

reloj o perfecta sincronía

Biología y matemáticas: la pareja esencial

Jorge X. Velasco Hernández
Programa de Matemáticas Aplicadas y Computación
Instituto Mexicano del Petróleo
velascoj@imp.mx

Desde mediados del siglo pasado la biología se ha colocado en un lugar prominente del desarrollo científico mundial. Algunos dicen que así como los principios del siglo XX fueron los años de los grandes descubrimientos de la física que revolucionaron tecnología, filosofía y muchos otros aspectos culturales, los principios del siglo XXI serán de la biología. Paralelo al desarrollo de la biología la aplicación de métodos cuantitativos para la descripción, explicación, análisis y predicción de procesos biológicos se ha incrementado significativamente. La época de los biólogos *cuentapatas* ha quedado atrás; ahora prácticamente cualquier área de la biología requiere de la aplicación de, al menos, métodos estadísticos que permitan dilucidar causas y efectos en los fenómenos estudiados. Mi objetivo en esta corta contribución es presentar un barrunto de lo que significa modelar un proceso biológico. No hay una única manera de hacerlo, hay muchas—algunos dicen que modelar es un arte. En cualquier caso todo depende del conocimiento y originalidad del modelador. Conozcamos una de muchas formas de hincarle el diente a la biología matemáticamente hablando. El ejemplo que quiero presentar es largo y no cabe en el espacio del que dispongo pero espero dejar al lector o lectora suficientemente picado como para que pregunte, averigüe (me escriba) para saber más.



Charles Darwin formuló sus ideas acerca de la evolución por selección natural basándose en observaciones sobre variaciones en los llamados fenotipos de los organismos que dependen de la acción de muchos genes. Ejemplos de estos caracteres fenotípicos son la talla, capacidad de almacenamiento de lípidos, número de inflorescencias entre otros. Naturalmente su transmisión genética es compleja y para su estudio se han desarrollado técnicas estadísticas importantes dedicadas a la caracterización y análisis de estos llamados caracteres poligénicos. Estos caracteres expresados por los organismos

dependen de una gran diversidad de factores, algunos de origen genético y otros de origen ambiental. De aquí en adelante les denominaremos caracteres cuantitativos.



Muchos caracteres cuantitativos tienen una distribución de fenotipos que puede ser descrita por el fenotipo promedio y por la varianza del mismo. Si pudieramos medir un caracter cuantitativo específico, por ejemplo talla, de todos los individuos de una población podríamos calcular el valor de la media \bar{x} y varianza σ^2 en la población. Desafortunadamente en una población, que puede estar compuesta de cientos o miles de

organismos, medirles la talla a todos es tarea poco menos que imposible. Pero si contamos con una muestra representativa de la población, es decir, con un subconjunto de individuos de la población que represente toda la posible variabilidad que el caracter en la población original, no todo está perdido pues con ella es posible estimar los valores de la media y varianza poblacionales \bar{x} y σ^2 , a través de la media \bar{x} y varianza s^2 muestrales.

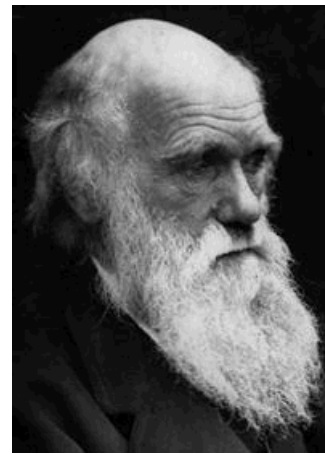
Es tiempo ahora de centrarnos sobre un particular problema: ¿cuando ocurrirá la extinción o la permanencia de una población que subitamente se encuentra en una ambiente o entorno nuevo y distinto al usual?

Para resolverlo recurriremos a un modelo básico de crecimiento poblacional. Si $N(t)$ denota la abundancia o número de individuos de la población al tiempo t , entonces tenemos que podemos predecir la abundancia de la población al siguiente tiempo con la ecuación $N(t+1) = \bar{e}N(t)$, donde \bar{e} es la llamada *tasa finita* de incremento de la población. El lector puede verificar que si $\bar{e} > 1$, la población crecerá de manera exponencial y que si, por el contrario $\bar{e} < 1$, la población se extinguirá eventualmente. Antes de pasara a la siguiente definición matemática es conveniente que repasemos muy brevemente el concepto de nicho ecológico de una especie. De una manera elemental el nicho ecológico es el conjunto de condiciones ambientales y bióticas que una población requiere para su supervivencia. Ahora bién, un habitat dado estará dentro del nicho ecológico de una población, si en él ésta incrementa su tamaño, es decir, si tiene en ese habitat $\bar{e} > 1$; el habitat estará fuera del nicho ecológico si la población en él se reduce en abundancia, es decir, $\bar{e} < 1$. A las poblaciones que se encuentran en su nicho llamaremos poblaciones «fuente», pues son productoras netas de individuos, mientras que aquellas poblaciones

reloj o perfecta sincronía

que se hallen fuera de su nicho ecológico las llamaremos poblaciones «sumidero» pues son deficientes en la producción de individuos. Con estas caracterizaciones estamos en condiciones de decir que ante un ambiente nuevo ocurre una evolución de nicho si la población pasa de ser una población sumidero a ser una población fuente en ese ambiente nuevo. El problema que queremos estudiar es entonces bajo qué condiciones una población expuesta a un ambiente nuevo desfavorable evoluciona hacia una población fuente. Note el lector que si la población evoluciona de la manera dicha habrá «expandido su nicho» pues estará viviendo en condiciones y lugares que antes le impedían subsistir.

Supongamos entonces que nuestra población $N(t)$ se encuentra en un ambiente desfavorable. Dado que el valor de \ddot{e} depende si la población es fuente o sumidero y que estaremos hablando de evolución supondremos que \ddot{e} depende del tiempo, es decir $\ddot{e} = \ddot{e}(t)$ resultando nuestro nuevo modelo $N(t+1) = \ddot{e}(t) N(t)$. La población inicial la denotaremos por N_0 y la \ddot{e} inicial será \ddot{e}_0 que es, por definición, necesariamente menor que uno pues la población está fuera de su nicho ecológico. Si la población no evoluciona tendremos que \ddot{e} no cambia y, por lo tanto, podemos predecir la abundancia de la población para cualquier tiempo t mediante la fórmula $N(t) = \ddot{e}^t N_0$.

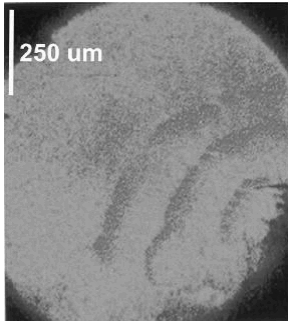


Vamos a suponer ahora que existe una abundancia crítica, que denotaremos por N_c tal que si la población llega a ella la probabilidad de una extinción inmediata es muy alta. Con esta suposición podemos estimar ahora el tiempo a extinción, t_E mediante la fórmula $t_E = (\ln N_c - \ln N_0) / (\ln \ddot{e}_0)$. Este tiempo nos indica el número de generaciones que le llevará a una población sumidero llegar a la extinción. El modelo entonces nos permite concluir que sin evolución la extinción de la población es inevitable.

Ahora ha llegado el momento de hacer nuestro primer experimento matemático sobre la evolución de la población. Es intuitivamente claro que si la población evoluciona lo suficientemente rápido podrá escapar extinción; es decir, si $\ddot{e}(t)$ rebasa el valor de 1 antes de que pasen t_E generaciones, la población se salvará. Supongamos ahora que la \ddot{e} tiene la siguiente dinámica (el lector deberá tomar como artículo de fé que esta hipótesis es biológicamente correcta; de hecho está basada en el llamado teorema fundamental de la selección natural): $\ddot{e}(t+1) = \ddot{e}(t) + \ddot{a}$, es decir, la tasa finita de incremento se incrementa en una cantidad fija \ddot{a} constante en cada generación. Por lo tanto $\ddot{e}(t) = \ddot{e}_0 + \ddot{a}t$, como el lector o lectora podrá fácilmente comprobar. Podemos calcular ahora en qué tiempo t_c , \ddot{e}

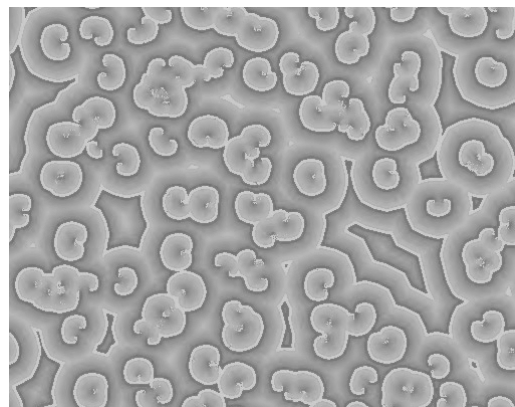
4783527350981426893456372829648567585959733420928634530394857612325347756503937612345678909876543213425643993847565757511980964554685959

llegará al valor de 1. Retamos al lector o lectora a verificar que $t_c = (1 - \epsilon_0)/\dot{a}$. Concluimos entonces que la población se convertirá en fuente en el ambiente nuevo, es decir, se habrá adaptado a él, únicamente si $t_c < t_E$. Si esta desigualdad no es satisfecha, la población se extinguirá irremediabilmente.



Mucho más puede deducirse de este modelito pues puede también complicarse, “hacerse mas realista”, puede volverse estocástico lo que significa que puede introducirse en la variabilidad aleatoria y muchas otras cosas tanto matemáticas como biológicas. Pero eso será para otra ocasión pues ya estoy excedido del espacio que generosamente me han otorgado los editores. Antes de concluir, sin embargo, quisiera expresar una idea que considero muy importante.

La matemática aplicada a la exploración de sistemas biológicos me gusta compararla con un microscopio. Existen microscopios de muchos tipos, desde los más sencillos que sirven para capturar características morfológicas en escalas de milímetros hasta aquellos que permiten observar micro y ultraestructuras a escalas de medida sumamente pequeñas. Es claro que no cualquier microscopio sirve para cualquier fin. Si me interesa simplemente determinar la familia de una colección de artrópodos uso un tipo de microscopio adecuado y no uno electrónico. El microscopio es entonces una herramienta experimental que permite conocer aspectos de la naturaleza. Es obvio pero importante mencionar que aunque el microscopio es fundamental para cierto tipo de problemas biológicos no lo es para todos, en algunos ni siquiera se usa. Así es con la matemática. La matemática es un microscopio metodológico que nos permite describir, explicar o predecir fenómenos. La variedad de métodos y técnicas matemáticas que se han desarrollado a lo largo de los siglos proporcionan una gama considerable de herramientas para resolver muchos tipos de problemas biológicos. Pero no todo problema biológico requiere del uso intensivo o extensivo de técnicas matemáticas o, alternativamente, no existe una única manera de modelar un proceso. Y aquí termino.



Hasta la próxima.