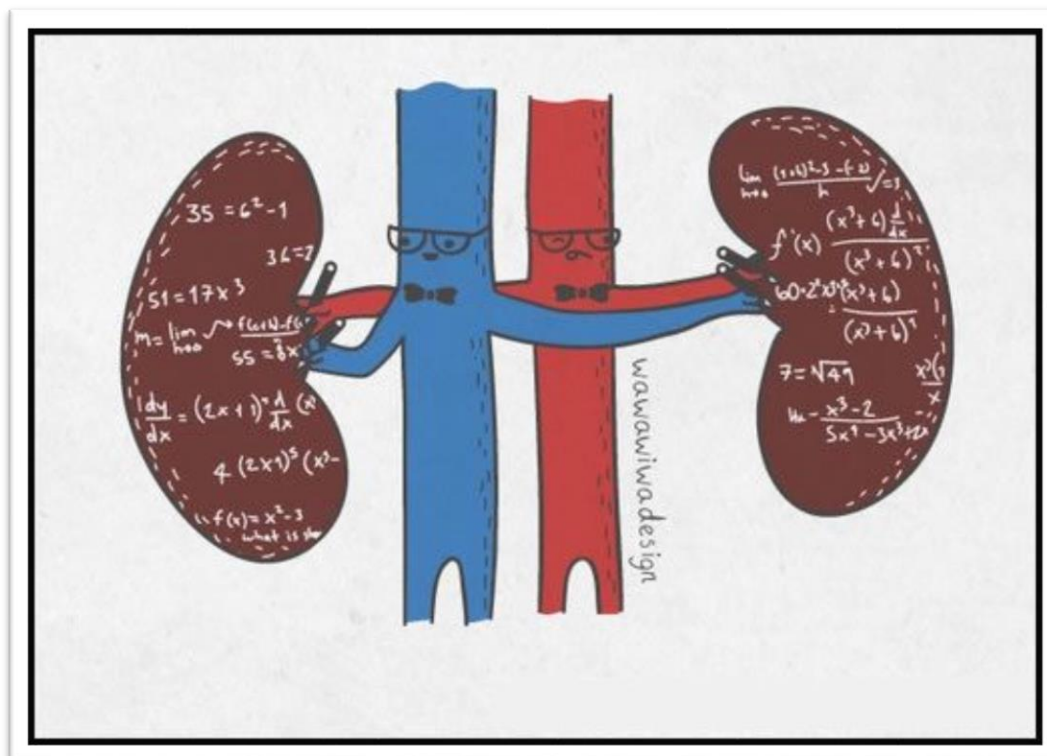


Matemáticas y medicina



DIEGO FABRICIO GONZALEZ MELLANES

BIOMATEMATICAS

DR. JOSE MIGUEL CULEBRO RICARDI

Ciertamente las partes más antiguas y elementales de las matemáticas, por ser precisas, las anteriores a la invención del cálculo infinitesimal por Newton (1643– 1727) y Leibniz (1646– 1716), no carecen de aplicaciones prácticas: agrimensura levantamiento de planos, navegación, contabilidad, cálculo de intereses y amortizaciones, fijación del calendario, etc. Sin embargo, la introducción del cálculo infinitesimal vino a suponer un salto de gigante para el ámbito de actuación de la matemática y nos interesa subrayar que ese salto es inseparable de la aparición histórica de la primera ciencia: la física. Las relaciones entre las ciencias sociales y las matemáticas, de una parte, y entre las ciencias de la vida y las matemáticas, de otra, no han poseído en la historia el vigor de las que han existido y existen entre matemática y ciencias físicas. Dejando a un lado las ciencias sociales, que no son objeto de nuestro interés aquí, es justo decir que ni la biología ha necesitado de las matemáticas del modo que la física lo ha hecho, ni la resolución de problemas biológicos ha venido siendo un motor decisivo para el desarrollo de la matemática. Sin embargo, es muy posible que la situación esté cambiando o haya cambiado; la matemática actual, aunque el gran público no sea consciente de ello, permea casi todas las actividades humanas y se nutre de ellas; las ciencias biomédicas, y más específicamente, la medicina, no podían ser excepciones. No deseo entrar aquí en un infructuoso debate sobre si la estadística es una parte de la matemática o más bien una ciencia autónoma de alto contenido matemático. En cualquier caso, es claro que hoy ni el diseño ni el análisis de los resultados de los estudios clínicos o epidemiológicos se conciben sin técnicas estadísticas: al igual que ocurre en las situaciones de interés para las ciencias sociales, la multiplicidad casi indescriptible de factores que concurren en cada caso hace que el enfoque estadístico sea, no ya oportuno, sino imprescindible para llevar a cabo cualquier análisis racional. Un segundo grupo de conexiones entre la medicina y las matemáticas se engloba en el campo llamado biología matemática, cuyo núcleo, histórica y metodológicamente, lo constituye la dinámica de poblaciones. Aunque, como suele ocurrir en todo tipo de estudios, hay antecedentes muy antiguos, podríamos decir sin ser injustos que el gran pionero en el análisis matemático de las poblaciones fue el judío italiano Vito Volterra. Si hemos mencionado aquí la dinámica de poblaciones es sobre todo porque, además de aplicarse a especies interactuantes, se emplea también a los estudios epidemiológicos, donde los grupos de individuos sanos, infectados, susceptibles de infección, etc. desempeñan el papel de las especies. Se trata de un cuerpo de doctrina bien desarrollado,

donde reina suprema la parte de las matemáticas llamada sistemas dinámicos. Esencialmente se trata de lo que hace décadas se denominaba teoría cualitativa de las ecuaciones diferenciales; los modelos empleados pueden incluir tanto ecuaciones diferenciales ordinarias, cuando sólo hay evolución en el tiempo, como ecuaciones en derivadas parciales, cuando las poblaciones de animales o de infectados tienen densidades que varían con la situación en el espacio y es de interés el estudio de fenómenos migratorios, de transporte, de difusión, etc. Así mismo se usan modelos discretos (ecuaciones en diferencias), siempre que el tiempo se trate por épocas discretas como generaciones, temporadas, campañas, etc. en vez de suponerse continuamente variable. La bioinformática comprende muy diversas subáreas. En primer lugar, diré algo acerca de la que probablemente sea más conocida: la secuenciación de genoma, en especial la secuenciación del genoma humano. Otra técnica matemática que se ha venido aplicando a estudios relevantes para la medicina es la construcción de modelos continuos de tejidos, órganos, etc. y su resolución efectiva por el método de elementos finitos. Apuntamos anteriormente que los ordenadores digitales surgieron, en los años posteriores a la Segunda Guerra Mundial, para resolver problemas de cálculo aritmético. Entre los problemas que llevaron a construir los primeros ordenadores juegan un papel determinante los de ecuaciones en derivadas parciales. En éstos se trata de hallar una función de varias variables independientes sujeta a ciertas condiciones, por ejemplo, hallar la función que proporciona la deformación de una placa de acero en equilibrio sometida a cargas o la función que da la presión atmosférica en la superficie terrestre. Apenas resulta necesario explicar que todos estos desarrollos en elasticidad, transmisión del calor y del sonido, electromagnetismo, y fluidos tienen una relevancia directa en medicina. En los últimos años abundan los estudios en que se usa el método de los elementos finitos para investigar, desde el punto de vista mecánico, desde los sistemas óseos o muscular a órganos individuales, tejidos, células y estructuras subcelulares, sin olvidar las prótesis en todo tipo de especialidades quirúrgicas y en estomatología. Las técnicas matemáticas relativas a fluidos están siendo utilizadas en el modelado del corazón y sistema circulatorio, y las que corresponden a transmisión de calor, transmisión de radiación electromagnética o vibraciones mecánicas a diversas técnicas clínicas como la radioterapia, litotricia y otras. La formulación por Newton de su mecánica, con su pasmosa capacidad de explicación y predicción de todo tipo de fenómenos, conmocionó los espíritus de la época y contribuyó decisivamente a la fe ilustrada en la

inteligibilidad por la mente humana de una naturaleza gobernada por leyes físicas, cerrando el paso a visiones del cosmos basadas en intervenciones supernaturales o mágicas. La dinámica molecular es, tal vez, un intento de llevar a la práctica, siquiera sea de manera muy parcial, el sueño de Laplace. Se trata de determinar qué hará en el futuro una molécula mediante la resolución de las correspondientes ecuaciones del movimiento, conocidas la posición y velocidad en un instante de tiempo inicial de los átomos que la constituyen. En las aplicaciones que ahora mismo nos interesan, la molécula será una proteína con millares y millares de átomos y deseamos saber cómo la misma se va a plegar en el espacio, impelida por las leyes de la física, con vistas a determinar exactamente cómo evolucionará en el futuro su forma para así poder desempeñar su función biológica. En la dinámica molecular, los plegamientos que deseamos observar pueden tardar milisegundos o incluso segundos y a ellos contribuyen vibraciones de átomos que tienen periodos del orden de los femtosegundos. Una tercera fuente de escollos son las interacciones de la proteína con el medio, generalmente acuoso, con el que intercambia constantemente energía a través de colisiones para mantenerse en equilibrio térmico. Estas interacciones dan lugar a términos estocásticos en las ecuaciones. Es claro que no es éste el lugar de profundizar en estas cuestiones. Solamente me gustaría añadir, antes de concluir este trabajo, que los aspectos de evolución temporal de los átomos están íntimamente relacionados con la llamada Integración Geométrica, campo que mis colaboradores y yo mismo hemos contribuido a crear.