

## Un vistazo a la Biomatemática

Antón Lombardero Ozores (Centro Público de Educación Básica “El Salvador”. España)

Fecha de recepción: 5 de noviembre de 2013

Fecha de aceptación: 28 de abril de 2014

---

### Resumen

La Biomatemática, o la utilización de herramientas matemáticas para tratar aspectos de la Biología, Medicina, Ecología o las Ciencias Ambientales, es una activa rama científica con previsible proyección en las próximas décadas. Las repercusiones positivas de la introducción de técnicas y conceptos propios de la Matemática en el ámbito de las ciencias de la vida son ya notables. En este artículo se presenta una breve introducción a esta disciplina, tratándose tanto aspectos históricos como ejemplos de aplicación.

### Palabras clave

Biomatemática, Biología Matemática, Dinámica de Poblaciones, Modelización Matemática, ecuaciones Lotka-Volterra, Sistema Complejo, Automata Celular, Teoría de Grafos, Redes Biológicas.

---

### Abstract

Mathematical Biology, or the use of mathematical tools to deal with aspects of Biology, Medicine, Ecology or Environmental Sciences, is an active branch of Science with a major predictable projection in the coming decades. The positive impact of the introduction of mathematical concepts and techniques in the field of Life Sciences are already noticeable. This article is a brief introduction to this discipline, dealing with both historical aspects and application examples.

### Keywords

Biomathematics, Mathematical Biology, Population Dynamics, Mathematical Modelling, Lotka-Volterra equations, Complex System, Cellular Automaton, Graph Theory, Biological Nets.

---

## 1. Introducción

Un viejo chiste del ámbito de la Biología cuenta que un granjero, con intención de acrecentar sus beneficios, solicita un estudio de su sistema de producción de leche. El trabajo es encomendado a un matemático. Tras semanas de espera, llega una carta con los resultados del análisis. El hombre la abre ansioso, pero a los pocos segundos, indignado, la tira sin terminar de leerla. La primera frase de la carta dice: *Supongamos, para empezar, que sus vacas son esféricas...*

Aunque solo sea una broma, siempre hay algo de verdad detrás. 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. No les faltaba razón. El grado de complejidad que exhiben los organismos vivos no tiene comparación en el resto de la materia. Abarcar desde el enfoque matemático la totalidad de los aspectos de un proceso biológico es tarea imposible, dado el incalculable número de variables



implicadas. Así, son obligadas las simplificaciones de la realidad, las reducciones, los resúmenes. Y en muchas ocasiones estas síntesis han sido excesivas, constituyéndose caricaturas de la realidad que provocan en los profesionales de la Biología el mismo desengaño que sufre el granjero de nuestra historia.

En este artículo vamos a echar un vistazo rápido a 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.

## 2. Historia: una relación controvertida

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<sup>1</sup>.

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.

---

<sup>1</sup> Aunque R. A. Fisher, en su *Teorema fundamental de la selección natural* (1930), ha traducido a una ecuación la esencia de la Teoría de la Evolución de Darwin.

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 es una sigmoide, cuya importancia radica en que es una función acotada.

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<sup>2</sup>. 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 fundamentales de la actual Biomatemática: modelización, empleo de ecuaciones diferenciales y utilización del ordenador como herramienta básica<sup>3</sup>.

### 3. Modelización, ecuaciones diferenciales y computadoras

¿En qué consiste un 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*

---

<sup>2</sup> Turing trabajó exitosamente en el descifrado de códigos nazis en Bletchley Park, un centro de inteligencia británico clave para el devenir del conflicto. Tras la guerra contribuyó al diseño y construcción de una de las primeras computadoras electrónicas programables.

<sup>3</sup> El británico fue uno de los primeros científicos que hicieron un uso cotidiano del ordenador en su trabajo. Utilizaba el legendario Ferranti Mark I, el primer computador disponible comercialmente.



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 con frecuencia las ecuaciones diferenciales. ¿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.

Generalmente el resultado final no es una asequible ecuación aislada, sino un sistema con un número de ecuaciones que va desde cuatro o cinco hasta varias decenas. Su resolución, es decir, el encontrar las funciones  $f(t)$  que describan el fenómeno, no es sencilla con los métodos analíticos clásicos. En las últimas décadas se han desarrollado paquetes de software específicos para resolver este tipo de sistemas, lo que ha convertido al ordenador en una herramienta indispensable en el trabajo del biomatemático. Las computadoras han sido el instrumento clave para estrechar el vínculo entre Matemática y Biología.

### 4. Un ejemplo clásico

Un problema típico es determinar cómo el tamaño de ciertas poblaciones animales cambia con el tiempo. Ya hemos mencionado las excesivamente simplificadoras ecuaciones malthusiana y logística. En el mundo real, excepto en condiciones de laboratorio muy controladas, las diferentes especies interfieren entre si; y de forma muy notable cuando establecen una relación predador-presa. Aunque hay miles de ejemplos que se ajustan al modelo que vamos a desarrollar (tiburones-peces, ranas-insectos, leones-cebras...) el más usual a la hora de presentarlo es el de lobos-conejos.

Las ecuaciones que vamos a exponer fueron desarrolladas de forma independiente en la década de los años veinte del pasado siglo por el norteamericano Alfred J. Lotka y el italiano Vito Volterra. Su estudio es imprescindible para quien desee introducirse en el campo de la Biomatemática.

Denotemos por  $x(t)$  al número de conejos de un cierto ecosistema en el instante  $t$ , y por  $y(t)$  al número de lobos. Los lobos están hambrientos de conejos, los cuales por su parte tienen comida en abundancia. En un ejercicio de simplificación, no tan trascendente como podría pensarse, omitiremos otros factores externos que puedan influir sobre el número de animales de ambas especies. Con estos ingredientes, las llamadas Ecuaciones de Lotka-Volterra quedan:

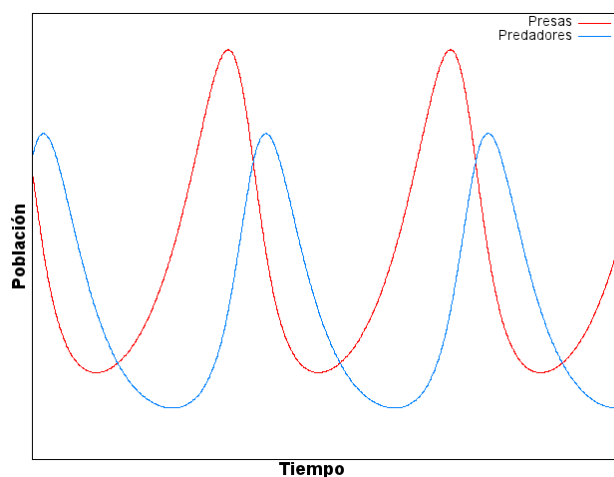
$$x'(t) = ax(t) - bx(t)y(t)$$

$$y'(t) = -cy(t) + dx(t)y(t)$$

donde  $a$ ,  $b$ ,  $c$  y  $d$  son números reales positivos que dependen del par predador-presa particular estudiado.

¿De dónde salen estas ecuaciones? ¿Por qué creemos que tienen sentido? ¿Para qué sirven? Las derivadas  $x'(t)$  e  $y'(t)$  se interpretan como las variaciones respectivas del número de conejos y lobos. Como los conejos tienen alimento ilimitado, a mayor número más encuentros sexuales y por tanto mayor tasa de crecimiento poblacional. Esto lo representa el monomio  $ax(t)$ . Pero los encuentros con lobos, representados por  $-bx(t)y(t)$ , suponen lógicamente una disminución de su número. Por el contrario los lobos compiten entre ellos por el alimento, así que a mayor número de ellos menor crecimiento poblacional:  $-cy(t)$ . No obstante, se ven beneficiados por los encuentros con conejos:  $dx(t)y(t)$ .

Establecido el sistema de ecuaciones diferenciales, el siguiente paso es resolverlo para dar con las funciones desconocidas  $x(t)$  e  $y(t)$  que indican el número de animales de cada especie. Es aquí cuando entran en escena nuestros amigos los ordenadores, que además de facilitar las soluciones nos proporcionan gráficas tan ilustrativas como la que sigue:



**Figura 1.** Evolución de las poblaciones de lobos y conejos según el modelo Lotka-Volterra.

Observamos un comportamiento cíclico. El número de lobos aumenta si hay abundancia de conejos, pero al avivarse la competencia e irse mermando estos, la cantidad de lobos también decrece. Posteriormente, debido a esta disminución de predadores, el número de conejos volverá a elevarse, incrementándose también el de lobos e iniciándose así otra repetición del ciclo.

A pesar de su sencillez, el modelo clásico de Lotka-Volterra tiene valiosas aplicaciones médicas. Su empleo en inmunología es notable, en la relación del sistema inmune con virus o con células cancerosas. También se aplica para predecir la evolución de epidemias, repoblar de especies áreas naturales o determinar el número adecuado de tiburones y peces que cohabitarán en un acuario.

## 5. Presente y futuro

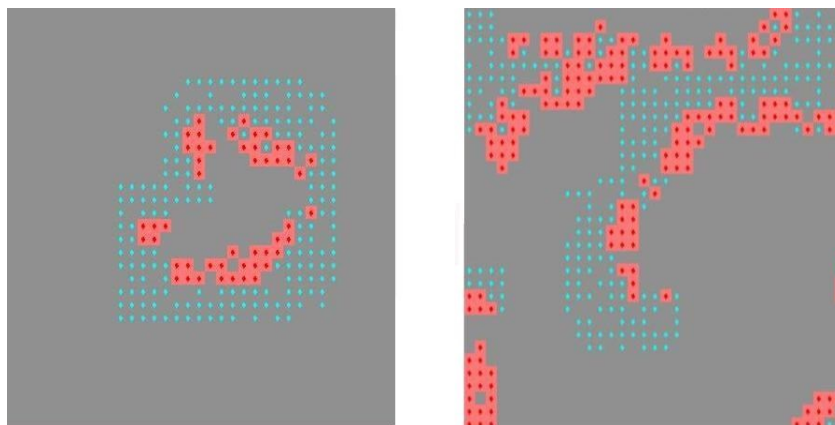
Pensamos que la Matemática puede aportar mucho a la Biología, y a su vez beneficiarse considerablemente de su contacto con esta. No en vano, el desarrollo de grandes áreas matemáticas del siglo XX se debe al estímulo de comprender fenómenos biológicos. Pero las matemáticas que intervienen son muy variadas y van más allá del paradigma de las ecuaciones diferenciales. La manera de anudarse una molécula de ADN, estudiada desde la rama topológica de la Teoría de Nudos, provoca decisivos efectos sobre las tareas que desempeña en la célula. Las matrices surgen en los



lugares más variados, como la genética, la evolución de las especies o el análisis de las redes neuronales. La abstracta Teoría de Grupos aparece en la comprensión de algo tan terrenal como son las diferentes formas de caminar de los animales. Encontramos la Matemática más actual al observar que plantas, pulmones y vasos sanguíneos desarrollan estructuras fractales. Pero también nos tropezamos con la arcaica Geometría Euclídea cuando advertimos que la mayoría de los virus tienen forma de icosaedro o de icosaedro truncado<sup>4</sup>.

En las últimas tres décadas el avance de la computación y el hallazgo de nuevos métodos de cálculo han motivado que los biomatemáticos sean mucho más optimistas y ambiciosos. Bajo el nombre genérico de *sistemas complejos* se agrupan los problemas más enrevesados de la Biología Matemática actual, caracterizados por constituirse de un número muy elevado de componentes individuales que interaccionan entre sí, de forma que el conocimiento de las partes no basta para deducir las reglas de comportamiento del sistema global. El funcionamiento integral del cerebro, las colonias de hormigas, los ecosistemas en desequilibrio, la predicción del clima a largo plazo, el problema de la contaminación en las ciudades... todos son sistemas complejos que con los medios de 1980 serían inabordables.

La dificultad de algunos de estos sistemas ha provocado que se sustituyan los métodos tradicionales de modelización por otros más innovadores. Uno de los más interesantes, por su originalidad y eficacia, es el de los *autómatas celulares*<sup>5</sup>. Su enfoque es radicalmente diferente al de las ecuaciones diferenciales. Un autómata celular es una simulación gráfica por ordenador de la evolución temporal de un cierto ecosistema. Por ejemplo, la relación entre tiburones y peces en un mar: representemos en la pantalla a los individuos de ambas especies con puntos de diferente color; establezcamos unas reglas de convivencia (cuando un tiburón se come a un pez, longevidades, desplazamientos, reproducción...) e implementemos todo ello computacionalmente. Pulsemos el botón de *play* y observemos lo que va pasando en nuestro mar virtual. Veremos como cada pez y cada tiburón se desplaza, se alimenta, muere... Dependiendo de las condiciones de partida podríamos observar como se extinguen los peces por exceso de depredadores, como desaparecen los tiburones o quizá cómo se llega a un comportamiento cíclico de estabilidad entre ambas especies. Perdemos la precisión cuantitativa que dan las ecuaciones, pero ganamos algo valiosísimo: una mejor comprensión global de la evolución del fenómeno analizado.



**Figura 2.** Depredadores (rojo) y presas (azul) en una sencilla simulación con A.C. Estado inicial y tras 25 generaciones.

<sup>4</sup> Efectivamente, un virus es como un balón de fútbol.

<sup>5</sup> No está necesariamente relacionado con la idea de célula, se aplica a situaciones muy diversas.



En la línea comentada de enfocar los estudios biológicos desde un punto de vista global, debemos primero entender cómo los componentes individuales de un sistema biológico interactúan entre sí, así como el significado biológico de dichas interacciones. Desde mediados de la década de los 90, una rama de la Topología ha sido utilizada con este objeto: la *Teoría de Grafos* trata los sistemas complejos reduciéndolos a componentes (nodos) e interacciones entre aquellos (ejes). Sin más matices. En esta simplificación se pierde la riqueza funcional de cada nodo, pero a pesar de (o quizá debido a) ella se pueden obtener descubrimientos muy interesantes<sup>6</sup>.

La concepción organizativa de la célula cambia de un mero saco de enzimas a una red de elementos altamente interrelacionados. Como en otros aspectos de la Biología, los avances iniciales se han llevado a cabo sobre *organismos modelo* como levaduras, moscas o gusanos, pero los últimos hallazgos ya tienen a la especie humana como objeto de estudio. Hasta el momento, varias redes biológicas han sido mapeadas: en las *redes proteínicas* los nodos representan proteínas y los ejes ligaduras físicas entre ellas; como modelo de las interacciones entre genes surgen las *redes de regulación genética*. Aquí los nodos representan genes individuales (fragmentos de ADN), y un eje, que será unidireccional<sup>7</sup>, enlazará el gen A con el gen B si A regula la actividad de B; en una *red metabólica* se describen todas las posibles reacciones bioquímicas de una célula: los nodos serán metabolitos y los ejes enzimas que convierten un metabolito en otro; abriendo el foco más allá de la célula, en las *redes de enfermedad* los nodos representan enfermedades, y dos de ellas estarán unidas por un eje si existe alguna mutación genética causante de ambas patologías<sup>8</sup>...

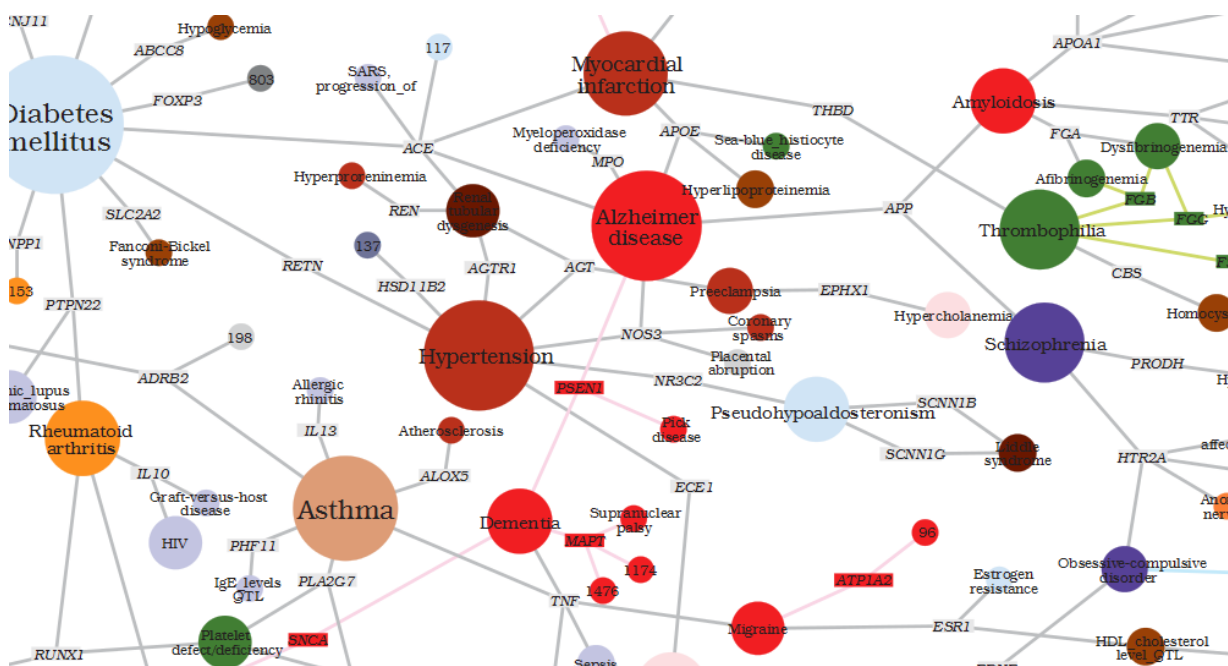


Figura 3. Detalle de la red de enfermedades humana.

Los avances recientes en el mapeo de redes biológicas y los conocimientos teóricos sobre grafos son las dos columnas que sostienen estas investigaciones. Un descubrimiento crítico de la década

<sup>6</sup> Como muestra de ello se tiene el conocido *problema de los puentes de Königsberg*, resuelto por Euler en 1736 y que da origen a este campo de estudio de las Matemáticas.

<sup>7</sup> En la terminología de la Teoría de Grafos se trata de *grafos dirigidos*.

<sup>8</sup> Se ha confeccionado una red de enfermedades humanas con más de 500 nodos, cuya topología pone de manifiesto el alto grado de interdependencia en el conjunto de los desórdenes genéticos.



anterior ha sido que las estructuras y evoluciones de estos grafos siguen siempre una serie de principios organizativos comunes: es destacable el papel que juegan los centros de actividad (*hubs*), aquellos nodos con un índice de conexiones muy superior a la media. Las investigaciones apuntan a que este tipo de nodos, además de sustentar la cohesión de la red desde el punto de vista topológico, poseen una especial relevancia biológica. En redes de regulación genética de organismos modelo tienden a ser genes esenciales; en redes proteínicas de células humanas, aquellas proteínas vinculadas al cáncer tienen de media el doble de conexiones que las no cancerígenas.

Además de los estudios de centralidad, otras propiedades estructurales de tipo matemático ampliamente analizadas son las distribuciones de los grados de incidencia en el conjunto de los nodos<sup>9</sup>, las longitudes de los caminos presentes en la red<sup>10</sup> y los subgrafos más relevantes. Nos detendremos en esto último.

Determinados patrones, subgrafos compuestos de entre tres y cinco nodos, aparecen en un número considerablemente mayor del esperado (teniendo en cuenta la distribución de grados del grafo) en redes bioquímicas, neurobiológicas, ecológicas u otras. Estos subgrafos sobrerrepresentados se han dado en llamar *motifs*, y a día de hoy es comúnmente aceptado que constituyen los ladrillos básicos de las redes biológicas. En consecuencia, su identificación y clasificación ha pasado a un primer plano.

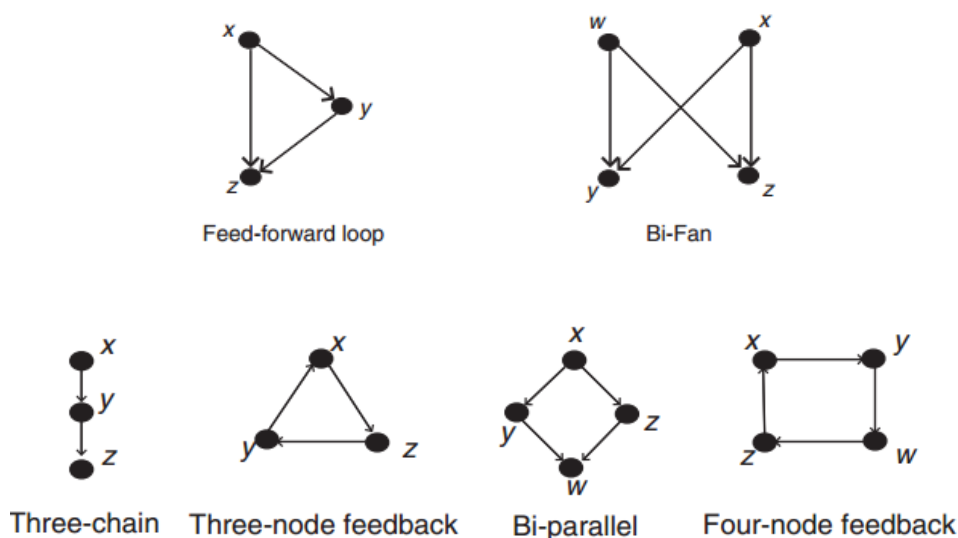


Figura 4. Ejemplos de motivos encontrados en redes biológicas.

Lo sorprendente es que se ha comprobado que redes con funciones similares (¡biológicas o no!) comparten los mismos motivos. Tanto el *feed-forward loop* como el *bi-fan* (ver Figura 4) han sido encontrados en redes de regulación genética y en redes neuronales, ambas las cuales envuelven cierto tipo de procesamiento de la información. Otros tipos de redes biológicas, como las de alimentación<sup>11</sup>, no comparten motivos con las anteriores, pero curiosamente sí con ciertos grafos del ámbito de la Ingeniería. En estos casos el objeto de la red consiste en facilitar un flujo de energía desde la base

<sup>9</sup> Tienden a seguir distribuciones del tipo  $P(x) \approx x^{-p}$  ( $p > 1$ ), donde  $P(x)$  indica la proporción de nodos de grado  $x$ .

<sup>10</sup> Parece que cumplen la conocida *propiedad del mundo pequeño*, o de los seis grados (en este caso ejes) de separación.

<sup>11</sup> En estas los nodos son especies animales y los ejes (dirigidos) indican relaciones predador-presa.



hasta la cima de la cadena, y en este caso el *three-chain* y el *bi-parallel* son los motifs más abundantes.

Todo ello sugiere que los motifs reflejan los procesos subyacentes que se generan en cada tipo de grafo, por lo que, siempre desde la prudencia que exige el estadio inicial en el que aún se encuentran estas investigaciones, cabría considerar el utilizar los motifs como clasificadores de redes en base a su funcionalidad.

En los últimos años se ha publicado un número significativo de artículos dedicados al análisis de redes biológicas, y se han logrado importantes progresos en el mapeo e interpretación de estos grafos. Las perspectivas para la medicina personalizada y predictiva son enormes: determinar el rol de genes de función aún desconocida, diseñar estrategias para la contención de enfermedades infecciosas, desarrollar tratamientos más eficaces para patologías de alta complejidad (como el cáncer), diagnosticar de forma temprana futuros desórdenes neurológicos... sin olvidar una importante aplicación ya llevada a cabo con notable éxito: el ensamblado de las millones de secuencias de ADN para elaborar un mapa físico del genoma humano<sup>12</sup>.

En fin, se ha dicho que *la vida es información*<sup>13</sup>. ¿Seremos capaces de codificar matemáticamente esa información? Y si es así, ¿hasta qué nivel de detalle?<sup>14</sup> Como ocurre con cualquier ciencia nueva, nuestra comprensión matemática de la Biología es fragmentaria y abierta a la controversia. Sin embargo, la medida en que la Biomatemática está ampliando su impacto científico nos hace sospechar que un entendimiento completo de la vida necesita de las ciencias exactas. Es improbable que la Matemática domine alguna vez el pensamiento biológico tal y como ocurre en la Física, pero creemos que el siglo XXI será testigo de la explosión de un nuevo tipo de Matemáticas que iluminará en gran medida muchas de las grandes incógnitas de la naturaleza.

## Bibliografía

- Alon, U. y otros (2002). Network Motifs: Simple building blocks of complex networks. *Science*, vol 298, 824-827.
- Barabási, A.L. y otros (2007). The human disease network (póster). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 104, 8685-8690.
- Barabási, A.L., Vidal, M., Cusick, M. (2011). Interactome networks and human disease. *Cell*, vol 144, Issue 6, 986-998.
- Cañada, A. (1999). De las matemáticas para biólogos a la biología matemática: Un punto de vista particular a través del Análisis Matemático y la Dinámica de Poblaciones [en línea]. Recuperado el 3 de noviembre de 2013, de <http://www.ugr.es/~acanada/investigacion/jaen99.pdf>.
- Díaz, J. y Álvarez, E. (2008). Breve historia de las biomatemáticas en los siglos XX y XXI. *Inventio*, 7, 61-68.
- Herrero García, M.A. (2006). Matemáticas y biología: un comentario de textos. *Encuentros multidisciplinares*, 23, 37-45.
- Lahoz-Beltra, R. (2011). *Las matemáticas de la vida*. Barcelona: RBA Coleccionables.
- Mason, O. y Verwoerd, M. (2007). Graph theory and networks in Biology. *IET Syst. Biol.*, 2007, 1, (2), 89-119.
- Pacheco Castela, J.M. (2000). ¿Qué es la biología matemática? *Números*, 43-44, 173-178.

<sup>12</sup> En este proyecto se buscan ciclos eulerianos en grafos de De Bruijn.

<sup>13</sup> La autoría conjunta de esta idea se atribuye a J. Von Neumann y a A. Turing.

<sup>14</sup> C. H. Waddington ha planteado un (excesivamente) ambicioso proyecto: el establecimiento de un cuerpo de *axiomas de la Naturaleza* del que se pudiesen deducir teoremas biológicos al modo matemático.



- Schrödinger, E. (2004). *¿Qué es la vida?* Barcelona: Tusquets.
- Stewart, I. (1999). *El segundo secreto de la vida*. Barcelona: Crítica.
- Stewart, I. (2011). *Las matemáticas de la vida*. Barcelona: Crítica.
- VV. AA. (2002). *Clásicos de la biología matemática*. México: Siglo XXI.
- VV. AA. (2003). Algunos aspectos matemáticos de la doble estructura helicoidal de ADN. *Gaceta de la RSME*, 6, 557-570.

**Antón Lombardero Ozores**. Profesor de Enseñanza Secundaria en el Centro Público de Educación Básica "El Salvador" de Grandas de Salime (Asturias). Nacido en Oviedo en 1978, es Licenciado en Matemáticas por la Universidad de Santiago de Compostela, y Máster Universitario en Matemáticas por la misma Universidad. Segundo Premio del Certamen "Ensayo 2012", de divulgación científica (Univ. de la Rioja). Miembro de la Sociedad Asturiana de Educación Matemática.