $U \in (i, j)$ - α^m $BO(X, x)$ and $y \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(U)$.
3. For each $x \in X$, $\bigcap \{(i, j)$ - α^m - $Cl(V_x) : V_x$ is an (i, j) - α^m -open set containing $x\} = \{x\}$.

Proof. (1) \Rightarrow (2): Let $x \in X$ and $y \neq x$. Then, there exists disjoint (i, j) - α^m -open sets U and V such that $x \in U$ and $y \in V$. Clearly, $X - V$ is (i, j) - α^m -closed. Indeed, (i, j) - α^m - $Cl(U) \subset X - V$ and then $y \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(U)$.

(2) \Rightarrow (3): If $y \neq x$, then there exists $V \in (i, j)$ - α^m $BO(X, x)$ and $y \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(V)$. Therefore, $y \notin \bigcap \{(i, j)$ - α^m - $Cl(V) : V \in (i, j)$ - α^m $BO(X, x)\}$.

(3) \Rightarrow (1): Let $x, y \in X$ such that $x \neq y$. Then, $y \notin \{x\} = \bigcap \{(i, j)$ - α^m - $Cl(V) : V \in (i, j)$ - α^m $BO(X, x)\}$. Therefore, $y \notin (i, j)$ - α^m - $Cl(V)$ for some (i, j) - α^m -open set V containing x . Clearly, V and $X - (i, j)$ - α^m - $Cl(V)$ are the required (i, j) - α^m -open sets containing x and y , respectively. \square

Definition 13. If A is both (i, j) - α^m -open set and (i, j) - α^m -closed set of a bitopological space (X, τ_1, τ_2) , then A is called (i, j) - α^m -coplen, where $i \neq j$.

Theorem 4. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_2 if and only if for each pair of distinct points $x, y \in X$, there exists an (i, j) - α^m -coplen set V containing one of them but not the other.

Proof. Let (X, τ_1, τ_2) be an (i, j) - α^m - T_2 space and $x, y \in X$ such that $x \neq y$ implies that there exists two disjoint (i, j) - α^m -open sets U and V such that $x \in U$ and $y \in V$. Since $U \cap V = \emptyset$ and V is an (i, j) - α^m -open set, $x \in U \subset X - V$ and $X - V$ is (i, j) - α^m -closed. Since (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_2 for each $x \in X - V$ there exists an (i, j) - α^m -open set U_x such that $x \in U_x \subset X - V$. Then, $X - V$ is (i, j) - α^m -open. In consequence, $X - V$ is an (i, j) - α^m -coplen set. Conversely, suppose for every pair of distinct points $x, y \in X$, there exists an (i, j) - α^m -coplen set U containing x but not y . Then, $X - U$ is an (i, j) - α^m -open set and $y \in X - U$. Since $U \cap (X - U) = \emptyset$, (X, τ_1, τ_2) is an (i, j) - α^m - T_2 space. \square

Theorem 5. For a bitopological space (X, τ_1, τ_2) , the following statements are equivalent:

1. (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_2 .
2. The intersection of all (i, j) - α^m -coplen sets of each point in X is singleton.
3. For a finite number of distinct points $\{x_i : 1 \leq i \leq n\}$, there exists an (i, j) - α^m -open set H_i such that $\{H_i : 1 \leq i \leq n\}$ are pairwise disjoint.

Proof. (1) \Rightarrow (2): Let (X, τ_1, τ_2) be an (i, j) - α^m - T_2 space and $x \in X$. Suppose $\bigcap \{H : H$ is (i, j) - α^m -coplen and $x \in H\} = \{x, y\}$ where $x \neq y$. Since (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m - T_2 , there

exists two disjoint (i, j) - α^m -open sets U and V such that $x \in U$ and $y \in V$. Then, $x \in U \subset X - V$, indeed $X - V$ is (i, j) - α^m -open set and also it is (i, j) - α^m -closed. Therefore, $X - V$ is (i, j) - α^m -coplen set containing x but not y , which is a contradiction. This implies that the intersection of all (i, j) - α^m -coplen sets containing x is $\{x\}$.

(2) \Rightarrow (3): Let $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ be a finite number of distinct points of X . Then, by part (2) of this Theorem, $\{x_i = \bigcap \{B : B$ is (i, j) - α^m -coplen set and $x_i \in B\}$ for $i = 1, 2, \dots, n$. Since $x_j \in \{x_i\}$, for $i, j = 1, 2, \dots, n$ and $i \neq j$, there exists an (i, j) - α^m -coplen set B_0 such that $x_i \in B_0$ and $x_j \notin B_0$ for $i \neq j$ and $1 \leq i, j \leq n$. Then, $x_i \in X - B_0$, where $X - B_0$ is an (i, j) - α^m -coplen set and $B_0 \cap (X - B_0) = \emptyset$. Indeed, $X - B_0$ is an (i, j) - α^m -open set containing x_i . Therefore, for each i , there exists pairwise disjoint (i, j) - α^m -open sets H_i for $\{x_i : 1 \leq i \leq n\}$.

(3) \Rightarrow (1): It is clear. \square

3. (i, j) - α^m -connected

In this section, we define and study the concepts of (i, j) - α^m -connected space, (i, j) - α^m -set-connected and (i, j) - α^m -extremally disconnected. Besides we show some results on (i, j) - α^m -continuous functions. Throughout this section (X, τ_1, τ_2) is a bitopological space where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 14. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space. Then, X is said to be (i, j) - α^m -connected if X cannot be expressed as the union of two non-empty disjoint (i, j) - α^m -open sets.

Definition 15. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space. Then, X is said to be pairwise connected [10] if it cannot be expressed as the union of two non-empty disjoint sets U and V such that U is τ_i -open and V is τ_j -open, where $i \neq j$.

Proposition 1. If $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is a (i, j) - α^m -continuous and surjection function, besides X is (i, j) - α^m -connected, then Y is pairwise connected.

Proof. Suppose that Y is not pairwise connected. Then, there exists $U \in \sigma_i$ and $V \in \sigma_j$ such that $U, V \neq \emptyset$, $U \cap V = \emptyset$ and $U \cup V = Y$. Since f is surjection, it has $f^{-1}(U) \neq \emptyset$ and $f^{-1}(V) \neq \emptyset$. Besides, since f is (i, j) - α^m -continuous, $f^{-1}(U)$ is (i, j) - α^m -continuous, it has $f^{-1}(U)$ is (i, j) - α^m -open and $f^{-1}(V)$ is (i, j) - α^m -open such that $f^{-1}(U) \cap f^{-1}(V) = \emptyset$ and $f^{-1}(U) \cup f^{-1}(V) = X$. This implies that X is not (i, j) - α^m -connected, which is a contradiction. In consequence Y is pairwise connected. \square

Proposition 2. If $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is a (i, j) - α^m -irresolute and surjection function, besides X is (i, j) - α^m -connected, then Y is (i, j) - α^m -connected.

Proof. The proof is similar to the Proposition 1. \square

Definition 16. A function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is said to be (i, j) - α^m -set-connected if $f(x)$ is (i, j) - α^m -connected between $f(A)$ and $f(B)$ in the bitopological space X which is (i, j) - α^m -connected.

Theorem 6. Let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a function (i, j) - α^m -set-connected if and only if $f^{-1}(F)$ is an (i, j) - α^m -copen set of X for any (i, j) - α^m -copen F set of Y .

Proof. **NECESSARY:** Let f be (i, j) - α^m -set-connected and F be (i, j) - α^m -copen set of Y . Now, suppose that $f^{-1}(F)$ is not (i, j) - α^m -copen set of X , then X is (i, j) - α^m -connected between $f^{-1}(F)$ and $X - f^{-1}(F)$. Since f is (i, j) - α^m -set-connected, Y is (i, j) - α^m -connected between $f(f^{-1}(F))$ and $f(X - f^{-1}(F))$. But, $f(f^{-1}(F)) = F \cap Y = F$ and $f(X - f^{-1}(F)) = Y - F$, in consequence F is not (i, j) - α^m -copen set of Y and this is a contradiction. Therefore, $f^{-1}(F)$ is an (i, j) - α^m -copen set of X .

SUFFICIENCY: Let $f^{-1}(F)$ be an (i, j) - α^m -copen set of X for any (i, j) - α^m -copen F set of Y and let X be (i, j) - α^m -connected between A and B . Now, suppose that Y is not (i, j) - α^m -connected between $f(A)$ and $f(B)$, then there exists an (i, j) - α^m -copen F set of Y such that $f(A) \subset F \subset Y - f(B)$. But, $A \subset f^{-1}(F) \subset X - B$ and $f^{-1}(F)$ is an (i, j) - α^m -copen set of X and this is a contradiction, because X is (i, j) - α^m -connected. Therefore, f is (i, j) - α^m -connected. \square

Lemma 2. Let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a function (i, j) - α^m -set-connected and $A \subset X$ such that $f(A)$ is an (i, j) -copen set of Y . Then, the restriction $f|_A : A \rightarrow Y$ is (i, j) - α^m -set-connected.

Proof. Let A be (i, j) - α^m -connected space between B and C . Then, X is (i, j) - α^m -connected between B and C of Y is (i, j) - α^m -connected between $f(B)$ and $f(C)$. Since $f(A)$ is an (i, j) -copen set of Y , then $f(A)$ is an (i, j) - α^m -connected between $f(B)$ and $f(C)$. \square

Definition 17. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space. Then, X is said to be (i, j) - α^m -extremally disconnected if the (i, j) - α^m -closure of any (i, j) - α^m -open set is (i, j) - α^m -open set, where $i \neq j$.

Theorem 7. Let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a function (i, j) - α^m -set-connected. If Y is (i, j) - α^m - T_2 space and (i, j) - α^m -extremally disconnected, then $f|_A : A \rightarrow Y$ is constant for every (i, j) - α^m -connected subset A of X .

Proof. Let $x, y \in A$ and $x \neq y$. Suppose that $f(x) \neq f(y)$ in Y . Since Y is (i, j) - α^m - T_2 space and (i, j) - α^m -extremally disconnected, there exists (i, j) - α^m -copen set U of Y such that $f(x) \in U$ and $f(y) \notin U$. Now, since f is (i, j) - α^m -set-connected, it has $f^{-1}(U)$ is (i, j) - α^m -copen set of X . And so, $f^{-1}(U) \cap A$ is a non-empty proper (i, j) - α^m -copen set of the subset A , this implies that A is not (i, j) - α^m -connected space and this is a contradiction. Therefore, $f(x) = f(y)$ and hence $f|_A : A \rightarrow Y$ is constant. \square

Theorem 8. If $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ is a surjective function, then the following properties hold:

1. If f is contra (i, j) - α^m -irresolute and (X, τ_1, τ_2) is an (i, j) - α^m -connected space, then (Y, σ_1, σ_2) is a (i, j) - α^m -connected space.

2. If f is contra (i, j) - α^m -continuous and (X, τ_i, τ_j) is an (i, j) - α^m -connected space, then (Y, σ_1, σ_2) is a (i, j) - α^m -connected space.

Proof. (1) Let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a surjective contra (i, j) - α^m -irresolute function and (X, τ_1, τ_2) an (i, j) - α^m -connected space. Suppose that (Y, σ_1, σ_2) is not (i, j) - α^m -connected. Then, there exist nonempty (i, j) - α^m -open subsets A and B of Y such that $A \cap B = \emptyset$ and $Y = A \cup B$. Thus, $U = Y - A$ and $V = Y - B$ are nonempty (i, j) - α^m -closed subsets of Y such that $U \cap V = (Y - A) \cap (Y - B) = Y - (A \cup B) = Y - Y = \emptyset$ and $U \cup V = (Y - A) \cup (Y - B) = Y - (A \cap B) = Y - \emptyset = Y$. Since f is a contra (i, j) - α^m -irresolute function, we have $f^{-1}(U)$ and $f^{-1}(V)$ are (i, j) - α^m -open subsets of X and also, $f^{-1}(U) \cap f^{-1}(V) = f^{-1}(U \cap V) = f^{-1}(\emptyset) = \emptyset$ and $f^{-1}(U) \cup f^{-1}(V) = f^{-1}(U \cup V) = f^{-1}(Y) = X$. This contradicts the fact that (X, τ_1, τ_2) is an (i, j) - α^m -connected space. Therefore, (Y, σ_1, σ_2) is (i, j) - α^m -connected.

The proof of (2) is similar to (1). \square

Theorem 9. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m -connected, if each contra (i, j) - α^m -continuous function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$, where (Y, σ_1, σ_2) is a T_0 -space, then f is a constant function.

Proof. Suppose that (X, τ_1, τ_2) is not a (i, j) - α^m -connected space and each contra (i, j) - α^m -continuous function $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$, where (Y, σ_1, σ_2) is a T_0 -space, is a constant function. Since (X, τ_1, τ_2) is not (i, j) - α^m -connected, then there exists a nonempty proper subset A of X which is both (i, j) - α^m -open and (i, j) - α^m -closed. Let $Y = \{a, b, c\}$, $\sigma_1 = \{\emptyset, Y, \{a\}, \{b\}, \{a, b\}\}$ and $\sigma_2 = \{Y, \emptyset, \{a\}, \{b\}, \{a, b\}, \{a, c\}\}$ be a topologies on Y and $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a function such that $f(A) = \{a\}$ and $f(X - A) = \{b\}$. Then f is a non-constant contra (i, j) - α^m -continuous function such that (Y, σ_1, σ_2) is a T_0 -space, which is a contradiction. Therefore, (X, τ_1, τ_2) is an (i, j) - α^m -connected space. \square

4. (i, j) - α^m -compactness

In this section, we introduce and study the concepts of (i, j) - α^m -compact space and (i, j) - α^m - C -compact space. Throughout this section (X, τ_1, τ_2) is a bitopological space where $(i, j) \in \{1, 2\}$.

Definition 18. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is said to be (i, j) - α^m -compact if each (i, j) - α^m -cover of X has a finite subcover.

Theorem 10. If a bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m -compact and F is a proper (i, j) - α^m -closed set of X , then each (i, j) - α^m -open cover of F has a finite subcover.

Proof. Let $U = \{U_\delta : \delta \in \Delta\}$ be an (i, j) - α^m -open cover of F , then $U \cup (X - F)$ is (i, j) - α^m -cover of X . Since X is (i, j) - α^m -compact, $U \cup (X - F)$ has a finite subcover V for X . Now a finite subcover for F can be obtained by V easily. \square

Theorem 11. A bitopological space (X, τ_1, τ_2) is (i, j) - α^m -compact if X is pairwise compact and if for each (i, j) - α^m -cover U of X there exists a pairwise open collection associated to U that is a cover of X .

Proof. Let U be (i, j) - α^m -cover of X . By hypothesis, we have a pairwise open cover G associated to U . Si for each (i, j) - α^m -open set $A \in U$, there exist an τ_i -open set $B \in G$ such that $B \subset A \subset \tau_j\text{-Cl}(B)$. Since X is pairwise compact, G has a finite subcover and then U has a finite subcover. Therefore, X is (i, j) - α^m -compact \square

Theorem 12. Let (X, τ_1, τ_2) be (i, j) - α^m -compact. Then, for each pairwise open collection G associated to an (i, j) - α^m -cover of X there exists a finite subcollection $H \subset G$ such that $\{\tau_j\text{-Cl}(A) : A \in H \cap \tau_i, i \in \{1, 2\}, i \neq j\}$ covers X .

Proof. Let U be an (i, j) - α^m -cover of X and G be a pairwise open collection associated to U . Since X is (i, j) - α^m -compact, there exists a finite subcover $V = \{V_i : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}$ of U . Now, for each (i, j) - α^m -open set $V_i \in V$, there exists an τ_i -open set $G_i \subset G$ such that $G_i \subset V_i \subset \tau_i\text{-Cl}(G_i)$. So $G_n = \{G_i : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}$ is a finite subcollection of G . Since V is a subcover of U , this implies that $\{\tau_j\text{-Cl}(G_i) : G_i \in G_n \cap \tau_i, i \in \{1, 2\}\}$ covers X . \square

Theorem 13. If A is an (i, j) - α^m -compact subset of an (i, j) - α^m - T_2 space in (X, τ_1, τ_2) and $x \in X - A$, then there is an (i, j) - α^m -open set B such that $A \subset B$ (or there is a set G such that $x \in G \subset X - B$).

Proof. Suppose that A is an (i, j) - α^m -compact subset of X and $x \in X - A$. Then, for each $a \in A$, there exists disjoint (i, j) - α^m -open sets U_x and V_a such that $x \in U_x$ and $a \in V_a$. Then, the collection $\{V_a : a \in A\}$ is an (i, j) - α^m -open covering of A . Since A is (i, j) - α^m -compact, there is a finite subcollection $\{V_{a_1}, V_{a_2}, \dots, V_{a_n}\}$ of (i, j) - α^m -open sets covering A . Now, let $B = \bigcup_{i=1}^n V_{a_i}$. Then, clearly B is (i, j) - α^m -open and $A \subset B$. \square

Theorem 14. (i, j) - α^m -compactness is preserved under α^m -continuous, open and onto functions.

Proof. Let (X, τ_1, τ_2) and (Y, σ_1, σ_2) be two bitopological spaces, and let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be a (i, j) - α^m -continuous, open and onto functions. Now, suppose that $U^Y = \{U_\delta : \delta \in \Delta\}$ is an (i, j) - α^m -cover of Y , then $U^X = \{f^{-1}(U_\delta : \delta \in \Delta)\}$ is an (i, j) - α^m -cover of X . Since X is (i, j) - α^m -compact, there exists a finite subcover $V^X = \{f^{-1}(U_{\delta_i}) : \delta_i \in \Delta, i = 1, 2, \dots, n\}$ of U^X for X . Now, we have that

$$\begin{aligned} Y &= f(X) \\ &= f\left(\bigcup_{i=1}^n \{f^{-1}(U_{\delta_i}) : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}\right) \\ &= \bigcup_{i=1}^n \{f(f^{-1}(U_{\delta_i})) : i \in \{1, 2, \dots, n\}\} \end{aligned}$$

Since f is onto, then

$$Y = \bigcup_{i=1}^n \{U_{\delta_i} : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}$$

Therefore, Y is (i, j) - α^m -compact. \square

Definition 19. Let (X, τ_1, τ_2) be a bitopological space. Then, X is said to be (i, j) - α^m - C -compact if given and (i, j) - α^m -closed set A of X and a cover $\{V_\delta : \delta \in \Delta\}$ of A by (i, j) - α^m -open sets of X , then there exists a finite subset Δ_0 of Δ such that $A \subset \bigcup \{\alpha^m BCl(V_\delta : \delta \in \Delta_0)\}$, where $i \neq j$.

Theorem 15. Let Y be (i, j) - α^m -extremally disconnected, (i, j) - α^m - C -compact and (i, j) - α^m - T_2 . Then, $f : (X, \tau_i, \tau_j) \rightarrow (Y, \sigma_i, \sigma_j)$ is (i, j) - α^m -irresolute if and only if it is (i, j) - α^m -set-connected.

Proof. NECESSITY: The proof is easy following the Definition.

SUFFICIENCY: Let f be not (i, j) - α^m -irresolute. Then, there exists an (i, j) - α^m -closed set J of Y such that $f^{-1}(J)$ is not an (i, j) - α^m -closed set of X . Now, let $x \in \alpha^m BCl(f^{-1}(J)) - f^{-1}(J)$. Then X is (i, j) - α^m -connected between $f^{-1}(J)$ and x . Hence, Y is (i, j) - α^m -connected between $f(f^{-1}(J))$ and $f(x)$. In consequence Y is (i, j) - α^m -connected between J and $f(x)$. Since Y is (i, j) - α^m - T_2 , for each $y \in J$ there exists an (i, j) - α^m -open set U_y containing y in Y such that $f(x) \notin \alpha^m BCl(U - y)$. Then, the family $\{U_y : y \in J\}$ is a cover of F by (i, j) - α^m -open sets of Y . Now, since Y is (i, j) - α^m - C -compact, there exist a finite number of points y_1, y_2, \dots, y_n in J such that $J \subset \bigcup_{i=1}^n \alpha^m BCl(U_{y_i}) = U$. Then, U is (i, j) - α^m -coplen set of Y since Y is (i, j) - α^m -extremally disconnected. Besides, $f(x) \notin U$ since $f(x) \in \alpha^m BCl(U_y)$ for any $y \in J$ an this is a contradiction. Hence f is (i, j) - α^m -irresolute. \square

Proposition 3. Let A, B be (i, j) - α^m - C -compact and $A, B \in (X, \tau_i, \tau_j)$, then $A \cup B$ is (i, j) - α^m - C -compact.

Proof. Since A and B are (i, j) - α^m - C -compact, If we want to prove that $A \cup B$ is (i, j) - α^m - C -compact, we have to prove that for any τ_j - α^m -open which cover $A \cup B$, has a finite sub-cover. Now, let $\{U_i : i \in I\}$ be any cover of τ_j - α^m -open of $A \cup B$. Then, $A \cup B \subseteq \bigcup \{U_i : i \in I\}$, therefore $A \subseteq \bigcup U_i$ and $B \subseteq \bigcup U_i$, this implies that $\bigcup \{U_i : i \in I\}$ is a τ_j - α^m -open cover of $A \cup B$, where $i \neq j$. But, we know that A, B are (i, j) - α^m - C -compact, there exists $i_1, i_2, \dots, i_n \in I$ and $t_1, t_2, \dots, t_n \in I$ such that $\{U_{i_1}, U_{i_2}, \dots, U_{i_n}\}$ and $\{U_{t_1}, U_{t_2}, \dots, U_{t_n}\}$ is a finite sub-cover of A and B respectively, indeed $\{U_{i_1}, U_{i_2}, \dots, U_{i_n}\} \cup \{U_{t_1}, U_{t_2}, \dots, U_{t_n}\}$ is a sub-cover of $A \cup B$. In consequence, $A \cup B$ is (i, j) - α^m - C -compact. \square

Theorem 16. Let $f : (X, \tau_1, \tau_2) \rightarrow (Y, \sigma_1, \sigma_2)$ be an (i, j) - α^m -continuous function, then the image of an (i, j) - α^m - C -compact is (i, j) - α^m - C -compact.

Proof. Let X be (i, j) - α^m - C -compact and let f be an (i, j) - α^m -continuous function. Now, let $\{U_i : i \in I\}$ be any cover τ_j - α^m -open of Y , then $\{f^{-1}(U_i) : i \in I\}$ is a cover τ_j - α^m -open of X which is (i, j) - α^m - C -compact. And so, there exists $i_1, i_2, \dots, i_n \in I$ such that $\{f^{-1}(U_{i_j}) : j = 1, 2, \dots, n\}$ is a cover of X and since f is (i, j) - α^m -continuous, then $\{U_{i_j} : j = 1, 2, \dots, n\}$ is a finite sub-cover of Y . Therefore, Y is (i, j) - α^m - C -compact. \square

Theorem 17. *Let A be τ_i -closed of a (i, j) - α^m - C -compact space X , then A is (i, j) - α^m - C -compact.*

Proof. Let A be τ_i -closed of a (i, j) - α^m - C -compact space X and let $\Pi = \{V_\delta : \delta \in \Delta\}$ a cover τ_j - α^m -open of a subset τ_i -closed B of A . Now, since A is τ_i -closed, Π is a cover τ_j - α^m -open of a subset τ_i -closed B of A . Therefore, $B \subset \bigcup_{i=1}^n \tau_i$ - α^m - $BCL(V_i)$. In consequence A is (i, j) - α^m - C -compact. \square

Definition 20. *A topological space (X, τ) is said to be α^m - C -compact, if for each subset closed $A \subset X$ and for each set α^m -open which is a cover $\mathbb{U} = \{U_\delta | \delta \in \Delta\}$ of A , there exists a finite sub-collection $\{U_{\delta_i} | 1 \leq i \leq n\}$ de \mathbb{U} , such that*

$$A \subset \bigcup_{i=1}^n Cl_{\alpha^m}(U_{\delta_i}).$$

Theorem 18. *Let (X, τ_1, τ_2) be (i, j) - α^m - C -compact, then (X, τ_1) and (X, τ_2) are α^m - C -compact.*

Proof. Let $\{U_i : i \in I\}$ be any cover α^m -open of X , this implies that $\{U_i : i \in I\}$ is a cover α^m -open of X and since X is an (i, j) - α^m - C -compact, thus there exists a finite sub-cover of X . Indeed, (X, τ_1) is α^m - C -compact.

The proof of (X, τ_2) is similar to (X, τ_1) . \square

Theorem 19. *If X is (i, j) - α^m - C -compact, then X is pairwise C -compact.*

Proof. Let A be a subset τ_j -closed of X , then $X - A$ is τ_j -open in X . It is well known that every τ_j -open set is α^m -open. Then, we have that $X - A$ is α^m -open set of X . Now, let Π a cover τ_j -open of A , then Π is a cover α^m -open de X . But, since X is (i, j) - α^m - C -compact, then there exists a finite sub-family $V_1, V_2, \dots, V_n \in \mathcal{C}$ such that $X = V_1 \cup V_2 \cup \dots \cup V_n$. Then, $A \subset V_1 \cup V_2 \cup \dots \cup V_n \cup (X - A)$, therefore $A \subset V_1 \cup V_2 \cup \dots \cup V_n$, where $V_1, V_2, \dots, V_n \in \Pi$. This implies that X is pairwise compact. \square

5. Conclusion

In this paper, we have studied the notions of compactness, connected and separation axioms properties by using (i, j) - α^m -open sets in bitopological spaces. The results obtained in this paper can allow to make some extensions or study new properties such that para-compactness. Also, these results can be proved in tritopological spaces.

References

- [1] Das, s., Das, R., Granados, C., and Mukherjee, M., *Pentapartitioned Neutrosophic Q-Ideals of Q-Algebra*, Neutrosophic Sets and Systems. **41**(2021), 52-63.
- [2] Fletcher, P., Hoyle, H. and Patty, W., *The comparison of topologies*, Duke Math. J. . **36**(1969), 325-331.
- [3] Granados, C., *Contra (i, j) - α^m -continuous functions in bitopological spaces*, Journal of Applied Science and Computations. **7**(5)(2020), 64-67.
- [4] Granados, C., *α^m -closed sets in bitopological spaces*, International Journal of Mathematical Analysis. **14**(4)(2020), 171-175.
- [5] Granados, C., *ω - \mathcal{N} - α -open sets and ω - \mathcal{N} - α -continuity in bitopological spaces*, General Letters in Mathematics, **8**(2)(2020), 41-50.
- [6] Granados, C., *A note on semi-open sets in triclosure spaces*, Journal of Mathematical and Computational Science, **11**(1)(2021), 769-778.
- [7] Granados, C., *Conjuntos Pre regular pc-I-abiertos vía ideales sobre espacios topológicos*, Ciencia en Desarrollo. **12**(1)(2021), 43-53.
- [8] Kelly, J., *Bitopological spaces*, Proc. London Math. Soc. **13**(3)(1963), 71-89.
- [9] Padma, P., Chandrasekhara, K. and Udayakumar, S., *Pairwise SC compact spaces*, International Journal of Analysis and Applications. **2**(2)(2013), 162-172.
- [10] Pervin, W., *Connectedness in bitopological spaces*, Ind. Math. **29**(1967), 369-372.



Equivalent kernels, dual relation, and applications

Núcleos equivalentes, relación dual y aplicaciones

Arnaldo De La Barrera^a; Elgar Gualdrón^a; Osmín Ferrer^b

^a Department of Mathematics, University of Pamplona, Address P.O.Box 543057, Pamplona, Colombia.

^b Department of Mathematics, University of Sucre, Address P.O.Box 700001, Sincelejo, Colombia.

Correspondencia: abarrera1994@unipamplona.edu.co

Recibido: Agosto 30, 2022. Aceptado: Octubre 04, 2022. Publicado: Octubre 27, 2022

Resumen

El objetivo de este trabajo es estudiar algunos núcleos definidos positivos a valores operadores en espacios de Hilbert. Demostramos la existencia de un núcleo K_2 asociado a cualquier par de núcleos equivalentes K_1 y K . El par (K_1, K_2) se llama núcleos biequivalentes. Además, demostramos que K_2 y K son equivalentes y satisfacen una relación dual similar a las bases de Riesz, las sucesiones biortogonales y los marcos duales en los espacios de Hilbert. Como una consecuencia, obtenemos nuevos resultados para los procesos estocásticos.

Palabras clave: Núcleos definidos positivos; Sistemas biortogonales; Descomposición de Kolmogorov; Kernels biequivalentes; Relación dual.

Abstract:

The aim of this paper is to study some positive definite kernels for operator values in Hilbert spaces. We prove the existence of a kernel K_2 associated with any pair of equivalent kernels K_1 and K . The pair (K_1, K_2) is called biequivalent kernels. Moreover, we show that K_2 and K are equivalent and satisfy a dual relation similar to Riesz bases, biorthogonal sequences, and dual frames in Hilbert spaces. As a consequence, we obtain new results for stochastic processes.

Keywords: Positive definite kernels; biorthogonal systems; Kolmogorov decomposition; biequivalent kernels; dual relation.

1 Introduction

In this paper, we study positive definite kernels for operator values in Hilbert spaces. The positive definite kernels play an increasingly prominent role in many applications such as scattered data fitting, numerical solution of PDEs, probability theory and statistics, and stochastic analysis. Extensions for kernels are given to the operator values of the results obtained in [2] for the scalar case. We obtain results are similar with some known results about biorthogonal bases, dual frames, and wavelets. These results are motivated by the importance and applications of dual bases, frames dual, and wavelets and their great relevance in pure and applied mathematics, see [6, 7, 8, 11, 10].

Let $(X, \|\cdot\|)$ be a Banach space. Let I be nonempty. A family $\{(x_i, x_i^*)\}_{i \in I}$ of pairs in $X \times X^*$ is called a *biorthogonal system* in $X \times X^*$ if

$$\langle x_i, x_i^* \rangle = \delta_{i,j}$$

where $\delta_{i,j}$ is the Kronecker δ , for all $i, j \in I$.

Let T be a positive linear operator on the Hilbert space \mathcal{H} such

that for every $x \in \mathcal{H}$

$$A \langle x, x \rangle \leq \langle Tx, x \rangle \leq B \langle x, x \rangle \quad (1.1)$$

for some $0 < A \leq B$. Then T is invertible on \mathcal{H} and for every $x \in \mathcal{H}$ it follows that

$$\frac{1}{B} \langle x, x \rangle \leq \langle T^{-1}x, x \rangle \leq \frac{1}{A} \langle x, x \rangle.$$

We now recall the definition of a Riesz basis (see [11]). Let \mathcal{H} be a separable Hilbert space. A family $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ in \mathcal{H} is called a Riesz basis if it is the image of an orthonormal basis $\{e_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ under an bounded invertible operator $T : \mathcal{H} \rightarrow \mathcal{H}$, that is, if

$$Te_n = x_n \quad \text{for } (n = 1, 2, 3, \dots).$$

There are numerous alternative but equivalent definitions of a Riesz basis (see [11], Theorem 9 on page 32).

Let \mathcal{H} be a Hilbert space. Then the sequence $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ is a Riesz basis for \mathcal{H} if and only if the sequence $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ is complete

in \mathcal{H} and there exist positive constants A, B , such that for any sequence of scalars $a = \{a_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ with finite support one has

$$A \sum_{n \in \mathbb{N}} |a_n|^2 \leq \left\| \sum_{n \in \mathbb{N}} a_n x_n \right\|^2 \leq B \sum_{n \in \mathbb{N}} |a_n|^2.$$

Proposition 1. Let $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ be a Riesz basis for a Hilbert space \mathcal{H} and let $\{y_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ be biorthogonal to $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$. Then for every $x \in \mathcal{H}$ there exist positive constants A, B such that

$$A \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, y_n \rangle|^2 \leq \|x\|^2 \leq B \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, y_n \rangle|^2.$$

The following dual relation holds

$$\frac{1}{B} \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, x_n \rangle|^2 \leq \|x\|^2 \leq \frac{1}{A} \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, x_n \rangle|^2.$$

Definition 2. We call $\Lambda = \{\Lambda_i \in B(\mathcal{H}, \mathcal{H}_i) : i \in I\}$ a g -frame for \mathcal{H} with respect to $\{\mathcal{H}_i\}_{i \in I}$, or simply, a g -frame for \mathcal{H} , if there exist two positive constants A, B such that

$$A \|f\|^2 \leq \sum_{i \in I} \|\Lambda_i f\|^2 \leq B \|f\|^2, \quad f \in \mathcal{H}.$$

The positive numbers A and B are called the lower and upper g -frame bounds, respectively. We call Λ a tight g -frame if $A = B$ and we call it a Parseval g -frame if $A = B = 1$. If only the second inequality holds, we call it a g -Bessel sequence. If Λ is a g -frame, then the g -frame operator S_Λ is defined by

$$S_\Lambda f = \sum_{i \in I} \Lambda_i^* \Lambda_i f, \quad f \in \mathcal{H}$$

which is a bounded, positive and invertible operator such that

$$AI \leq S_\Lambda \leq BI$$

and for each $f \in \mathcal{H}$, we have

$$\frac{1}{B} \|f\|^2 \leq \sum_{i \in I} \|\Lambda_i S_\Lambda^{-1} f\|^2 \leq \frac{1}{A} \|f\|^2.$$

The canonical dual g -frame for Λ is defined by $\{\Lambda_i S_\Lambda^{-1}\}_{i \in I}$ with bounds $\frac{1}{B}, \frac{1}{A}$.

Our paper is organized as follows. After an introduction, Section 2 presents some basic definitions concerning positive operators, Riesz bases, biorthogonal systems, g -frames in Hilbert spaces and Kolmogorov decompositions that are used throughout this paper, see for instance [4, [11], 9, 3]. Sections 3 present some results about positive definite kernels for operator values in Hilbert spaces, see [11]. We show that two kernels K_2 and K are equivalent and satisfy a dual relation similar to Riesz bases, biorthogonal sequences, and dual frames in Hilbert spaces. Finally, section 4, we obtain new results for stochastic processes.

2 Preliminaries

In this section, we describe some properties of bases in Banach spaces, Hilbert spaces and linear operators, and Kolmogorov Decomposition Theorem. For more details, see instance [4, [11], 3].

Definition 3. Let $(X, \|\cdot\|)$ be a Banach space. Let I be a nonempty. A family $\{(x_i, x_i^*)\}_{i \in I}$ of pairs in $X \times X^*$ is called a biorthogonal system in $X \times X^*$ if

$$\langle x_i, x_i^* \rangle = \delta_{i,j}$$

where $\delta_{i,j}$ is the Kronecker δ , for all $i, j \in I$. From now on, we deal only with the case that the index set I is countable.

Given a basis $\{x_n\}_{n \in I}$, we define the coordinate functionals $x_n^* : X \rightarrow \mathbb{R}$ by $x_n^*(x) = a_n$, where $x = \sum_{n=1}^\infty a_n x_n$. It is easily seen that each x_n^* is linear and satisfies $x_n^*(x_m) = \delta_{m,n}$ for all $n, m \in I$.

Definition 4. Let $(X, \|\cdot\|)$ be a Banach space over \mathbb{C} and $\{(x_i, x_i^*)\}_{i \in I}$ be a biorthogonal system. Then

- (i) The system $\{x_i\}_{i \in I}$ is *total* if $\langle x, x_i^* \rangle = 0$ for all $i \in I$ implies $x = 0$.
- (ii) The system $\{x_i\}_{i \in I}$ is *fundamental* if the finite linear combinations of $\{x_i\}_{i \in I}$ are dense in X . i.e. if $\langle x_i, x^* \rangle = 0$ for all $i \in I$ implies $x^* = 0$,
- (iii) The system $\{x_i\}_{i \in I}$ is *bounded* if there exists a constant $c \geq 1$ such that $\|x_i\| \|x_i^*\| \leq c$ for all $i \in I$.
- (iv) A biorthogonal system $\{(x_i, x_i^*)\}_{i \in I}$ is said to be *complete* if it is fundamental and total.

2.1 Positive Operators, Riesz Bases, Biorthogonal Systems in Hilbert Spaces and g -frames

Next, we summarize some well-known results about positive operators, Riesz bases, biorthogonal systems, and g -frames (see [4], [11] and [9]).

Definition 5. A bounded operator T acting on a Hilbert space \mathcal{H} is said to be positive if $T = T^*$ and $\langle Tx, x \rangle \geq 0$ for all $x \in \mathcal{H}$.

Proposition 6. [4] Theorem 4.6.11] Let T be a positive linear operator on the Hilbert space \mathcal{H} such that for every $x \in \mathcal{H}$

$$A \langle x, x \rangle \leq \langle Tx, x \rangle \leq B \langle x, x \rangle, \tag{2.1}$$

for some $0 < A \leq B$. Then T is invertible on \mathcal{H} and for every $x \in \mathcal{H}$ it follows that

$$\frac{1}{B} \langle x, x \rangle \leq \langle T^{-1}x, x \rangle \leq \frac{1}{A} \langle x, x \rangle. \tag{2.2}$$

In a separable Hilbert space, the most important bases are orthonormal. Second in importance are those bases that are equivalent to some orthonormal bases. They will be called Riesz bases, and they constitute the largest and most tractable class of bases known. Some definitions and results can be found, for example, in [11].

Definition 7. Let \mathcal{H} be a separable Hilbert space. A family $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ in \mathcal{H} is called a Riesz basis if it is the image of an orthonormal basis $\{e_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ under an bounded invertible operator $T : \mathcal{H} \rightarrow \mathcal{H}$, that is, if

$$Te_n = x_n \quad \text{for } (n = 1, 2, 3, \dots).$$

Proposition 8. Let \mathcal{H} be a Hilbert space. Then the sequence $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ is a Riesz basis for \mathcal{H} if and only if the sequence $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ is complete in \mathcal{H} and there exist positive constants A, B , such that for any sequence of scalars $a = \{a_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ with finite support one has

$$A \sum_{n \in \mathbb{N}} |a_n|^2 \leq \left\| \sum_{n \in \mathbb{N}} a_n x_n \right\|^2 \leq B \sum_{n \in \mathbb{N}} |a_n|^2.$$

For the proof of this see [11, Theorem 9 on page 32].

Proposition 9. Let $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ be a Riesz basis for a Hilbert space \mathcal{H} and let $\{y_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ be biorthogonal to $\{x_n\}_{n \in \mathbb{N}}$. Then for every $x \in \mathcal{H}$ there exist positive constants A, B such that

$$A \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, y_n \rangle|^2 \leq \|x\|^2 \leq B \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, y_n \rangle|^2.$$

The following dual relation holds

$$\frac{1}{B} \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, x_n \rangle|^2 \leq \|x\|^2 \leq \frac{1}{A} \sum_{n \in \mathbb{N}} |\langle x, x_n \rangle|^2.$$

We have the following generalization of the previous result, see for example [9].

Definition 10. We call $\Lambda = \{\Lambda_i \in B(\mathcal{H}, \mathcal{H}_i) : i \in I\}$ a g-frame for \mathcal{H} with respect to $\{\mathcal{H}_i\}_{i \in I}$, or simply, a g-frame for \mathcal{H} , if there exist two positive constants A, B such that

$$A \|f\|^2 \leq \sum_{i \in I} \|\Lambda_i f\|^2 \leq B \|f\|^2, \quad f \in \mathcal{H}.$$

The positive numbers A and B are called the lower and upper g-frame bounds, respectively. We call Λ a tight g-frame if $A = B$ and we call it a Parseval g-frame if $A = B = 1$. If only the second inequality holds, we call it a g-Bessel sequence. If Λ is a g-frame, then the g-frame operator S_Λ is defined by

$$S_\Lambda f = \sum_{i \in I} \Lambda_i^* \Lambda_i f, \quad f \in \mathcal{H}$$

which is a bounded, positive and invertible operator such that

$$AI \leq S_\Lambda \leq BI$$

and for each $f \in \mathcal{H}$, we have

$$\frac{1}{B} \|f\|^2 \leq \sum_{i \in I} \|\Lambda_i S_\Lambda^{-1} f\|^2 \leq \frac{1}{A} \|f\|^2.$$

The canonical dual g-frame for Λ is defined by $\{\Lambda_i S_\Lambda^{-1}\}_{i \in I}$ with bounds $\frac{1}{B}, \frac{1}{A}$.

2.2 Kolmogorov Decomposition Theorem

Let $\{\mathcal{H}_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ be a family of closed subspaces of a Hilbert space \mathcal{H} . Then, the closure of the linear span of these spaces is denoted by $\bigvee_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$. If the subspaces \mathcal{H}_n are pairwise orthogonal, i.e. $\mathcal{H}_i \perp \mathcal{H}_j$ for $i \neq j$, then the notation $\bigoplus_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$ is used instead of $\bigvee_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$. This space $\bigoplus_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$ will be called the orthogonal sum of the pairwise orthogonal subspaces \mathcal{H}_n .

Let $\{\mathcal{H}_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ be a family of Hilbert spaces. An operator-valued kernel on \mathbb{Z} to $\{\mathcal{H}_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is an application $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow \bigcup_{m, n \in \mathbb{Z}} \mathcal{L}(\mathcal{H}_m, \mathcal{H}_n)$ such that $K(n, m) \in \mathcal{L}(\mathcal{H}_m, \mathcal{H}_n)$ for $n, m \in \mathbb{Z}$.

In this section and the following one, unless it is otherwise stated, the kernels will be operator-valued ones.

A kernel K on \mathbb{Z} with $\{\mathcal{H}_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is a positive definite kernel if

$$\sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}_n} \geq 0,$$

for all sequences $\{h_n\}$ in $\bigoplus_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$ with finite support (i.e. $h_n = 0$ except for finite number of integers n).

Let K be a positive definite kernel. Let \mathcal{F} be the linear space of elements $\bigoplus_{n \in \mathbb{Z}} \mathcal{H}_n$ and \mathcal{F}_o the space of elements \mathcal{F} with finite support.

Define $B_K : \mathcal{F}_o \times \mathcal{F}_o \rightarrow \mathbb{C}$ with

$$B_K(f, g) = \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) f_m, g_n \rangle_{\mathcal{H}_n}, \quad (2.3)$$

for $f, g \in \mathcal{F}_o$, $f = \{f_n\}$, $g = \{g_n\}$, $f_n, g_n \in \mathcal{H}_n$.

Note that B_K , satisfies all properties of an inner product, except for the fact that the set

$$\mathcal{N}_K = \{h \in \mathcal{F}_o : B_K(h, h) = 0\}$$

could be nontrivial.

According to the Cauchy-Schwarz inequality

$$\mathcal{N}_K = \{h \in \mathcal{F}_o : B_K(h, g) = 0, \text{ for all } g \in \mathcal{F}_o\},$$

hence \mathcal{N}_K is a linear subspace of \mathcal{F}_o .

The quotient space $\mathcal{F}_o / \mathcal{N}_K$ is also a linear subspace. If $[h]$ stands for the class in $\mathcal{F}_o / \mathcal{N}_K$ of the element h then the application

$$\langle [h], [g] \rangle = B_K(h, g), \quad h, g \in \mathcal{F}_o$$

is well defined. To prove that $\langle \cdot, \cdot \rangle$ is an inner product on $\mathcal{F}_o/\mathcal{N}_K$ is straightforward.

The completion of $\mathcal{F}_o/\mathcal{N}_K$ with respect to the norm induced by this inner product is a Hilbert space. It is known as *the Hilbert space associated with the positive definite kernel K* and it is denoted by \mathcal{H}_K . The inner product and the norm of \mathcal{H}_K will be represented as $\langle \cdot, \cdot \rangle_{\mathcal{H}_K}$ and $\| \cdot \|_{\mathcal{H}_K}$ respectively. This norm will be named as *the norm induced by K* .

The following theorem is a version of the classical result of Kolmogorov (See [5] for a historical review).

Theorem 11 (Kolmogorov). *Let $\{\mathcal{H}_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ be a family of Hilbert spaces and let $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow \bigcup_{m,n \in \mathbb{Z}} \mathcal{L}(\mathcal{H}_m, \mathcal{H}_n)$ is a positive definite kernel. Then there exists an application V defined on \mathbb{Z} such that $V(n) \in L(\mathcal{H}_n, \mathcal{H}_K)$ for each $n \in \mathbb{Z}$ and*

(a) $K(n, m) = V^*(n)V(m)$ if $n, m \in \mathbb{Z}$.

(b) $\mathcal{H}_K = \bigvee_{n \in \mathbb{Z}} V(n)\mathcal{H}_n$.

(c) *The decomposition is unique in the following sense: if \mathcal{H}' is another Hilbert space and V' defined on \mathbb{Z} is an application such that $V'(n) \in L(\mathcal{H}_n, \mathcal{H}_K)$ for each $n \in \mathbb{Z}$ that satisfy (a) and (b), then there exists a unitary operator $\Phi : \mathcal{H}_K \rightarrow \mathcal{H}'$ such that $\Phi V(n) = V'(n)$ for all $n \in \mathbb{Z}$.*

A proof of this theorem can be found in [3] Teorema 3.1].

An application V that satisfies the property (a) in the former theorem is called *The Kolmogorov Decomposition of the Kernel K* or simply, a *Decomposition of the kernel K* (see [3]). The property (b) is known as *the minimality condition* of Kolmogorov Decomposition. The meaning of property (c) is that, given the minimality condition (b), the Kolmogorov Decomposition is essentially unique.

3 Equivalent Positive Definite Kernels To Operator Values, Biequivalent kernels, and dual relation

In this section, we present some of the results given in [1]. In what follows, we will assume that \mathcal{H} is a separable Hilbert space. Inspired by the theory of Riesz bases (see, [11]), we define and study a new class of positive definite kernels. Also deduce some results for positive definite kernels by using the equivalent kernels and Kolmogorov decompositions.

Definition 12. Let $K_1, K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ be two positive definite kernels.

We say that K_1 and K_2 are *equivalent* if there exist two constants A, B with $0 < A \leq B$ such that

$$A\| [h]_{K_1} \|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2 \leq \| [h]_{K_2} \|_{\mathcal{H}_{K_2}}^2 \leq B\| [h]_{K_1} \|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2,$$

for $h \in \mathcal{F}_o$.

Remark 13. Let $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ is a positive definite kernel. Let $h \in \mathcal{F}_o$ and $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ a sequence in \mathcal{H} with finite support.

From the definition of the norm induced by the kernel K and the Kolmogorov decomposition theorem, we have

$$\begin{aligned} \| [h] \|_{\mathcal{H}_K}^2 &= \langle [h], [h] \rangle_{\mathcal{H}_K} = \sum_{n,m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m)h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \sum_{m,n \in \mathbb{Z}} \langle V_K^*(n)V_K(m)h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n)h_n \right\|_{\mathcal{H}}^2. \end{aligned}$$

Theorem 14. *Let $K_1, K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow \mathcal{L}(\mathcal{H})$ are two positive definite kernels. Then the following conditions are equivalent:*

- (i) *Kernels K_1 and K_2 are equivalent.*
- (ii) *There exists a bijective bounded linear map with bounded inverse,*

$$\Phi : \mathcal{H}_{K_1} \rightarrow \mathcal{H}_{K_2}$$

such that

$$\Phi V_{K_1}(n) = V_{K_2}(n) \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z}.$$

- (iii) *There exist are two constants A, B with $0 < A \leq B$ such that*

$$\begin{aligned} A \sum_{n,m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m)h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n,m \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m)h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq B \sum_{n,m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m)h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \end{aligned}$$

for every sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H}$.

For the proof of this see [1].

3.1 Equivalent kernels: main results

Extensions for kernels are given to the operator values of the results obtained in [2] for the scalar case. These results are motivated by the importance and applications of dual bases, dual frames, and wavelets and their great relevance in pure and applied mathematics, see [11, 6, 7, 10, 8, 9]. We show that two kernels K_2 and K are equivalent and satisfy a dual relation similar to Riesz bases and biorthogonal sequences.

Proposition 15. *Let $K_1 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ and $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ are two positive definite kernels such that K_1 and K are equivalent. Then there exists a unique positive definite kernel $K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ with $V_{K_2}(n) \in \mathcal{H}_{K_1}$ for all $n \in \mathbb{Z}$ such that*

$$V_{K_1}^*(n)V_{K_2}(m) = K(n, m) \quad \text{for every } m, n \in \mathbb{Z}. \quad (3.1)$$

Furthermore, the kernel K_2 is equivalent to K_1 . In this case, it is said to be that (K_1, K_2) is a pair of *biequivalent positive definite kernels with kernel K* .

Proof. Since K_1 and K are equivalent, by Theorem 14, there exists a bounded invertible operator $\Phi : \mathcal{H}_{K_1} \rightarrow \mathcal{H}_K$ such that

$$\Phi V_{K_1}(n) = V_K(n) \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z}.$$

Let $K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ the kernel given by

$$K_2(n, m) = (\Phi^* \Phi V_{K_1}(n))^* \Phi^* \Phi V_{K_1}(m)$$

for every $m, n \in \mathbb{Z}$.

It is easily seen that K_2 is a positive definite kernel. For any sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ in \mathcal{H} , it follows that

$$\begin{aligned} & \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} = \dots \\ & \dots = \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle (\Phi^* \Phi V_{K_1}(n))^* \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ & = \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) h_m, \Phi^* \Phi V_{K_1}(n) h_n \rangle_{\mathcal{H}_{K_1}} \\ & = \left\langle \sum_{m \in \mathbb{Z}} \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) h_m, \sum_{n \in \mathbb{Z}} \Phi^* \Phi V_{K_1}(n) h_n \right\rangle_{\mathcal{H}_{K_1}} \\ & = \left\| \sum_{m \in \mathbb{Z}} \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) h_m \right\|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2 \geq 0. \end{aligned}$$

Then $V_{K_2}(n) \in \mathcal{H}_{K_1}$ for all $n \in \mathbb{Z}$ and

$$\begin{aligned} V_{K_1}^*(n) V_{K_2}(m) &= V_{K_1}^*(n) \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) (\Phi V_{K_1}(n))^* \Phi V_{K_1}(m) \\ &= V_K^*(n) V_K(m) = K(n, m). \end{aligned}$$

for every $m, n \in \mathbb{Z}$.

Suppose now that K_3 is a positive definite kernel such that $V_{K_3}(m) \in \mathcal{H}_{K_1}$ which also satisfies 3.1. Then for any fixed m

$$V_{K_1}^*(n) V_{K_2}(m) = V_{K_1}^*(n) V_{K_3}(m) \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z},$$

so we must have $V_{K_2}(m) - V_{K_3}(m) = 0$. This shows that K_2 is unique. Finally, since Φ is bounded and invertible, the adjoint operator Φ^* is also bounded and invertible and $\Phi^* V_K(m) = V_{K_2}(m)$ for each $m \in \mathbb{Z}$, then K_2 and K are equivalent. Now, being the kernels K and K_1 equivalent, we have by the transitivity property of the equivalence of kernels that K_2 is equivalent to K_1 . \square

In analogy with Proposition 9 (see also 4, 6, 8, 9)) we have the following.

Proposition 16 (dual relation). *Let $K_1 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ and $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ have two definite positive kernels such that K_1 and K are equivalent, and let $K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ with $V_{K_2}(n) \in \mathcal{H}_{K_1}$ for all $n \in \mathbb{Z}$ which satisfy the following relation*

$$V_{K_1}^*(n) V_{K_2}(m) = K(n, m) \quad \text{for every } m, n \in \mathbb{Z}.$$

Then, there exist positive constants $A \leq B$ such that

$$\begin{aligned} A \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq B \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \end{aligned}$$

Furthermore, one has the dual relation

$$\begin{aligned} \frac{1}{B} \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq \frac{1}{A} \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \end{aligned}$$

for every sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H}$.

Proof. The assumption that K_1 and K are equivalent implies there exist positive constants $A \leq B$ such that

$$\begin{aligned} A \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq B \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}}. \end{aligned}$$

Now show that one has the dual relation. Since K_1 and K are equivalent, by Theorem 14, there exists a bounded invertible operator $\Phi : \mathcal{H}_{K_1} \rightarrow \mathcal{H}_K$ such that

$$\Phi V_{K_1}(n) = V_K(n) \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z}.$$

As Φ is bounded and invertible, the adjoint operator Φ^* is also bounded and invertible.

Assertion

$$\Phi^* \Phi V_{K_1}(n) = V_{K_2}(n) \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z}.$$

Indeed, we have

$$\begin{aligned} V_{K_1}^*(n) V_{K_2}(m) &= V_{K_1}^*(n) \Phi^* \Phi V_{K_1}(m) = (\Phi V_{K_1}(n))^* \Phi V_{K_1}(m) \\ &= V_K^*(n) V_K(m) = K(n, m). \end{aligned}$$

for every $m, n \in \mathbb{Z}$.

Let $f \in \mathcal{H}_K$ given by

$$f = \sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) h_n, \quad \text{where } \{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H} \text{ with finite support.}$$

Then

$$\begin{aligned}
 \langle (\Phi\Phi^*)^{-1} f, f \rangle_{\mathcal{H}_K} &= \langle (\Phi^{-1})^* \Phi^{-1} f, f \rangle_{\mathcal{H}_K} \\
 &= \langle \Phi^{-1} f, \Phi^{-1} f \rangle_{\mathcal{H}_{K_1}} \\
 &= \|\Phi^{-1} f\|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2 \\
 &= \left\| \Phi^{-1} \left(\sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) h_n \right) \right\|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2 \\
 &= \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} V_{K_1}(n) h_n \right\|_{\mathcal{H}_{K_1}}^2 \\
 &= \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}}.
 \end{aligned}$$

Considering this and the inequality (2.1), of Proposition 6 we have that

$$A \|f\|_{\mathcal{H}_K}^2 \leq \langle (\Phi\Phi^*)^{-1} f, f \rangle_{\mathcal{H}_K} \leq B \|f\|_{\mathcal{H}_K}^2.$$

Since $f \in \mathcal{H}_K$ is arbitrary, one gets that the linear operator $(\Phi\Phi^*)^{-1}$ is positive, then by Proposition 6, we have

$$\frac{1}{B} \|f\|_{\mathcal{H}_K}^2 \leq \langle \Phi\Phi^* f, f \rangle_{\mathcal{H}_K} \leq \frac{1}{A} \|f\|_{\mathcal{H}_K}^2.$$

Given that,

$$\begin{aligned}
 \langle \Phi\Phi^* f, f \rangle_{\mathcal{H}_K} &= \langle \Phi^* f, \Phi^* f \rangle_{\mathcal{H}_{K_2}} = \|\Phi^* f\|_{\mathcal{H}_{K_2}}^2 \\
 &= \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} V_{K_2}(n) h_n \right\|_{\mathcal{H}_{K_2}}^2 = \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}},
 \end{aligned}$$

□

concludes the proof.

4 Multivariate Stochastic Processes, and equivalent Multivariate Stochastic Processes

In this section it will be used for the decomposition of the covariance Kernels between the stochastic processes (see, [3], section 1, Chapter 6). We obtain new results for stochastic processes.

4.1 Multivariate Stochastic Processes

Definition 17. A pair $[\mathcal{K}, X]$, where \mathcal{K} is a Hilbert space and $X = \{X_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is a family of operators in $\mathcal{L}(\mathcal{H}_n, \mathcal{K})$, is called a *geometric model of the multivariate process* with covariance kernel K , if

$$K(m, n) = X_m^* X_n.$$

The Kolmogorov Decomposition Theorem shows that given a positive definite kernel K , there exists a geometric model of the multivariate process with covariance kernel K . If $[\mathcal{K}, X]$ is the geometric model of the multivariate process with covariance kernel K then \mathcal{H}_X will be the subspace of \mathcal{K} generated by this model, that is,

$$\mathcal{H}_X = \bigvee_{n \in \mathbb{Z}} X_n \mathcal{H}_n. \tag{4.1}$$

If $[\mathcal{K}', X']$ is another geometric model of the same process, then the Kolmogorov Decomposition Theorem guarantees the existence of a unitary operator $\Phi : \mathcal{H}_X \rightarrow \mathcal{H}_{X'}$ such that $\Phi X_n = X'_n$ for all $n \in \mathbb{Z}$. This means that the geometry of the process is essentially determined by the choice of a geometric model such that

$$\mathcal{K} = \bigvee_{n \in \mathbb{Z}} X_n \mathcal{H}_n. \tag{4.2}$$

4.2 Equivalent Multivariate Stochastic Processes

From here on, $\mathcal{H}_n = \mathcal{H}$ for all $n \in \mathbb{Z}$ and the covariance kernel of the processes will be positive definite.

Theorem 18 (Isomorphism). Let $[\mathcal{W}, X]$ is a geometric model of the multivariate process and $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow \mathcal{L}(\mathcal{H})$ be the covariance kernel of the processes, then there exists a unitary operator $\Phi : \mathcal{H}_K \rightarrow \mathcal{H}_X$ such that

$$\Phi V_K(n) = X_n \quad \text{for every } n \in \mathbb{Z}.$$

Proof. Let $[\mathcal{W}, X]$, $X = \{X_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is a geometric model of a multivariate process and $K : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow \mathcal{L}(\mathcal{H})$ is the kernel of covariance associated with the process.

It follows that the covariance kernel and the space generated by the process are given by

$$K(n, m) = X_n^* X_m \quad \text{and} \quad \mathcal{H}_X = \bigvee_{n \in \mathbb{Z}} X_n \mathcal{H}.$$

On the other hand, since K is a positive definite kernel, one more time by the Kolmogorov decomposition theorem, there exists a Hilbert space \mathcal{H}_K and an application $V_K(n) \in \mathcal{L}(\mathcal{H}, \mathcal{H}_K)$ for all $n \in \mathbb{Z}$ such that

$$K(n, m) = V_K^*(n) V_K(m) \quad \text{and} \quad \mathcal{H}_K = \bigvee_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) \mathcal{H}.$$

Let us define the application $\Phi : \mathcal{H}_K \rightarrow \mathcal{H}_X$ in the following way

$$\Phi \left(\sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) h_n \right) = \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n,$$

where $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is a sequence with finite support in \mathcal{H} .

Then we have

$$\begin{aligned} \left\| \Phi \left(\sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) h_n \right) \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 &= \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 \\ &= \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle X_m h_m, X_n h_n \rangle_{\mathcal{H}_X} \\ &= \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle V_K^*(n) V_K(m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle V_K(m) h_m, V_K(n) h_n \rangle_K \\ &= \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} V_K(n) h_n \right\|_{\mathcal{H}_K}^2. \end{aligned}$$

All of this show us that the application Φ can be extended by continuity to a unit operator from \mathcal{H}_K over \mathcal{H}_X and moreover $\Phi V_K(n) = X_n$ for all $n \in \mathbb{Z}$. \square

Definition 19. Two geometric models of multivariate processes $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ are said to be *equivalent*, if $\dim(\mathcal{H}_X) = \dim(\mathcal{H}_Y)$ and there are two constants A, B with $0 < A \leq B$ such that

$$A \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 \leq \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 \leq B \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2,$$

where $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ is a sequence in \mathcal{H} with finite support.

From the Isomorphism Theorem [18] and the definitions, we have the following.

Proposition 20. Let $[\mathcal{W}, X]$ and $[\mathcal{W}_1, Y]$ be two geometric models of multivariate stochastic processes and K_1, K_2 the covariance kernels associated with the processes respectively. Then K_1 and K_2 are equivalent kernels if and only if $X = \{X_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ and $Y = \{Y_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ are equivalent processes.

Theorem 21. Let $[\mathcal{K}, X]$ y $[\mathcal{L}, Y]$ two geometric models of multivariate processes. The following conditions are equivalent:

- (i) The models of the multivariate processes $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ are equivalent.
- (ii) There is a bijective bounded linear application with bounded inverse

$$\psi : \mathcal{H}_X \rightarrow \mathcal{H}_Y$$

such that

$$\psi X_n = Y_n \quad \text{for all } n \in \mathbb{Z}.$$

- (iii) There exist two constants A, B with $0 < A \leq B$ such that

$$\begin{aligned} A \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle X_n^* X_m h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle Y_n^* Y_m h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq B \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle X_n^* X_m h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}}, \end{aligned}$$

for each sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H}$.

A proof of this theorem can be found in [11].

Proposition 22. Let $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ two geometric models of multivariate processes such that $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ are equivalent, and let $[\mathcal{M}, Z]$ be a geometric model of a multivariate process such that $Z = \{Z_n\}_{n \in \mathbb{Z}}$ with $Z_n \in \mathcal{H}_X$ for all $n \in \mathbb{Z}$ which satisfy the following relation

$$X_n^* Z_m = Y_n^* Y_m \quad \text{for all } m, n \in \mathbb{Z}.$$

Then, there exist positive constants $A \leq B$ such that

$$A \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 \leq \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 \leq B \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 \quad (4.3)$$

Furthermore, one has the following dual relation

$$\frac{1}{B} \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 \leq \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Z_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 \leq \frac{1}{A} \left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 \quad (4.4)$$

for each sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H}$.

Proof. Let $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ the geometric models of multivariate processes and K_1 and K are the covariance kernel associated with the stochastic processes, respectively. Since $[\mathcal{K}, X]$ and $[\mathcal{L}, Y]$ are equivalent, we have that the kernels K_1 and K are equivalent. Then there exists a unique positive definite kernel $K_2 : \mathbb{Z} \times \mathbb{Z} \rightarrow L(\mathcal{H})$ with $V_{K_2}(n) \in \mathcal{H}_{K_1}$ for all $n \in \mathbb{Z}$ such that

$$V_{K_1}^*(n) V_{K_2}(m) = K(n, m) \quad \text{for every } m, n \in \mathbb{Z}.$$

Now, by Proposition [16], there exist positive constants $A \leq B$ such that

$$\begin{aligned} A \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq B \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \end{aligned}$$

Furthermore, one has the dual relation

$$\begin{aligned} \frac{1}{B} \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} &\leq \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \\ &\leq \frac{1}{A} \sum_{n, m \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}} \end{aligned}$$

for every sequence with finite support $\{h_n\}_{n \in \mathbb{Z}} \subset \mathcal{H}$. Therefore, if

$$K_2(n, m) = Z_n^* Z_m \quad \text{for all } m, n \in \mathbb{Z}.$$

Then the statement holds since

$$\left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Y_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_Y}^2 = \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle K(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}},$$

$$\left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} X_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 = \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle K_1(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}}$$

and

$$\left\| \sum_{n \in \mathbb{Z}} Z_n h_n \right\|_{\mathcal{H}_X}^2 = \sum_{m, n \in \mathbb{Z}} \langle K_2(n, m) h_m, h_n \rangle_{\mathcal{H}}.$$

□

5 Conclusions

In this paper, the existence of a positive definite kernel is guaranteed for every pair of equivalent positive definite kernels. We have used Kolmogorov decomposition theorem and equivalent kernels. Furthermore, we show a dual relation in the context of positive definite kernels of results concerning Riesz bases and dual frames in Hilbert spaces as well as in Krein spaces, see [11, 4, 6, 8]. Also we obtain new results for stochastic processes. In future work we could think give new results and establishing connections with the theory of frames, Riesz bases and non-trivial examples of this research in generalized Hilbert spaces.

References

- [1] A. De la Barrera, O. Ferrer and J. Sanabria, Positive definite kernels on the set of integers, stability, some properties and applications, *Studia Universitatis Bades-Bolyai Mathematica*, **65** (2020). (preprint)
- [2] K. Esmeral, O. Ferrer and A. De La Barrera, Positive definite, biequivalent kernels, duality and applications, *Bulgaria International Journal of Mathematical Analysis*, **11** (2017), 901-910.
- [3] T. Constantinescu. Schur Parameters, Factorization and Dilation Problems (1st ednt.), Birkhäuser Verlag, **1996**.
- [4] L. Debnath and P. Mikusinski, Hilbert Spaces with Applications, *Academic Press, Florida*, **2005**.
- [5] D. Evans and J. Lewis, Dilations of Irreversible Evolutions in Algebraic Quantum Theory, *Communications of the Dublin Institute of Advanced Studies, Series A (Theoretical Physics)*, **1977**.
- [6] K. Esmeral and O. Ferrer, Dual and Similar Frames in Krein Spaces, *International Journal of Mathematical Analysis* **10** (2016), 939 - 952.
- [7] K. Esmeral, O. Ferrer and E. Wagner, Frames in Krein spaces arising from a non-regular W-metric, *Banach J. Math. Anal.* **9** (2015), 1–16.
- [8] N.K. Sahu and R. N. Mohapatra, Frames in Semi-inner Product Spaces, *Mathematical Analysis and its Applications Roorkee*, **143** (2014).
- [9] W. Sun . G-frames and g-Riesz bases , *Journal of Mathematical Analysis and Applications.* **9** (2006), 437–452.
- [10] S. Kumari and R. Vijay, Analysis of Orthogonal and Biorthogonal Wavelet Filters for Image Compression, *International Journal of Computer Applications* **21** (2011), 0975 – 8887.
- [11] R. M. Young, An introduction to nonharmonic Fourier Series, Academic Press, New R. M. Young, An introduction to Nonharmonic Fourier Series, *Academic Press, New York*, **1980**.



Application of a limit function of negative hypergeometric distribution in option pricing

Aplicación de una función límite de distribución hipergeométrica negativa en la valoración de opciones

Samson O. Egege ^a; Bright O. Osu ^a; Carlos Granados ^b

^a Department of Mathematics, Abia State University, Utura, Nigeria

^b Escuela de Educación, Universidad Nacional Abierta y a Distancia, Puerto Colombia, Colombia.

Correspondencia: carlosgranadosortiz@outlook.es

Recibido: Septiembre 30, 2022. Aceptado: Noviembre 10, 2022. Publicado: Noviembre 15, 2022

Resumen

Este trabajo presenta la función límite de una distribución hipergeométrica negativa que se aplica en la valoración de opciones utilizando la ecuación de riqueza y algunas herramientas de martingala. Este artículo presenta un modelo de tiempo discreto simple en comparación con otro modelo existente. Este trabajo concluye que el límite de la hipergeometría negativa se puede asociar con términos financieros que se pueden usar para evaluar los valores de las opciones (sin dividendos), lo que da el mismo valor numérico que el modelo CRR.

Palabras clave: Distribución negativa hipergeométrica, ecuación de riqueza y opción.

Abstract

This work introduces limit function of a negative hyper geometric distribution which is applied in option pricing using wealth equation and some martingale tools. This paper presents a simple discrete time model in compares with another existing model. This work concludes that limit of negative hyper geometric can be associated with financial terms that can be used to evaluate option values (non dividend) which gives the same numerical with CRR model.

Keywords: Negative hyper geometric distribution, wealth equation and option

1. Introduction

This paper focuses on a negative hyper-geometric distribution discussed in [5] which is given as of the form

$$nh_{R,S,r}(x) = \frac{\binom{r+x-1}{x} \binom{R-r+S-x}{S-x}}{\binom{R+S}{S}} \quad x = 0, 1, \dots, S \quad (1.0)$$

where $R, S \in \mathbb{N}$ and $r \in \{1, \dots, R\}$. The mean and Variance of X are given as $\frac{rS}{R+1}$ and $\frac{rS(R+S+1)(R-r+1)}{(R+1)^2(R+2)}$ respectively. If the terms and condition on the parameters of negative hyper geometric distribution are satisfy then the limit function of the distribution can be association with finance term to determine European option pricing. To enable the purchasing or selling of an option, we would like to be able to determine its value at any point in time. This paper aims to answer the question of option pricing under a simplified framework using the limit function of a negative hyper geometric distribution.

For example John Cox et al [3] gave a recursive procedure for finding the value of call with any number of periods to go with general formula for any n :

$$C = \left[\sum_{j=0}^n \left(\frac{n!}{j!(n-j)!} \right) p^j (1-p)^{n-j} \max[u^j d^{n-j} S - K] \right] / r^n \quad (1.1)$$

Now the proposed model of the form

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^T} \sum_k^T \binom{T}{k} \frac{r^k (R+r-1)^{T-k}}{(R+1)^T} \max[u^k d^{n-k} S_{(0)} - K] \quad \text{where } k = 0, 1 \dots T \quad (1.2)$$

In this paper, we make a characterization taking into account results presented in ([1], [2],[4]). For more notions related to the topic presents in this paper, we refer the reader to [9].

2. Method

Let X be the negative hygrometric random variable with the parameters R, T , and r . Its probability function is given as of the form

$$P_x(X) = \frac{\binom{r+k-1}{k} \binom{R-r+T-k}{T-k}}{\binom{R+T}{T}} \quad x = 0, 1, \dots, T$$

$$\begin{aligned} \text{If } P_x(X) &= \frac{\binom{r+k-1}{k} \binom{R-r+T-k}{S-k}}{\binom{R+T}{T}} \\ &= \binom{T}{k} \frac{(r+k-1)!(R-r+T-k)!}{(r-1)!(R-r)!} = \binom{T}{k} \frac{(r+k-1)!(R-r+T-k)!}{(r-1)!(R-r)!} \times \end{aligned}$$

$$\frac{T!}{(R+T)!}$$

$$\binom{T}{k} \frac{(R+k-1)(r+k-2)\dots r \times (R-r+k-k)(R-r+T-k-1)\dots(R-r+1)}{(R+T)(R+T-1)\dots(R+1)}$$

$$= \binom{T}{k} \frac{(R+1) \left[\frac{(r+1)r+k-2}{R+1} \dots \frac{r}{R+1} \right] \times (R+1) \left[\frac{(R-r+T-k)(R-r+T-k-1)}{R+1} \dots \frac{R-r+1}{R+1} \right]}{(R+1) \left[\frac{(R+T)(R+T-1)}{R+1} \dots 1 \right]}$$

$$= \binom{T}{k} \frac{(R+1)^k \left[\frac{r}{(R+1)} \dots \frac{(r+k-2)(r+k-1)}{(R+1)} \right] \times (R+1)^{T-k} \left[\frac{(R-r+1)}{(R+1)} \dots \frac{(R-r+T-k-1)(R-r+T-k)}{(R+1)} \right]}{(R+1)^T \left[1 \dots \frac{(R+T)}{(R+1)} \right]}$$

If $R, r \rightarrow \infty$ while $\frac{r}{R+1}$ and $1 - \frac{r}{R+1}$ remain constant.

$$\begin{aligned} P_x(X) &\rightarrow \left(\frac{r}{R+1}\right)^k \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right)^{S-T} \\ P_x(X) &\rightarrow \left(\frac{r}{R+1}\right)^k \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right)^{S-T} = \frac{r^k (R-r+1)^{T-k}}{(R+1)^T} \end{aligned} \quad (2.0)$$

Let the wealth equation defined on subset $\omega = \{H, T\}$

$$X_{k+1} = \Delta_k S_{k+1} + (1+r)(X_k - \Delta_k S_k) \quad (2.1)$$

where Δ_k is the share of stock, for $(X_k - \Delta_k S_k)$ invested in the money market.

where $k = 0, 1, \dots, N$

Solving (2.1)

$$\begin{aligned} X_{k+1} &= \Delta_k S_{k+1} + (1+r)(X_k - \Delta_k S_k) \\ (1+r)X_k + \Delta_k (S_{k+1} - (1+r)S_k) &= X_{k+1} \end{aligned}$$

$$X_k + \Delta_k \left[\frac{1}{(r+1)} S_{k+1}(H) - S_k \right] = \frac{X_{k+1}}{(r+1)}$$

$$X_k + \Delta_k \left[\frac{1}{(r+1)} S_{k+1}(H) - S_k \right] = \frac{X_{k+1}(H)}{(1+r)} \quad (2.2)$$

$$X_k + \Delta_k \left[\frac{1}{(r+1)} S_{k+1}(T) - S_k \right] = \frac{X_{k+1}(T)}{(r+1)} \quad (2.3)$$

Let $uS_k = S_{k+1}(H)$ and $S_{k+1}(T) = dS_k$
From equations 2.2 and 2.3, it follows that

$$\Delta_k = \frac{[X_{k+1}(H)X_{k+1}(T) - X_{k+1}(T)uX_{k+1}(H)]}{[u-d]S_k} \quad (2.4)$$

2.1 Assumptions

1. The initial value of the stock is $S(0)$ that is stock price at $T = 0$

2. At the end of the period, the price is the go up with a factor u or go down with a factor d , where $u = \frac{S_1(H)}{S_0} > 1$ and $d = \frac{S_1(T)}{S_0} < 1$ at $T = 1$
3. At the end of the period the price is either $uS(0)$ with neutral probabilities $\frac{r}{R+1}$ or $dS(0)$ with probability $\frac{R-r+1}{R+1}$.
4. The movement can also be traced from a view point of tossing a coin, which result to a head and tail. If it result to a head at a time one we have $S_{k+1}(H) = uS_n$, if it result to a tail at a time one, we have $S_{k+1}(T) = dS_n$
5. Assume $d < u$, if $d > u$ relabel; if $d = u$ then S_n is not a random.
6. Let $R = (1+r)$ and $0 < 1+r < u$, then no arbitrage

Lemma 2.1 : If $0 < d < 1+r < u$, then no arbitrage where d, r and u are followed at was mentioned in assumptions 2.1.

Proof:

Let consider $1+r \geq u > d$, and portfolio $Z: \left[x = -\frac{1}{S(0)}, y = \frac{1}{B(0)} \right]$ where $B(0)$ denotes the price of the bond at $t = 0$.

Let $V_Z(0)$ and $V_Z(1)$ respectively denote the value of the portfolio Z at $t = 0$ and $t = 1$.

$$\begin{aligned} V_Z(0) &= xS(0) + yB(0) \\ &= -\frac{1}{S(0)}S(0) + \frac{1}{B(0)}B(0) = 0 \end{aligned}$$

and

$$V_Z(0) = xS(1) + yB(1)$$

$$\begin{cases} -\frac{1}{S(0)}uS(0) + \frac{1}{B(0)}(1+r)B(0) & \text{with probability } > 1 \\ -\frac{1}{S(0)}dS(0) + \frac{1}{B(0)}(1+r)B(0) & \text{with probability } < 1 \end{cases}$$

$$= \begin{cases} (1+r) - u \geq 0 \\ (1+r) - d > 0 \end{cases} \quad (2.5)$$

(2.5) violates the no arbitrage

Lets $u > d \geq (1+r)$

Constructing a portfolio $Q: \left[x = \frac{1}{S(0)}, y = -\frac{1}{B(0)} \right]$

$$V_Q(0) = xS(0) - yB(0) = 0$$

$$\begin{cases} \frac{1}{S(0)}uS(0) - \frac{1}{B(0)}(1+r)B(0) & \text{with probability } > 1 \\ \frac{1}{S(0)}dS(0) - \frac{1}{B(0)}(1+r)B(0) & \text{with probability } < 1 \end{cases}$$

$$= \begin{cases} u - (1+r) > 0 \\ d - (1+r) \geq 0 \end{cases} \quad (2.6)$$

(2.6) clearly violates no arbitrage thus $0 < d < 1+r < u$ is justified.

Lemma 2.2: Let $\frac{r}{R+1} = \frac{1+r-d}{u-d}$ and $1 - \frac{r}{R+1} = \frac{u-1-r}{u-d}$ exist for $0 < \frac{r}{R+1} < 1 - \frac{r}{R+1}$, the following holds

- i. $\frac{r}{R+1} + 1 - \frac{r}{R+1} = \frac{1+r-d}{u-d} + \frac{u-1-r}{u-d} = 1$
- ii. $\left(\frac{r}{R+1}\right)u + \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)d \times \frac{1}{(1+r)} = 1$
- iii. $\sum_{i=1}^3 \frac{r}{R+1i} = 1 \quad \forall i = 1, 2, \dots, 3$

Proof:

I and ii are followed. Then, we prove iii. Let

$$\sum_{i=1}^3 \frac{r}{R+1i} = 1 \quad \forall i = 1, 2, 3 \dots$$

Defining $\frac{r}{R+1_1} = \left(\frac{r}{R+1}\right)^2$, $\frac{r}{R+1_2} = 2 \frac{r}{R+1} \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)$ and

$$\begin{aligned} \frac{r}{R+1_3} &= \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)^2 \\ \sum_{i=1}^3 \frac{r}{R+1_i} &= \sum_{i=1}^3 \left[\left(\frac{r}{R+1}\right)^2 + 2 \frac{r}{R+1} \left(1 - \frac{r}{R+1}\right) + \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)^2 \right] \\ &= \left[\left(\frac{r}{R+1}\right)^2 - \left(\frac{r}{R+1}\right)^2 + 1 \right] = 1 \end{aligned}$$

Lemma 2.3 let $S_{k+1}(H) = uS_k$ and $S_{k+1}(T) = dS_k$ then $\frac{S_k}{(1+r)^k} = \mathbb{E} \left[\frac{S_{k+1}}{(1+r)^{k+1}} \right]$ where $k = 0, 1 \dots N$.

Proof:

$$\text{If } \left(\frac{r}{R+1}\right)u + \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)d \times \frac{1}{(1+r)} = 1$$

$$\text{Multiplying both side by } S_k \frac{1}{(1+r)} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right)uS_k + \left(1 - \frac{r}{R+1}\right)dS_k \right] = S_k$$

$$\text{Multiplying both by } \frac{1}{(1+r)^k}$$

$$\frac{S_k}{(1+r)^k} = \mathbb{E} \left[\frac{S_{k+1}}{(1+r)^{k+1}} \right].$$

Lemma 2.4: If $\Delta_k = \frac{[X_{k+1}(H) - X_{k+1}(T)]}{S_{k+1}(H) - S_{k+1}(T)}$ then the discounted wealth process under risk neutral measure.

$$\frac{X_k}{(1+r)^k} \quad k = 0, 1 \dots N \text{ is martingale.}$$

Proof:

$$\text{Multiplying (2.2) by } \frac{r}{R+1} \text{ and (2.3) } \frac{R-r+1}{R+1}$$

$$X_k + \Delta_k \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) \frac{1}{R+1} S_{k+1}(H) - \left(\frac{1}{R+1}\right) S_k \right] = \left(\frac{1}{1+r}\right) \left(\frac{r}{R+1}\right) X_{k+1}(H) \quad (2.7)$$

$$X_k + \Delta_k \left[\left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) \frac{1}{R+1} S_{k+1}(T) - \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) S_k \right] = \left(\frac{1}{1+r}\right) \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) X_{k+1}(T) \quad (2.8)$$

Adding (2.7) and (2.8)

$$\begin{aligned} X_k + \Delta_k \left[\frac{1}{1+r} \left(\frac{1}{R+1} S_{k+1}(H) \right) + \left(\frac{R-r+1}{R+1} \right) S_k \right] - S_k &= \\ \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1} \right) X_{k+1}(H) + \left(\frac{R-r+1}{R+1} \right) X_{k+1}(T) \right] & \end{aligned}$$

By lemma 2.3

$$X_k = \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) X_{k+1}(H) + \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) X_{k+1}(T) \right] \quad (2.9)$$

Multiplying both side by $\frac{1}{(1+r)^k}$

$$\begin{aligned} \frac{X_k}{(1+r)^k} &= \frac{1}{(1+r)^{k+1}} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) X_{k+1}(H) + \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) X_{k+1}(T) \right] \\ \frac{X_k}{(1+r)^k} &= \mathbb{E} \left[\frac{X_{k+1}}{(1+r)^{k+1}} \right]. \end{aligned}$$

Set $k = 0$ implies time zero (2.9) reduces to

$$X_0 = \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) X_1(H) + \left(\frac{R-r+1}{R+1}\right) X_1(T) \right] \quad (2.10)$$

Theorem 1.1

Given wealth equation (2.1) defined on the subset $\omega = \{HH, HT, TH, TT\}$ with a unfair probability and with $\Delta_k = \frac{[X_{k+1}(HH) - X_{k+1}(HT)]}{S_{k+1}(HH) - S_{k+1}(HT)}$ a discounted wealth process under risk neutral measure. Then

$$X_k = \frac{1}{(1+r)^k} \sum_k^T(T) \frac{r^k (R+r-1)^{T-k}}{(R+1)^T} \max[u^k d^{k-x} S_n - K] \quad (2.11)$$

Proof:

$$X_{k+1} = \Delta_k S_{k+1} + (1+r)(X_k - \Delta_k S_k)$$

Defining it on the subset $\omega = \{HH, HT, TH, TT\}$ of tossing a coins.

$$\begin{aligned} X_{k+1} &= \\ \begin{cases} X_{k+1}(HH) = \Delta_k S_{k+1}(HH) + (1+r)(X_k(H) - \Delta_k S_k(H)) \\ X_{k+1}(HT) = \Delta_k S_{k+1}(HT) + (1+r)(X_k(H) - \Delta_k S_k(H)) \\ X_{k+1}(TT) = \Delta_k S_{k+1}(TT) + (1+r)(X_k(H) - \Delta_k S_k(H)) \end{cases} \end{aligned}$$

Solving (2.12) and (2.13)

$$\Delta_k = \frac{X_{k+1}(HH) - X_{k+1}(HT)}{S_{k+1}(HH) - S_{k+1}(HT)} \quad (2.15)$$

$$\text{Solving (2.13) and (2.14)}$$

$$\Delta_k = \frac{X_{k+1}(HT) - X_{k+1}(TT)}{S_{k+1}(HT) - S_{k+1}(TT)} \quad (2.16)$$

Then

$$\begin{aligned} X_{k+1}(HH) &= \Delta_k S_{k+1}(HH) + (1+r)(X_k(H) - \Delta_k S_k(H)) \\ &= (1+r)X_k(H) + \Delta_k S_{k+1}(HH) - (1+r)\Delta_k S_k(H) = \\ X_{k+1}(HH) &= (1+r)X_k(H) + \Delta_k [S_{k+1}(HH) - (1+r)S_k(H)] = \\ X_{k+1}(HH) & \end{aligned}$$

$$\text{By (2.15)} \quad (1+r)X_k(H) + \frac{X_{k+1}(HH) - X_{k+1}(HT)}{S_{k+1}(HH) - S_{k+1}(HT)} [S_{k+1}(HH) - (1+r)S_k(H)] = X_{k+1}(HH)$$

Choose $X_{k+1}(HH) = C_{uu}$, $X_k(H) = C_u$, $X_{k+1}(HT) = C_{ud}$, and $S_{k+1}(HH) = uS_n(H)$, $S_{k+1}(HT) = dS_n(H)$

$$(1+r)C_u + \frac{C_{uu} - C_{ud} [uS_n(H) - (1+r)S_n(H)]}{uS_n(H) - dS_n(H)} = C_{uu}$$

$$(1+r)C_u + \frac{C_{uu} - C_{ud} [u - (1+r)] S_n(H)}{(u-d) S_n(H)} = C_{uu}$$

$$(1+r)C_u + \frac{C_{uu} [u - (1+r)]}{u-d} - \frac{C_{ud} [u - (1+r)]}{u-d}$$

By lemma 2.2

$$\begin{aligned}
 (1+r)C_u + \frac{R+r-1}{R+1}C_{uu} - \frac{r}{R+1}C_{ud} &= C_{uu} \\
 (1+r)C_u &= C_{uu} - \frac{R+r-1}{R+1}C_{uu} + \frac{R+r-1}{R+1}C_{ud} \\
 (1+r)C_u &= \left(1 - \frac{R+r-1}{R+1}\right)C_{uu} + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right)C_{ud} \\
 (1+r)C_u &= \left(\frac{r}{R+1}\right)C_{uu} + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right)C_{ud} \\
 C_u &= \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right)C_{uu} + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right)C_{ud} \right]
 \end{aligned}$$

Set $k = 1$ implies at a time one

$$X_1(H) = \frac{1}{(r+1)} \left[\frac{r}{R+1} X_2(HH) + \frac{R+r-1}{R+1} X_2(HT) \right]$$

Thus

$$X_1(T) = \frac{1}{(r+1)} \left[\frac{r}{R+1} X_2(HT) + \frac{R+r-1}{R+1} X_2(TT) \right]$$

From lemma 2.4

$$X_0 = \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) X_1(H) + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right) X_1(T) \right]$$

$$\begin{aligned}
 X_0 &= \frac{1}{1+r} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) \left(\frac{1}{(r+1)} \left[\left(\frac{r}{R+1}\right) X_2(HH) + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right) X_2(HT) \right] \right) \right. \\
 &\quad \left. + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right) \left(\frac{1}{(r+1)} \left[\frac{r}{R+1} X_2(HT) + \frac{R+r-1}{R+1} X_2(TT) \right] \right) \right]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 X_0 &= \frac{1}{1+r} \left[\frac{1}{1+r} \left(\left(\frac{r}{R+1}\right)^2 X_2(HH) + 2 \left(\frac{r}{R+1}\right) \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right) X_2(HT) + \left(\frac{R+r-1}{R+1}\right)^2 X_2(TT) \right) \right]
 \end{aligned}$$

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^2} \left(\frac{r}{R+1} + \frac{R+r-1}{R+1} \right)^2 \max[u^x d^{n-x} S_0 - K, 0]$$

For time two we have

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^2} \sum_{k=0}^2 \binom{2}{k} \frac{r^k (R+r-1)^{2-k}}{(R+1)^2} \max[u^x d^{n-x} S_0 - K, 0]$$

For general purpose

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^T} \sum_{k=0}^T \binom{T}{k} \frac{r^k (R+r-1)^{T-k}}{(R+1)^T} \max[u^k d^{n-k} S_0 - K, 0] \tag{2.16}$$

3. Numerical Results

The following examples have been given to illustrate the application of limit function hyper geometric distribution.

Example 3.1: Given that $S_0 = 100, K = 100, u = 1.2, d = 0.8, r = 10\%$ and $T = 2$.

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^T} \sum_{k=0}^T \binom{T}{k} \frac{r^k (R+r-1)^{T-k}}{(R+1)^T} \max[u^k d^{n-k} S_0 - K, 0]$$

$$X_0 = \frac{1}{1.1^2} \left[\frac{2!}{2!0!} \frac{(3)^2 \times (3)^0}{(4)^2} \times 44 \right] = \frac{1}{1.21} [1 \times 0.562 \times 1 \times 44] = \$20.4$$

CRR Model

$$C = \left[\sum_{j=0}^n \binom{n!}{j!(n-j)!} p^j (1-p)^{n-j} \max[0, u^j d^{n-j} S - K] / r^n \right]$$

$$C = \frac{1}{1.1^2} \left[\frac{2!}{0!2!} \frac{(25)^2}{(100)^2} \left(\frac{75}{100}\right)^0 \times 0 + \frac{2!}{1!1!} \frac{(25)^1}{(100)^1} \left(\frac{75}{100}\right)^1 \times 0 + \frac{2!}{2!0!} \frac{(25)^0}{(100)^0} \left(\frac{75}{100}\right)^2 \times 44 \right] =$$

\$20.45

Example 3.2: Let $S_0 = 100, K = 100, r = 7\%, T = 3, u = 1.1$ and $d = 0.9$

$$X_0 = \frac{1}{(1+r)^T} \sum_{k=0}^T \binom{T}{k} \frac{r^k (R+r-1)^{T-k}}{(R+1)^T} \max[u^k d^{n-k} S_0 - K, 0]$$

$$X_0 = \frac{1}{(1.07)^3} \left[\frac{3!}{0!3!} \frac{(85)^0 \times (15)^3}{(100)^3} \times 0 + \frac{3!}{1!2!} \frac{(85)^1 \times (15)^2}{(100)^3} \times 0 + \frac{3!}{2!1!} \frac{(85)^2 \times (15)^1}{(100)^3} \times 8.90 + \frac{3!}{3!0!} \frac{(85)^3 \times (15)^0}{(100)^3} \times 33.10 \right]$$

= \$18.96

CRR Model

$$C = \left[\sum_{j=0}^n \binom{n!}{j!(n-j)!} p^j (1-p)^{n-j} \max[0, u^j d^{n-j} S - K] / r^n \right]$$

$$C = \frac{1}{(1.07)^3} \left[\frac{3!}{0!3!} \frac{(85)^0 \times (15)^3}{(100)^3} \times 0 + \frac{3!}{1!2!} \frac{(85)^1 \times (15)^2}{(100)^3} \times 0 + \frac{3!}{2!1!} \frac{(85)^2 \times (15)^1}{(100)^3} \times 8.90 + \frac{3!}{3!0!} \frac{(85)^3 \times (15)^0}{(100)^3} \times 33.10 \right] =$$

\$18.96

4. Conclusion

Cox and Ross [3] gave an option pricing model which is famously called CRR model for option pricing. In comparison, this work formulates a model using negative hypergeometric distribution when $R, r \rightarrow \infty$, which concludes an alternative numerical procedure which is both simpler and for many purposes computationally more efficient. On the other hand, for future works, results obtained in this paper can be applied or extended in Neutrosophic theory by applying Neutrosophic random variables (see [6,7,8]).

References

- [1] A. Mehra, S.D Chandra and R. Khemchandari, Financial Mathematics An introduction, Narosa publishing house, India first edition pp 49-75, 2013.
- [2] F.I Cheng and C.I. Alice, Application of Binomial distribution to evaluate call option (finance) handbook of quantitative finance and risk management available online. www.springer.com 2010
- [3] J.C Cox, S.A Ross. and M. Rubinstein, Option pricing: A Simplified Approach journal of financial Economics 7(3):2-34, 1979.
- [4] R. Stockbridge, The discrete Binomial model for option pricing, PhD program in Applied mathematics, available online www.semanticscholar.org, 2008.
- [5] K. Teerapabolarn, An improved Binomial distribution to approximate the negative hypergeometric distribution, International Journal of pure and applied mathematics 91(1):77-81, 2014
- [6] M. B. Zeina, A. Hatip, Neutrosophic random variables, Neutrosophic Sets and Systems, 39, 44-52, 2021.
- [7] C. Granados, New results on neutrosophic random variables Neutrosophic Sets and Systems, 47, 286-297, 2021.
- [8] C. Granados, J. Sanabria, On independence neutrosophic random variables, Neutrosophic Sets and Systems, 47, 541-557, 2021.

[9] C. Olunkwa, B.O. Osu, C. Granados, *Mean variance portfolio selection problem with multiscale stochastic volatility*, *Prospectiva* 20(2)(2022), 1-11

BISTUA

Revista de la Facultad de Ciencias Básicas

ISSN: 0120-4211 • ISSN-e: 2711-3027

Volumen 20 - No. 2 Año 2022

Perfil genético de la paloma doméstica *Columba livia* utilizando genes asociados al color del plumaje en Cotorra-Córdoba, Colombia

*Genetic profile of the domestic pigeon *Columba livia* using genes associated with plumage color in Cotorra-Córdoba, Colombia*
Adrian E. Rodríguez de la Barrera; Luis Causil Vargas. Páginas 9-15

Modelo de deslizamientos de tierra usando OpenFOAM aplicado a la zona de Pamplona, Colombia

Landslide model using OpenFOAM applied to the area of Pamplona, Colombia
Edwin Acevedo; Francisco Cabrera; Juan Carlos Serrano Rico. Páginas 16-21

Acoplamiento molecular de derivados de la 6-(piridin)-7H-indeno[2,1-c] quinolina como inhibidores de la Topoisomerasa 1 y PARP 1

Molecular docking of 6-(pyridin)-7H-indeno[2,1-c] quinolines derivatives as Topoisomerase 1 and PARP 1 inhibitors
Cristian C. Bernal. Páginas 22-28

Conexidad, compacidad y axiomas de separación vía conjuntos (i,j) - α^m -abierto en espacios bitopológicos

Connected, Compactness and separation axioms via (i,j) - α^m -open sets in bitopological spaces.
Carlos Granados; Eduin Rodríguez; Judith Bermúdez. Páginas 29-34

Kernels equivalentes, relación dual y aplicaciones

Equivalent kernels, dual relation, and applications
Arnaldo De La Barrera; Elgar Gualdrón; Osmin Ferrer. Páginas 35-42

Aplicación de una función límite de distribución hipergeométrica negativa en la valoración de opciones

Application of a limit function of negative hypergeometric distribution in option pricing
Samson O. Egege; Bright O. Osu; Carlos Granados. Páginas 43-47



Publicado: 17/Noviembre/ 2022