



# Mi Universidad

*Dulce María Hernández Espinosa*

*Parcial III*

*Biomatemáticas*

*Romeo Antonio Molina Román*

*Medicina*

*2 semestre grupo B*

*Comitán de Domínguez, Chiapas a 18 de mayo del 2024*

Las biomatemáticas “traducen” los procesos dinámicos de la biología en modelos numéricos, creando así un espacio común de aprendizaje para zoólogos, físicos, virólogos o estadistas, entre otros.

El Dr. William Moses Feldman (1880-1939) acuñó el término “biomatemáticas” en 1923, cuando titulaba un artículo que serviría para bautizar un campo de conocimiento que, casi 100 años después, ya cuenta con disciplinas tan relevantes para el desarrollo actual como la bioinformática, la bioestadística o la biología computacional.

Feldman nació en Rusia y llegó a Inglaterra siendo un niño. Allí estudió y ejerció la medicina, con especial atención a la salud y la higiene de los más pequeños. Feldman era médico, y sin embargo, se interesó por la clave numérica de algunas de las dinámicas más habituales de sus pacientes. Su intención con este tratado era “llenar un hueco”, pues tal y como explicaba en la introducción del mismo, “muchos profesores de matemáticas reciben peticiones del campo de la biología”.

Hoy las matemáticas se han convertido en la opción académica por excelencia, en parte gracias al impulso de avances tecnológicos como la computación cuántica o el Big Data, que permiten desdibujar las fronteras clásicas con otras ciencias. Desde los sencillos “principios matemáticos para estudiantes de biología” de Feldman, las biomatemáticas han evolucionado hasta consolidarse como una de las herramientas más prometedoras para la medicina o la genética. De hecho, 2018 fue proclamado Año Internacional de la Biología Matemática por la European Mathematical Society (EMS) y la European Society for Mathematical and Theoretical Biology (ESMTB) precisamente para poner de relevancia la consolidación de este campo del saber y su creciente importancia.

## LOS PROCESOS BIOLÓGICOS ESTÁN ESCRITOS EN CLAVE MATEMÁTICA

Nicolas Rashevsky (1899-1972), un físico teórico de origen ucraniano que ejerció como profesor en Estados Unidos, publicó 15 años después de Feldman el que se considera el primer texto científico sobre Biología Matemática: “Biofísica matemática: fundamentos físico-matemáticos de la biología”, y un año después creó la primera revista especializada en el tema, *The Bulletin of Mathematical Biology*. A pesar de que se le considera el padre de la biología matemática por sus pioneras aproximaciones teóricas a la materia, lo cierto es que en su momento sus tesis no tuvieron repercusión entre la comunidad de biólogos. Rashevsky desarrolló el primer modelo de redes neuronales y contribuyó durante toda su carrera como profesor e investigador a la divulgación de las biomatemáticas. La colección (conservada en la Universidad de Chicago) de sus estudios, cartas y gestiones burocráticas así lo corroboran.

Las biomatemáticas han permitido establecer los patrones mediante los cuales las hojas se distribuyen a lo largo de una planta en función de los ángulos de nacimiento de los tallos, tal y como explica un artículo de la Universidad de Tokio. / Imagen: Unsplash

La biología descompone los procesos dinámicos de la naturaleza en elementos individuales para poder estudiarlos y las matemáticas permiten volver a unir las piezas del puzzle mediante la aplicación de modelos matemáticos. No se trata de trasladar herramientas matemáticas a un contexto biológico, sino de crearlas ad hoc, derivadas de la propia naturaleza del proceso biológico a estudiar, como ocurre en el caso del ciclo global de los nutrientes o el genoma humano. Así, no es de extrañar que, a medida que la investigación profundiza en estas perspectivas, hayan surgido campos híbridos como la bioestadística, que permiten analizar los problemas de cuestiones científicas como la biodiversidad, la agricultura o la medicina desde la perspectiva matemática.

Para “ponerse las lentes matemáticas” y descifrar las claves numéricas del proceso de contagio de una enfermedad, por ejemplo, se utilizan ecuaciones que representan los componentes de un sistema, los procesos dinámicos y la estructura de sus interacciones. Esta es la base de la biología matemática. Algunos de los grandes proyectos científicos de la historia, como El Proyecto del Genoma Humano o el del Microbioma Humano, son posibles gracias a la aplicación de la bioinformática, una rama de las biomatemáticas que permite procesar grandes cantidades de información biológica, como datos moleculares y genéticos. Las biomatemáticas se aplican también en áreas como la neurobiología celular, la epidemiología o la genética de poblaciones.

Gracias a la biología matemática, la unión de una molécula de ADN se estudia desde la Teoría de Nudos, por ejemplo, y la abstracta Teoría de Grupos se utiliza para explicar algo tan terrenal como la forma de caminar de los animales. Además, las biomatemáticas buscan estructuras fractales en los vasos sanguíneos, las hojas de las plantas o la forma de los componentes de nuestros pulmones. Al mismo tiempo, la Geometría Euclídea explica por qué la mayoría de los virus tienen forma de icosaedro, según explica el matemático Antón Lombardero Ozores en la Revista de Didáctica de las Matemáticas.

Foto de pasaporte de Alan Turing a los 16 años. Foto: Wikimedia

Otro de los grandes nombres de las biomatemáticas, famoso además por muchas otras hazañas científicas fue Alan Turing, que se interesó por los procesos que condicionan las formas particulares de cada organismo (morfogénesis), dejando como legado unas ecuaciones muy útiles en el análisis de la cicatrización de heridas o en la clasificación de tumores

benignos y malignos. A Turing se le considera, en palabras de Antón Lombardero Ozores “el introductor de la Biología Matemática contemporánea”. No en vano, sus trabajos ya contaban con tres de los ingredientes de las biomatemáticas actuales: modelización, ecuaciones diferenciales y la utilización de una computadora como herramienta clave.

Con vistas al futuro, las matemáticas tienen la llave de la medicina personalizada y predictiva, ya que los modelos matemáticos podrían servir para determinar el papel de genes cuya función aún se desconoce, optimizar las estrategias y tratamientos frente a infecciones víricas o diagnosticar de forma temprana futuros desórdenes neurológicos. Sin duda, el binomio matemáticas-biología es la piedra Rosetta para descifrar los secretos que determinan la existencia de la vida en clave numérica.