



Mi Universidad

Historia de la biomatemáticas

Luis Alberto López Abadía

Tercer Parcial

Biomatemáticas

Dr. Romeo Antonio Molins Román

Medicina Humana

Segundo Semestre Grupo B

INTRODUCCIÓN

La historia de las biomatemáticas, una disciplina que se sitúa en la intersección entre las matemáticas y las ciencias biológicas, es un fascinante viaje a través del tiempo que ilustra cómo el rigor cuantitativo y el análisis matemático han contribuido a nuestra comprensión del mundo biológico. Desde sus inicios, las biomatemáticas han evolucionado significativamente, reflejando tanto los avances en la teoría matemática como en el conocimiento biológico. En la antigüedad, aunque no se reconocían formalmente como biomatemáticas, ya se empleaban principios matemáticos para estudiar fenómenos naturales. Los griegos, por ejemplo, exploraron conceptos de proporción y simetría en la naturaleza. Sin embargo, fue en el siglo XVII cuando la relación entre matemáticas y biología comenzó a consolidarse, con figuras como René Descartes y Pierre-Simon Laplace aplicando métodos matemáticos a problemas biológicos. El verdadero auge de las biomatemáticas ocurrió en el siglo XX, impulsado por el trabajo de pioneros como Vito Volterra y Alfred Lotka, quienes desarrollaron modelos matemáticos para describir dinámicas de poblaciones y sistemas ecológicos. Estos modelos, conocidos como ecuaciones de Lotka-Volterra, se convirtieron en una piedra angular para la ecología matemática, permitiendo el estudio de interacciones depredador-presa y competencia entre especies. Paralelamente, la genética poblacional surgió como una subdisciplina clave gracias a la síntesis de la teoría de la evolución de Charles Darwin con la genética mendeliana, llevada a cabo por matemáticos como Ronald Fisher, J.B.S. Haldane y Sewall Wright. Sus contribuciones permitieron cuantificar procesos evolutivos y comprender la variabilidad genética en poblaciones. En las últimas décadas, el campo ha experimentado una expansión vertiginosa con la incorporación de técnicas avanzadas de modelización y simulación, facilitadas por el desarrollo de la computación. Las biomatemáticas ahora abarcan áreas tan diversas como la dinámica de enfermedades infecciosas, la biología del desarrollo, la neurociencia y la biología de sistemas. Modelos complejos y simulaciones computacionales permiten a los investigadores explorar hipótesis, predecir comportamientos biológicos y diseñar estrategias de intervención en salud pública. En este ensayo hablaremos sobre la Biología Matemática, llamada con más frecuencia Biomatemática. Se trata de una rama científica en auge y, como ocurre con la ciencia más puntera, de marcado carácter interdisciplinario. En ella confluyen principalmente biólogos y matemáticos, pero también investigadores de otras ramas del conocimiento, con el reto de aplicar las técnicas matemáticas al estudio de procesos biológicos. Dando un repaso a su historia, a sus métodos de trabajo y a algunos ejemplos clásicos, para concluir con las perspectivas futuras, pretendemos presentar una disciplina que a nuestro juicio ya ha superado sus limitaciones históricas (en forma de vacas esféricas o engendros similares) para constituirse en una de las más emocionantes y necesarias áreas de crecimiento científico de nuestro siglo. El chiste sintetiza de manera magistral la difícil relación histórica entre Biología y Matemática. Hasta hace muy poco, la corriente principal de pensamiento en el campo de las ciencias de la vida ha defendido la inutilidad de las Matemáticas para un análisis y comprensión profundos de la naturaleza. Tradicionalmente, la mayoría de los

investigadores han considerado la vida como algo demasiado complicado como para ser traducido a ecuaciones.

DESARROLLO

Las formas en que la ciencia ha estudiado los mundos físico y natural han sido radicalmente distintas. La Biología ha sido más que nada experimental. La Física también se hace en el laboratorio, pero con un uso intensivo de matemáticas avanzadas. La mecánica clásica, la relatividad, la termodinámica, la teoría cuántica, etc., han sido reducidas a ecuaciones. Y esta fórmula de convertir las leyes del Universo en matemáticas ha funcionado a la perfección. Cabe preguntarse si es posible algo semejante cuando tratamos de aprehender la materia orgánica, o es cierta la ley de Harvard (prima hermana de la de Murphy), que afirma que en condiciones rigurosamente controladas de presión, temperatura, volumen, humedad y otras variables, un ser vivo actúa como le da la gana. De ser así, la Biología sería fundamentalmente una ciencia empírica, en la que muchos resultados se podrían obtener sin apenas base teórica; y de existir ésta, no sería de índole matemática: se llama Teoría de la Evolución y no contiene una sola ecuación. No obstante, hay lugar para la esperanza. ¿No es cierto que la materia viva está hecha de materia ordinaria? ¿Y no es cierto que como tal materia ordinaria deberá estar sujeta? a las conocidas leyes físico-matemáticas? Un gato, a fin de cuentas, es un conjunto de átomos. Ni más ni menos que un cristal. La vida es tan solo una configuración especialmente compleja de los bloques constituyentes inorgánicos habituales. Por desgracia las cosas no son tan sencillas. La base matemática subyacente en los seres vivos es tan sutil, está tan profundamente oculta, que es una constante histórica la desconfianza de los biólogos para con las ciencias exactas, como si existiesen ciertos principios característicos de los seres vivos que por su complejidad no se pudiesen reducir a las toscas leyes de la Física y la Matemática. Con todo, ha habido heterodoxos. Y uno de ellos fue el físico teórico de origen ucraniano Nicolas Rashevsky. Asentado en Norteamérica como profesor de la Universidad de Chicago, publicó en 1938 el que se considera primer texto científico sobre Biología Matemática, y un año después crea la primera revista especializada en el tema, *The Bulletin of Mathematical Biology*. Sus trabajos, de corte eminentemente teórico, tuvieron un impacto nulo en la comunidad de biólogos de la época, a pesar de lo cual se le considera el fundador de la Biomatemática como disciplina científica. Antes que él otros ya habían dado algunos pasos en el tema de la dinámica de poblaciones, tradicionalmente el principal objeto de estudio de la Biomatemática. En la primera mitad del s. XIX el británico T. R. Malthus y el belga P. F. Verhulst desarrollan respectivamente las ecuaciones malthusiana y logística. Estos trabajos, un tanto ingenuos, no consideraban las muchas variables internas y externas que delimitan un crecimiento poblacional. Pero a pesar de su sencillez, sus funciones siguen considerándose válidas para significar la evolución de epidemias, número de células de un embrión o usuarios de una red social como Facebook. Se ha teorizado que la propia población humana parece ajustarse, en su crecimiento, a una función logística, lo cual es esperanzador ya que esta función de crecimiento tiene forma de

S2. Otra figura clave de la disciplina es Alan Turing. Matemático, lógico, criptógrafo, científico de la computación y filósofo británico, es bien conocido tanto como precursor de la Informática como por su notable influencia en la victoria aliada en la II Guerra Mundial. Su trágica muerte alimenta el mito. Turing se interesó en la Morfogénesis, los procesos biológicos que hacen que un organismo desarrolle su particular y específica forma final. Sus ecuaciones aún son interesantes hoy en día, y salen a la palestra en el análisis de la cicatrización de heridas o en la clasificación de tumores entre benignos y malignos. A este prodigio de la ciencia, que publicó estos estudios a principios de los años cincuenta del pasado siglo, se le considera el introductor de la Biología Matemática contemporánea. Su trabajo ya integraba tres de los ingredientes. ¿En qué consiste el proceso de modelización? Un modelo matemático es una síntesis de la realidad (en nuestro caso de una realidad biológica) que nos ayuda a entenderla. Se trata de traducir aspectos de la naturaleza al lenguaje matemático. Por lo general el resultado es un sistema de ecuaciones, cuyas soluciones nos aportarán la información cuantitativa esencial respecto del fenómeno estudiado. Si logramos, por ejemplo, traducir a funciones matemáticas los mecanismos de transmisión de señales en el sistema nervioso, dispondremos de una valiosísima herramienta para comprender y controlar esos procesos. El problema es lograr una traducción adecuada y realista, que encierre todos los elementos clave del sistema. Este es el paso crucial en el trabajo del biomatemático, y requiere de altas dosis de imaginación, intuición y conocimientos biológicos. Además de, como es habitual en la ciencia, un inagotable proceso de ensayo-error, hasta dar con el modelo más apto. Inevitablemente, esta técnica conlleva una simplificación. Un modelo que pretenda ser tan complejo como el mundo real es una utopía. Además, englobaría tantas variables y ecuaciones que sería intratable incluso para las computadoras más potentes. Es más práctico trabajar con modelos sencillos, sin un grado de complicación mayor que el necesario para englobar todos los factores de importancia vital. Obviamente los modelos matemáticos en Biología no ambicionan ser infalibles. Tan solo pretenden ser útiles. Y lo serán siempre que nos proporcionen respuestas realistas, sin necesidad de una complejidad superflua en su planteamiento. Además de hacernos comprender mejor los procesos biológicos, los modelos nos facilitan el pronóstico de comportamientos futuros. La predicción meteorológica se basa hoy en día en el trabajo de cientos de complejas ecuaciones con las que los meteorólogos modelizan el clima. La evolución de la gripe estacional en cuanto a número de afectados también puede ser pronosticada mediante un modelo matemático de epidemias. Y el ahorro de costes es otra ventaja. Los modelos salen muy baratos. Si queremos cuantificar el efecto de un accidente nuclear sobre la fauna y la flora de una región, ¿no es mejor simularlo con unas cuantas ecuaciones que masticar un ordenador? A la hora de modelizar procesos biológicos, las expresiones matemáticas utilizadas son casi invariablemente las ecuaciones diferenciales. Como es bien sabido, este tipo de ecuación tiene dos particularidades. Por una parte, la incógnita buscada no es un número, sino una función. Además, aparece en la ecuación alguna derivada de esa función buscada. ¿Qué convierte a las ecuaciones diferenciales en el objeto matemático más apropiado para modelizar fenómenos de la vida? Su propia naturaleza. La característica principal que experimenta un proceso biológico $f(t)$ es que evoluciona con el

tiempo. Y el significado matemático de la derivada $f'(t)$ es fundamentalmente el cambio de $f(t)$ en función del tiempo. Así, una ecuación en la que aparezcan derivadas de la función estudiada se convierte en la forma natural de simbolizar un sistema cambiante.

COMENTARIO FINAL

En las últimas décadas, el avance de la tecnología ha hecho cambios cruciales no solo para facilitar nuestra vida, sino también en las matemáticas y en las áreas de salud, al poder hacer nuevas cosas, si bien los antiguos usaban fórmulas con el fin de sacar resultados de cualquier especialidad, estas nuevas tecnologías nos las facilitan. Es importante conocer la historia de la biomatemática pues a partir de esto aprenderemos las funciones principales y como se sigue desarrollando día con día y especialmente en las áreas de salud como es principalmente en el uso de la epidemiología o salud pública.

BIBLIOGRAFÍA

HERRERO GARCÍA, M.A. (2006): “Matemáticas y biología: un comentario de textos”. Encuentros multidisciplinares 23, pp. 37-45. LAHOZ-BELTRA, R. (2011): Las matemáticas de la vida. RBA Coleccionables. PACHECO CASTELAO, J.M. (2000): “¿Qué es la biología matemática?”. Números 43-44, pp. 173-178. Recuperado el 24 de mayo de 2024 de https://www.unirioja.es/ensaya/SegundoPremio_2012.pdf