Modelos matematicos en biologia: un viaje de ida y vuelta

Pepe Garcia [1]

30 de abril de 2009

[1] http://www.uji.es

Índice general

Índice de figuras

Índice de cuadros

Agradezco la colaboracion prestada a...

A todo el mundo

Parte I

Conceptos iniciales

Capítulo 1

Introduccion

1.1. Objetivos iniciales

El objetivo de este trabajo es mostrar la provechosa interaccion entre la Biologia y la Matematica. Para ellos mostraremos como, por una parte, la Matematica es una herramienta sumamente interesante para entender distintos fenomenos biologicos como la dinamica del ADN, el crecimiento de tumores, dinamica de poblaciones, etc., y estos, a su vez, son una fuente de problemas matematicos dificiles.

1.2. Estructura del documento

El siguiente documento se compone de tres partes principales: en la Parte I se realiza un recorrido por la bibliografia mas importante que versa sobre el tema. La Parte II desarrolla todo el trabajo realizado por los autores. Finalmente, se concluye con los resultados obtenidos en la Parte III.

1.3. Revisión de bibliografia

Existe abundante bibliografia acerca del tema biologico en la literatura. En esta seccion, unicamente trataremos los temas mas relevantes, asi como las publicaciones mas destacadas. Para un mayor nivel de detalle, consultese [2, 1]. Sin embargo, detalles mucho mas especificos pueden encontrarse en [6] e incluso, con un mayor nivel de detalle, en otras fuentes de estilo similar [5, 3, 4].

1.4. Modelos de poblaciones

Los primeros modelos matematicos aplicados en Biologia han sido quiza los modelos que intentan describir la dinamica de poblaciones. Vamos a discutir aqui brevemente algunos de ellos. Para mas detalles ver ???. Por simplicidad vamos a centrarnos en modelos para una unica especie.

1.4.1. El modelo de Fibonacci

Quiza el modelo mas antiguo de crecimiento de poblaciones es el modelo que Leonardo de Pisa (o Fibonacci, como se le conoce desde el siglo XVIII) utilizo para describir el crecimiento de una poblacion de conejos y que describio en su famoso libro sobre la Aritmtica, Liberabaci, de 1202. El problema es el siguiente: Partiendo de una pareja de conejos (macho y hembra) cunatas parejas habra al principio de cada temporada?, es decir, que cantidad hay despues de n temporadas?

Para resolverlo Fibonacci supuso ciertas reglas:

1. Comenzamos con una unica pareja de conejos (macho y hembra). Cada pareja de conejos (macho y hembra) madura (pueden reproducirse) pasado cierto tiempo T (una temporada de crianza).
2. Cada pareja madura de conejos produce unau nica nueva pareja de conejos (macho y hembra) cada temporada de crianza (o sea, pasado el tiempo T).
3. Los conejos son inmortales.

Si denotamos por N_t el numero de parejas (macho y hembra) de conejos al principio de cada temporada y por t la correspondiente temporada, entonces la poblacion de conejos se describe por la ecuacion en diferencias (recurrencia)

$$N_{t+1} = N_t + N_{t-1}$$

Si empezamos por t=1 con las condiciones iniciales $N_0 = N_1 = 1$, la formula anterior nos genera la famosa sucesion de Fibonacci:

$$1, 1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, 34, 55,$$

La solucion general de dicha ecuacion es muy sencilla pues es una ecuacion en diferencias lineal y homogenea. Si buscamos la solucion en forma $N_t = \lambda^t$, sustituyendo en la ecuacion anterior obtenemos

$$\lambda^2 + \lambda - 1 = 0 \Longrightarrow \lambda_{1,2} = \frac{1}{2}(1 \pm \sqrt{5})$$

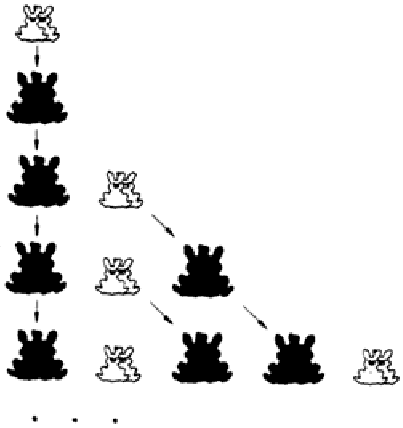

Figura 1.1: Los conejos de Fibonacci. En cada fila se representan las parejas de conejos por temporada. Las parejas maduras son las de color negro.

Parte II

Desarrollo

Capítulo 2

Trabajo realizado: basicamente formulas

El trabajo realizado ha sido muy duro... asi que solo pondremos ciertas formulas importantes:

2.1. Contribuciones realizadas

Parte III

Conclusiones

Estas son las conclusiones del trabajo...

Índice alfabético

Bibliografía

[1] Theoretical biology and medical modelling. 2004.

[2] International journal of biological sciences. 2005.

[3] Kazushige Goto and Robert Van De Geijn. High-performance implementation of the level-3 blas. *ACM Trans. Math. Softw.*, 35(1):1–14, 2008.

[4] Enrique S. Quintana-Ortí and Robert A. Van De Geijn. Updating an lu factorization with pivoting. *ACM Trans. Math. Softw.*, 35(2):1–16, 2008.

[5] Gregorio Quintana-Ortí, Francisco D. Igual, Enrique S. Quintana-Ortí, and Robert A. van de Geijn. Solving dense linear systems on platforms with multiple hardware accelerators. In *PPoPP '09: Proceedings of the 14th ACM SIGPLAN symposium on Principles and practice of parallel programming*, pages 121–130, New York, NY, USA, 2008. ACM.

[6] Robert A. van de Geijn. Storage schemes for parallel eigenvalue algorithms. Technical report, Austin, TX, USA, 1988.