

XIX Escuela de Otoño de Biología
Matemática
&
XIII Encuentro Nacional de Biología
Matemática
9-13 de octubre de 2017, Universidad de Colima

**RESÚMENES DE CONFERENCIAS Y
CARTELES**

CONFERENCIAS INVITADAS

Modelos matemáticos para explorar la interacción organismo-ambiente durante el desarrollo

Dra. Mariana Benítez Keinrad

Instituto de Ecología, UNAM

El ambiente es un factor central en el desarrollo de los seres vivos, no únicamente un factor externo o una causa de perturbaciones del desarrollo. Sin embargo, a pesar de la relevancia de la interacción organismo ambiente, aún es necesario elaborar modelos teóricos y experimentales que nos permitan entender los procesos detrás del desarrollo de los seres vivos y la relación entre los factores genéticos, ecológicos y físicos, entre otros. Los modelos matemáticos ofrecen la posibilidad de integrar esta diversidad de factores en un mismo marco teórico. Se discutirá la importancia de considerar la interacción organismo-ambiente en los estudios de biología del desarrollo y se presentarán ejemplos de modelos matemáticos que pueden asistir esta tarea.

Cambio de patrones estacionales en un modelo de epidemias con dos patógenos y vacunación parcial

Dr. Marcos Aurelio Capistrán Ocampo

CIMAT

En este trabajo se estudia el papel de la estacionalidad, la interacción de patógeno entre hospederos y la vacunación parcial en el cambio de patrones estacionales en un modelo epidemiológico de enfermedades respiratorias de dos patógenos. Hemos utilizado técnicas estándar para calcular la descomposición espectral de las fluctuaciones del sistema en un vecindario de un atractor determinista, es decir, del estado estacionario o ciclo límite. Nuestros análisis corresponden a regímenes paramétricos típicamente asociados al virus sincitial respiratorio y a la gripe. La principal contribución de este trabajo es una explicación para el cambio estacional de patrones.

Minería de datos aplicados a la salud: Un ejemplo completo

Dr. Jonathan F. Easton

Centro de Ciencias de la Complejidad, UNAM

Instituto de Ciencias Nucleares, UNAM

El crecimiento de los datos, en su manera de colección y de guardarlos, significa que hay necesidad de nuevas técnicas y métodos para analizar. Ciertas áreas de investigación en la ciencia han tomado la minería de datos como una nueva herramienta, pero eso no es el caso en todas las áreas. Salud es un área donde el crecimiento en uso de técnicas de minería de datos para analizar datos no ha sido igual al crecimiento de la disponibilidad de los datos.

Con esta plática, quiero mostrar unas ventajas y unas posibilidades cuando técnicas de la minería de datos son aplicadas a salud y datos de medicina. Al mismo tiempo dar una introducción al área de minería de datos y en específico el uso de la *naïve* Bayes clasificador.

Un ejemplo completo desde los datos y métodos hasta resultados será presentado, terminando con otros ejemplos de investigaciones utilizando la minería de datos en aspectos de la salud.

Las fermentaciones como sistemas dinámicos

Dra. Pilar Escalante Minakata

Laboratorio de Agrobiotecnología, Universidad de Colima

Resumen por anunciar.

Modelos matemáticos como generadores de escenarios en tuberculosis

Dr. Natalia Mantilla Beniers
Facultad de Ciencias, UNAM

Una función vital de la modelación matemática de un fenómeno es poner a prueba nuestras hipótesis o prejuicios sobre cómo funciona: cuando las predicciones que se derivan de nuestro modelo difieren de cómo se comporta el fenómeno de estudio, tenemos la certeza de que ese modelo no retrata la realidad. En estos casos, identificar la fuente de la diferencia es fundamental al mejoramiento de modelo, y para ello necesitamos tener una buena comprensión tanto del sistema que buscamos retratar, como de las consecuencias que puedan tener distintas modificaciones del modelo sobre su comportamiento.

Ahora bien, otra función que puede tener un modelo es la de brindarnos un mapa que nos oriente en temas que no conocemos bien. En esta plática presentaré un paradigma para tuberculosis que nos permite conocer cuáles son las consecuencias epidemiológicas de dos hipótesis alternativas sobre la interacción entre la BCG, vacuna contra la tuberculosis, y las micobacterias ambientales.

Causada por *Mycobacterium tuberculosis*, esta enfermedad es producto de una relación compleja entre el bacilo y nuestro sistema inmune. La vacuna más utilizada para prevenirla, BCG, proviene de *M. bovis*, pero tiene una eficacia extremadamente variable. Se piensa que esta variabilidad ocurre como resultado de los distintos grados de exposición a micobacterias ambientales, que varían en abundancia y diversidad con la latitud. Sin embargo, aún no es claro cómo se relaciona la exposición previa a micobacterias ambientales con el éxito de la vacunación. En mi plática mostraré las predicciones que hace el modelo sobre el efecto esperado de los dos mecanismos que se han propuesto sobre esta interacción. Las consecuencias previstas de cada mecanismo podrían ayudarnos a identificar cuál retrata esta interacción, avanzando así en un estudio a nivel inmunológico con las claves que nos brindan modelos matemáticos.

Canales iónicos y receptores de membrana en la función cardíaca

Dr. Ricardo Antonio Navarro Polanco
Centro Universitario de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Colima

Los canales iónicos y receptores son proteínas de membrana que juegan un papel central en distintos procesos celulares. Los canales iónicos regulan el movimiento de iones a través de las membranas y sirven como plataformas de señalización celular. Por su parte, los receptores de membrana modulan distintas vías de señalización después de ser estimulados por eventos físicos o químicos. Ambos tipos de proteínas tienen una correlación estrecha y constituyen la base de la excitabilidad celular. Son responsables de la señal bioeléctrica fundamental, el potencial de acción, característica inherente a los tejidos excitables. Esta señal bioeléctrica constituye la base del sistema sensorial y de la respuesta adaptativa a los cambios del ambiente, por ende es el mecanismo básico de la sobrevivencia en las distintas especies animales.

Formación de patrones en modelos ecológicos y sistemas autosimilares

Dra. Mayra Núñez López
Departamento de Matemáticas Aplicadas y Sistemas
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa

En este trabajo mostraremos la formación de patrones en un sistema Lotka-Volterra caracterizado por una escala espacial que controla el rango de la interacción depredador- presa. Los resultados analíticos y numéricos muestran que los patrones pueden surgir en función de parámetros del espacio donde la inestabilidad es impulsada por el rango de la interacción. Posteriormente consideraremos difusión anómala en un sistema de reacción-difusión, presentamos patrones autosimilares de concentración a partir de las condiciones de

inestabilidad. Se obtienen patrones espirales y con mezclas de simetrías rotacionales. El tipo de difusión anómala discutida en este trabajo, es una consecuencia de la heterogeneidad del medio y se modela a través de un coeficiente de difusión que depende del espacio a través de una forma funcional tipo ley de potencias. Finalmente presentamos un método para validar la solución numérica, únicamente de la parte difusiva del modelo reacción-difusión basado en tres criterios: los momentos de concentración, el decaimiento de la concentración en el origen, y la conservación de la masa.

Ondas de invasión de especies a hábitats: propagación y control

Dr. Daniel Olmos Liceaga

Departamento de Matemáticas, Universidad de Sonora

En algunos ecosistemas, la invasión de especies puede llevar al desplazamiento o a la extinción de especies locales. Aunque la invasión de especies puede tener un efecto negativo como el caso de la Hormiga Argentina (*Linepithema humile*) al acabar con especies de hormigas locales, también puede considerarse como algo benéfico al intentar controlar especies que defolían los árboles de los cuales se alimentan, como el caso de las polillas de coníferas (*Zeiraphera Improbana*) o las orugas (*Epirrita Autumbata*) de los abedules. En esta plática, estudiamos mediante ecuaciones de reacción-difusión el proceso de invasión y re invasión de especies a un hábitat. Bajo este esquema, una especie invade un hábitat (especie presa) y se intenta controlar mediante introducir una segunda especie (especie predadora), a fin de lograr controlar la presencia de la especie actual. En dicho estudio se realizan estudios de ondas de re-invasión por parte de la especie presa, las cuales provienen de una estructura de ondas en espiral. El objetivo es encontrar condiciones bajo las cuales se puedan eliminar las ondas de re-invasión para evitar futuras colonizaciones.

Acoplado sistemas intra- e inter hospedero: ideas y modelos simples

Dr. Jorge X. Velasco Hernández

Instituto de Matemáticas, UNAM-Juriquilla

En este trabajo se analiza un modelo de la interacción entre el sistema inmune y un sistema hospedero vector. Se generalizan estos resultados al caso en el que existe también transmisión directa del patógeno. Se discuten las consecuencias teóricas del acoplamiento de modelos dentro del hospedero y entre hospederos.

CONFERENCIAS POR CONTRIBUCIÓN

Eficacia de la vacuna contra el virus del papiloma humano: un modelo basado en agentes

Augusto Cabrera Becerril
Facultad de Ciencias, UNAM

Mediante un modelo basado en agentes y el análisis de redes de contacto sexual estudiamos la eficacia de distintos esquemas de vacunación contra la infección por VPH.

Modelo matemático para estudiar la dinámica de la metástasis ósea

José Ariel Camacho Gutiérrez
CIMAT

En las últimas etapas del cáncer se puede presentar un fenómeno conocido como metástasis. En este proceso algunas células del tumor primario llegan al torrente sanguíneo y viajan a órganos distantes en donde tratarán de colonizar y desarrollar tumores secundarios. Uno de los tejidos predilectos para la metástasis es el óseo. Las células de cáncer modifican las interacciones entre las células óseas para lograr la colonización. Mediante modelos matemáticos se busca encontrar algunas respuestas sobre cuáles son los factores predominantes en la red de interacciones para que se lleve a cabo de la metástasis. También, otros modelos tienen como objetivo predecir la efectividad de algunos tratamientos. Usando teoría de control óptimo es posible proponer algún tratamiento que clínicamente no ha sido evaluado.

Análisis de estabilidad de un modelo epidemiológico de obesidad con contagio social

Jorge Fernando Camacho Pérez
Maestría en Ciencias de la Complejidad
Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Se estudia un modelo matemático epidemiológico descrito por un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales que toma en cuenta los riesgos de contagio social y no social de la obesidad. Al estudiar el caso en el que el modelo presenta sólo el efecto debido al contagio social, mediante el empleo de métodos cualitativos del análisis de estabilidad de los sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias, se encuentra que el sistema presenta a lo más tres puntos de equilibrio: uno libre de la enfermedad y dos endémicos, así como ausencia de órbitas periódicas. Particularmente, cuando se considera a R_0 (el número reproductivo básico) como un parámetro, el sistema exhibe una bifurcación de retroceso: el punto de equilibrio libre de la enfermedad es estable si $R_0 < 1$ e inestable si $R_0 > 1$; en tanto que se tienen dos puntos de equilibrio endémicos cuando $R_0 = R_0^*$ ($0 < R_0^* < 1$) siendo uno asintóticamente estable y el otro inestable, y cuando $R_0 > 1$, sólo el primero permanece dentro de la región de factibilidad. Por otra parte, al considerar en el modelo contagio tanto social como no social y siguiendo la misma metodología, se encuentra que su dinámica es más simple que la descrita en el caso anterior, pues ésta presenta un único punto de equilibrio endémico que es global asintóticamente estable.

Un modelo estocástico para la reconstrucción de masa ósea

Dr. Saúl Díaz Infante Velasco
CONACYT-Universidad de Sonora

En este trabajo modelamos la dinámica poblacional de osteoblastos-osteoclastos con fluctuaciones ambientales. Para estudiar las variaciones aleatorias del proceso de reconstrucción ósea, formulamos un modelo estocástico que describe las interacciones entre estas dos poblaciones. Probamos la existencia de solución única y positiva. Concluimos mostrando el efecto del ruido con evidencia numérica.

Análisis bayesiano para la dinámica glucosa-insulina en la prueba oral de tolerancia a la glucosa

Hugo Alberto Flores Arguedas
CIMAT

Se presenta un modelo de dinámica glucosa-insulina para la prueba oral de Tolerancia a la glucosa, con el cual se aborda el problema inverso, bajo un enfoque bayesiano, de caracterizar la respuesta de un individuo dadas mediciones de su nivel de glucosa en sangre.

Desenmascarando la dinámica de dos enfermedades a partir de datos agregados y de laboratorio en un modelo estocástico multi-patógeno.

Yury Elena García Puerta
CIMAT

La Influenza y el virus sincitial respiratorio (RSV) son los principales agentes etiológicos de las infecciones respiratorias agudas estacionales (IRA) en algunas zonas templadas. Los médicos suelen reunir informes de consulta semanal de ARI, pero las pruebas de laboratorio necesarias para identificar los virus individuales no siempre se llevan a cabo en un entorno clínico debido a las limitaciones de costos. Esto limita la capacidad de estudiar la interacción entre las enfermedades y hacer recomendaciones de salud pública. En este trabajo mostramos que un pequeño número de pruebas de laboratorio de influenza y RSV en una muestra aleatoria de pacientes, como los recolectados en el programa centinela del hospital central de San Luis Potosí, México, pueden permitir la identificación de la Dinámica de patógenos individuales con un costo adicional relativamente pequeño.

Consideramos un modelo estocástico susceptible-infectado-recuperado (SIR) de dos epidemias e inferimos los parámetros que definen su relación en un entorno jerárquico bayesiano, así como las trayectorias posteriores de infecciones para cada enfermedad a lo largo de múltiples años a partir de los datos disponibles.

Las ventajas evolutivas de los plásmidos multicopia

José Carlos Ramón Hernández Beltrán
Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

El genoma bacteriano está compuesto de un cromosoma circular que contiene genes esenciales, ocasionalmente acompañado de otras moléculas circulares más pequeñas, las cuales contienen genes no vitales pero sustanciales en determinados nichos. Estas moléculas, denominadas plásmidos tienen diversos tamaños y número de copias. Los plásmidos multicopia cuentan con un mecanismo de control del número de copias, el cual no es exacto, esto genera variabilidad en el número de copias a nivel de una población de bacterias. Si asociamos el número de copias a un determinado fenotipo, entonces los plásmidos multicopia producen heterogeneidad en los fenotipos.

El objetivo de este estudio es analizar las ventajas de portar un plásmido multicopia en ambientes fluctuantes. Para ello utilizamos un enfoque teórico-experimental tanto a nivel de poblaciones como a nivel de células individuales. Se observó que los plásmidos multicopia favorecen la diversidad genética en las poblaciones así como dentro de una misma bacteria. Dicha diversidad genética, y fenotípica, le permite a la población sobrevivir ante distintos regímenes ambientales. Encontramos que resulta más benéfico para una población contar con

diversidad genética a nivel celular que contar con diversidad genética a través de subpoblaciones.

Inflamación, obesidad y biología de sistemas

Dra. Mariana Esther Martínez Sánchez
Centro de Ciencias de la Complejidad, UNAM

En la obesidad asociada a inflamación crónica existe una retroalimentación entre la inflamación y la obesidad. Entender esta retroalimentación requiere modelos que integren tanto el sistema inmune como el metabolismo, tomando en cuenta los diferentes niveles de regulación, el papel del ambiente y la complejidad de ambos sistemas. Usando la biología de sistemas es posible integrar la red de regulación de los linfocitos T CD4+ -los cuales modulan el sistema inmune y mantienen el equilibrio entre inflamación y regulación- junto con el efecto de la hiperinsulinemia -fuertemente asociada a la obesidad- recuperando los patrones observados tanto en un estado saludable como durante la obesidad asociada a inflamación crónica. Esta metodología permite dar explicación mecanística a la retroalimentación entre el sistema inmune y el metabolismo, mostrando cómo los patrones de diferenciación y plasticidad celular surgen a partir de redes de regulación y la interacción con el ambiente. El modelo nos permite generar predicciones experimentales que están siendo actualmente probadas en la Universidad de Colima.

Geometría y dinámica del crecimiento de la raíz

Dr. Pablo Padilla Longoria
Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas, UNAM

Desde hace más de cien años que Darwin observó los patrones ondulatorios en las raíces de algunas plantas. En años recientes el crecimiento y formación de estructuras en estos sistemas han motivado diversas investigaciones relacionadas con el estudio de mecanismos genéticos subyacentes y su acoplamiento con factores ambientales. En esta presentación expondremos resultados recientes, tanto experimentales como de modelación en el caso de la raíz de Arabidopsis y discutimos su generalización a otros sistemas biológicos.

Modelling the complex regulatory interplay between epithelial-mesenchymal transitions and the microenvironment and its deregulation in health and disease

Francisco Javier Reyes Mora
Maestría en Ciencias de la Complejidad, Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Epithelium to mesenchymal transition (EMT), is a complex phenomenon of cellular transdifferentiation through which an epithelial cell loses its characteristic phenotypic epithelial markers and becomes a mesenchymal cell which has the ability to invade other tissues and which is resistant to chemotherapy. Under homeostatic conditions, EMT participates in wound healing, development and organogenesis. However EMT is also involved in the characteristic tissue remodelling of pathological chronic degenerative processes such as fibrosis and carcinomas, accounting for 51% of worldwide deaths. It remains to be investigated how EMT-driven tissue remodelling, needed for the maintenance of tissue homeostasis, becomes aberrant and a driving force of pathologies such as cancer and fibrosis. The EMT is controlled by the complex interactions between Transcription Factors, operating within individual cells in the tissue, and changes in the surrounding micro-environment, given by the composition of the extracellular matrix (ECM, which determines the stiffness of the tissue), and the levels of pro-inflammatory cytokines such as TGFβ. In turn, the mesenchymal cells produce ECM components and cytokines, forming a positive feedback loop between the phenotypes of the cells and the properties of the surrounding tissue. While in equilibrium this complex feedback control structure preserves homeostasis, we hypothesized that when the system is perturbed by genetic or environmental risk factors known to predispose to fibrotic or

oncogenic conditions, the equilibrium between positive and negative feedback loops is impaired, which can lead to the onset and progression of pathology. Here, we use a systems biology approach in which we represent this complex multi-scale feedback control structure with a mathematical model. Using control theoretical approaches, we analyse this model to identify the different perturbations that can drive aberrant tissue remodelling processes. With this analysis, we were able to identify the different risk factor combinations that drive the transition from a homeostatic to pathological tissue repair process in hepatocytes. Model simulations and analysis of the proposed core gene regulatory network attains only three steady states, corresponding to the epithelial, mesenchymal and an intermediate senescent phenotypes observed during the EMT. We could also quantitatively characterise the different microenvironmental signals, in terms of the minimal input amplitudes and frequencies required to break the stability of the system and, forcing the transition from an epithelial to a mesenchymal state. Simulations of our multi-scale model show that an increased strength of in the positive feedback loop between the phenotypic decision-taking and the microenvironment cues can lead to an abrupt transition from a homeostatic to a pathological tissue with an over-accumulation of mesenchymal cells. In conclusion our analysis demonstrates how a system biology approach for the identification of underlying mechanisms in the onset and progression of complex diseases.

The target reproduction number: Control strategies in a star network setting

Fernando Saldaña García

CIMAT

For many infections, the host population can be subdivided into different classes in accordance with specific characteristics that could impact the transmission of the disease. In this work, we investigate how such heterogeneities and multiple transmission routes influence the form that the target reproduction number takes for specific control policies. Compartmental *SIRS* models are used to study the dynamics of n interacting host classes sharing the same source of infection in addition to the infection among members of the same class. In particular, a model for environmentally driven diseases with free-living pathogens in the environment and a Lagrangian metapopulation model are considered.

We study the relationship between the topological structure of the infection process of the disease and the design of public health interventions to control epidemics. To do that, connections between the target reproduction number and the basic reproduction numbers associated with the local dynamics of the infection process are established.

CARTELES

Modelado matemático de la producción de FOS en un biorreactor de lecho fluidizado utilizando fructosiltransferasa de *Aspergillus aculeatus* inmovilizada en perlas de alginato.

Julio César Alcaraz Siqueiros
Universidad de Colima

En los últimos años se han descubierto los diversos beneficios a la salud que tienen los fructooligosacáridos (FOS) como edulcorante, por ello, el estudio de su obtención y optimización ha sido un tema de gran interés en recientes investigaciones en lo que compete a bioingeniería. Al ser los FOS oligosacáridos conformados por una molécula de glucosa y dos o más moléculas de fructosa, el sustrato que mejor funciona como fuente de estos monosacáridos para la producción de FOS es la sacarosa (azúcar de mesa). La enzima encargada de llevar a cabo la hidrólisis de la sacarosa y la transfructosilación de la fructosa es la fructosiltransferasa (FTasa), la cual puede ser obtenida de algunos hongos como el *Aspergillus aculeatus*.

Una de las mejores maneras de estudiar la cinética de una reacción química es mediante el planteamiento de un modelo matemático. A pesar de todos los modelos que hay acerca de producción de FOS y de reacciones químicas dentro de biorreactores, no se ha reportado en la literatura un modelo matemático que describa la producción de FOS dentro de un biorreactor de lecho fluidizado. El objetivo de mi trabajo de investigación es justamente desarrollar un modelo que explique lo anterior, tomando en cuenta la cinética de la FTasa de *A. aculeatus*, encontrar las características físicas óptimas de la inmovilización y la cantidad de enzima a inmovilizar en las perlas de alginato. Los modelos que aquí estudio están basados en datos experimentales, resultado de los experimentos que realizo en el laboratorio. La producción de la enzima se lleva a cabo en un biorreactor de lote el cual se monitorea en línea (pH, °Brix, ORP, O² disuelto, biomasa y conductividad) y la cuantificación de azúcares se hace por medio de cromatografía de líquidos (HPLC). Resultados del trabajo realizado son, el modelo que mejor describe la cinética de producción de FOS está basado en una cinética tipo Michaelis-Menten con inhibición competitiva por glucosa; los resultados experimentales de la optimización de las características físicas de la inmovilización, sugieren utilizar la perla fresca sin someterla a un proceso de secado y se tiene una propuesta sobre la cantidad mínima de enzima a inmovilizar tal que se tiene la máxima producción de FOS. Estos resultados constituyen la base para describir la dinámica dentro de un biorreactor de lecho fluidizado, el cual requiere de un sistema de ecuaciones diferenciales parciales para tomar en cuenta la variación del sustrato a lo largo de la columna del biorreactor a través del tiempo y así poder lograr la producción continua de FOS.

Análisis de la estructura e interacciones ecológicas de comunidades de microorganismos en suelos de uso agrícolas: una perspectiva desde los sistemas complejos

David Emigdio Andrade Hidalgo y Costilla
Universidad Nacional Autónoma de México

Mi investigación pretende analizar la estructura de comunidades de bacterias en suelos de eco-regiones diferentes y con distinto tratamiento agrícola, buscando inferir las diferentes interacciones entre especies identificadas, así como su relación con la calidad del suelo.

La metodología general es:

- 1) Representar la estructura de las comunidades de bacterias utilizando redes complejas y analizar sus características.
- 2) Inferir las interacciones ecológicas entre las especies identificadas.
- 3) Estudiar la correlación entre las propiedades observadas de las comunidades bacterianas y las características del tipo de suelo.

Modelo infeccioso para analizar el control biológico de la roya del café usando compuestos antifúngicos bacteriales

Jorge Alberto Arroyo Esquivel
Universidad de Costa Rica

La roya del café es una de las principales enfermedades que afecta las plantaciones de café a nivel mundial, causando un importante impacto en la industria de la producción cafetalera. Un método común para combatir esta enfermedad es a través del uso de hidróxido de cobre como fungicida, el cual puede tener efectos colaterales tanto en la planta de café como en la salud humana. Un método novedoso de control biológico de la roya del café mediante compuestos antifúngicos se ha probado como una efectiva alternativa a los fungicidas a base de hidróxido de cobre. En esta presentación presentamos un modelo estocástico que describa la interacción de las bacterias con la población del hongo que produce la roya en una plantación de café. Además, elaboramos simulaciones numéricas para encontrar las condiciones óptimas para las cuales la población de roya se reducen a un mínimo.

Modelado del crecimiento urbano mediante redes neuronales y autómatas celulares.

Luhma Emmanuel Castillo Ramírez
Universidad Autónoma de la Ciudad de México

El crecimiento de la Ciudad de México y las urbanidades vecinas supone una problemática ambiental y social de grandes dimensiones. Esta propuesta de investigación pretende, mediante el cómputo inspirado biológicamente, formular un modelo de crecimiento urbano para coadyuvar en la toma de decisiones.

La Energía y fotosíntesis de las plantas en la fase luminosa

Uri Jair Gallegos Fernández
Universidad de Colima

Las plantas realizan un proceso llamado fotosíntesis, el cual su principal función es el intercambio de gases. Para hacer ese proceso la planta necesita energía, y esta la obtiene a través de la luz. Ya que la luz se comporta corpuscularmente y esta provee la energía. Las plantas captan esta energía a través de un tipo de cromóforo llamado clorofila, esta se ubica en los cloroplastos, pero a su vez los cloroplastos le dan el color verde a la planta. Las plantas que realizan la fotosíntesis son verdes, esto se debe a la energía que ocupan del sol, ya que captarán una cierta cantidad y la reflejarán con una diferente longitud de onda; la energía ocupada durante este procesos la planta la ocupa para realizar el proceso de fotosintético y así convertir CO₂ en O₂ durante la fase oscura.

Impacto del sistema inmunológico en el inicio de un tumor cancerígeno

Mary Trini Garcia Mendoza
Universidad de Colima

El cáncer es la segunda causa de muerte en el mundo; sin embargo, aún se desconocen varios aspectos de los mecanismos que dan lugar al inicio de un tumor. El sistema inmunológico tiene la capacidad de eliminar tumores pequeños, por lo que es importante considerarlo en el estudio del inicio del cáncer. El modelo matemático de Kirschner y Panetta (1998) describe la dinámica de crecimiento de células cancerígenas y su interacción con células del sistema inmune (células efectoras y citosinas) en términos de un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias. Kirschner y Panetta mostraron que este modelo predice el establecimiento de un tumor, sin importar los valores de sus parámetros; este resultado, por supuesto, no incluye la posible extinción de células cancerígenas por medio del sistema inmune. Para estudiar este posible caso, en este trabajo consideramos la versión estocástica del modelo de Kirschner y Panetta con el objetivo de determinar la probabilidad de extinción de un número inicial de células

cancerígenas para distintas combinaciones de valores de los parámetros del modelo. Nuestros resultados preliminares muestran que para ciertos valores del parámetro de antigenicidad, que representa el grado o intensidad de la respuesta inmune provocada por las células cancerígenas, la probabilidad de extinción de un pequeño tumor es positiva y en algunos casos puede llegar hasta uno. También se muestra el efecto de la antigenicidad en el tiempo medio de extinción de un tumor.

Simulación de la evolución de una red intracelular.

Ana Paulina González Alatorre
Universidad de Colima

Presentaremos los resultados obtenidos al simular la evolución del proceso de crecimiento y fisión celular. Para estudiar este proceso nos basamos en el modelo de una red intracelular de reacciones catalíticas propuesto por Furusawa y Kaneko (2006). El objetivo de este trabajo es investigar la existencia de propiedades universales en la dinámica de las reacciones. Para ello debemos verificar que la evolución da lugar a leyes de potencias en las abundancias de especies químicas y el número de enlaces en cada reacción. Tales leyes de potencias fueron observadas experimentalmente por Furusawa y Kaneko (2003) en la distribución de la abundancia de genes expresados en seis organismos y más de 40 tejidos basados en datos de SAGE.

Modelación matemática del proceso de fermentación de la savia de palma de coco

Óscar Adrián Jacobo Pamplona
Universidad de Colima

En el presente trabajo se estudia la fermentación de la savia de palma de coco. Para esto, se realizaron fermentaciones experimentales con distintas concentraciones iniciales de sustrato, utilizando por separado cuatro microorganismos (una levadura y tres bacterias) aislados e identificados molecularmente del proceso de fermentación espontánea de la savia. El consumo de sustrato (sacarosa, glucosa y fructosa), la formación de productos (ácido láctico, ácido acético y etanol) y la biomasa fueron cuantificados. A partir de los datos experimentales se calcularon los parámetros cinéticos. Además, se propusieron cinco modelos matemáticos, consistentes en sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias, para describir el comportamiento fermentativo de cada uno de los microorganismos. Los parámetros de cada modelo fueron estimados utilizando inferencia bayesiana por medio de cadenas de Markov y Monte Carlo. En cada caso, se identifica el modelo que mejor se ajusta a los datos experimentales.

Bifurcación de Hopf en un modelo depredador-presa con crecimiento exponencial y respuesta funcional tipo Crowley-Martin

María Fernanda Jiménez Alegría
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

En este trabajo se muestra la existencia de una bifurcación de Hopf en un sistema de ecuaciones diferenciales en el plano que modela la interacción de una presa con crecimiento exponencial y un depredador con respuesta funcional tipo Crowley-Martin. Se calculan los puntos de equilibrio y se determinan condiciones en los parámetros del sistema que garantizan la existencia de dichos puntos en la región de interés ecológico. Asimismo, se determinan condiciones para que el sistema presente ciclos límites estables.

Influencia de los canales de calcio tipo T en la génesis de descargas Epilépticas

Thalia Juárez Jiménez
Escuela Superior de Física y Matemáticas del IPN

El objetivo de la tesis es desarrollar un modelo matemático para estudiar los mecanismos y formular hipótesis electrofisiológicas acerca del papel de los canales de calcio tipo T en la génesis de descargas epilépticas, apoyándonos de investigación del doctor Alessio Franci. Mi cartel hablaría de herramientas útiles para formular las hipótesis electrofisiológicas e introduciría el tema de electrofisiología neuronal, también presentaría resultados que he obtenido hasta el momento.

Clasificación de aguacate mediante procesamiento de imagen

Alma Jetzay Larios Pulido
Universidad de Colima

Se aborda una metodología para el procesamiento de imagen para la extracción de rasgos físicos (dimensiones, textura y color) para ser clasificados en distintas variedades de aguacate bajo el uso de diferentes técnicas de clustering como algoritmos de agrupamiento, redes neuronales y lógica difusa.

Bi-estabilidad en un modelo depredador-presa con crecimiento logístico e interferencia entre los depredadores

Nashiely Juanita López López
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

En este trabajo se analiza la dinámica de un sistema de ecuaciones diferenciales en el plano, el cual considera la interacción de una presa con crecimiento logístico y un depredador, en el cual se considera un parámetro de interferencia entre estos. Se calculan los posibles puntos de equilibrio y se determinan condiciones para la estabilidad de cada uno de los conjuntos límites. En particular, se determina la existencia simultánea de dos conjuntos límites estables.

Modelado e identificación paramétrica, para la producción de biomasa de *Aspergillus aculeatus* en un biorreactor tipo lote

Francisco Isaías Mancilla Pérez
Universidad de Colima

Se discutirá un modelo matemático que represente la producción de FOS (Fructooligosacaridos) y el crecimiento de biomasa de *Aspergillus aculeatus*. Este modelo está representado por siete variables de estado, con las cuales intentamos explicar el estado del sistema en cualquier tiempo, así mismo se realiza la estimación paramétrica, el cual es un problema particular debido al número de parámetros.

Los FOS pueden ser producidos a partir de sacarosa por acción de la enzima Fructosiltransferasa (FTasa), con actividad de hidrólisis y transfructosilación. Debido a que la actividad de la enzima está directamente relacionada con la cantidad de biomasa, entonces, maximizar la producción de biomasa, es el objetivo principal. Para lograr la maximizar la productividad, es necesario un modelo dinámico de la producción de *A. aculeatus*.

Estimación de parámetros de un modelo de infecciones virales in vitro

Celia Martínez Lázaro
Universidad Autónoma de Guerrero

El presente trabajo considera un sistema EDO que modela la dinámica viral in vitro, el cual tiene puntos de equilibrio no hiperbólicos, se presenta su estabilidad global en términos del número reproductivo básico usando una función de Lyapunov, se utilizan métodos numéricos para estimar parámetros y estadística bayesiana para obtener intervalos creíbles.

Griffin: Una herramienta para la inferencia de modelos de redes de regulación genética

Stalin Muñoz Gutiérrez

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Existe una metodología que se ha consolidado dentro del área de modelado de redes de regulación genética por medio de redes Booleanas. Los pasos de dicha metodología son 1) la identificación de regulaciones entre los diferentes genes (o sus productos) en diagramas de influencia (o grafos de regulación), 2) identificación de restricciones de tipo biológico sobre la dinámica del sistema, por ejemplo, a través de conjuntos de atractores deseados, y 3) la búsqueda de reglas de actualización de estado expresadas como funciones Booleanas. El paso 3 de dicha metodología, muchas veces requiere de la utilización de simulaciones computacionales y programas que implementan algoritmos de búsqueda en el espacio de redes Booleanas. Sin embargo, el número astronómico de funciones Booleanas posible aún cuando el número de vértices en el grafo de regulación es pequeño, hace muy difícil la tarea de inferencia de modelos. Aquí se presenta Griffin, una herramienta computacional que es auxiliar en la aplicación de la metodología antes descrita. Griffin utiliza representaciones simbólicas para inferir las redes Booleanas. Las preguntas a Griffin se formulan con una sintaxis simple en la que se especifica 1) una generalización de los grafos de regulación genética, que denominamos R-grafos, los cuales deben ser satisfechos por las redes inferidas 2) un conjunto de restricciones sobre la dinámica de las redes inferidas, y 3) un conjunto de opciones de control sobre las restricciones biológicas y sobre las estrategias de solución del problema. Para resolver una pregunta, Griffin típicamente utiliza la siguiente estrategia de solución: 1) utilizando lógica proposicional, Griffin transforma una pregunta en una fórmula Booleana. 2) La fórmula Booleana se transforma a una expresión equisatisfactible a la fórmula del paso 1, pero en forma normal conjuntiva. 3) La fórmula del paso 2 se alimenta a un resolutor SAT, que puede en un caso, a) asignar valores a las variables proposicionales que al sustituir en la fórmula la satisfacen (la hacen verdadera), o en otro, b) determinar que la fórmula es una contradicción (no puede hacerse verdadera). 4) De existir una solución, Griffin decodifica la asignación como una red Booleana y la presenta como salida. 5) De acuerdo a las opciones de búsqueda, Griffin puede buscar por más soluciones o terminar la ejecución. En cierto tipo de preguntas Griffin utiliza aprendizaje de cláusulas, una técnica de Inteligencia Artificial. Aquí se incluyen algunos casos de éxito de la utilización de Griffin para inferencia de redes Booleanas. Griffin puede descargarse de forma gratuita en la siguiente dirección electrónica <http://turing.iimas.unam.mx/griffin/index.html>.

Análisis de imágenes digitales y redes neuronales como herramientas en el desarrollo de indicadores de calidad del suelo

Yólotli Amelina Narváez Carreño

Universidad Nacional Autónoma de México

Las cromatografías de suelo en papel son una técnica cualitativa de análisis de calidad a través de la extracción y fraccionamiento de la materia orgánica del suelo. Son una herramienta accesible y económica que ha sido trabajada de manera empírica por campesinos y campesinas a través de la interpretación de patrones de forma y color. Nuestro objetivo es explorar los patrones de forma y color para compararlos con pruebas de laboratorio de los componentes físicos, químicos y biológicos de diferentes suelos de uso agrícola en México. Estudiamos 45 parcelas con diferentes cultivos de importancia económica (maíz, frijol, café y aguacate) donde recabamos información de los diferentes manejos agrícolas y muestras de los diferentes tipos de suelo. De cada una de las muestras de suelo realizamos su cromatograma y los escaneamos en imagen digital para su análisis. El procesamiento de las imágenes lo realizamos en el software ImageJ, donde hemos trabajado en la identificación cuantitativa de atributos de forma y color a través de histogramas de color de cada canal RGB, la transformación y compresión de imágenes en diferentes algoritmos como ZIP y .rar, así como la aplicación de funciones matemáticas para extraer información de las formas geométricas como la FFT (Fast Fourier Transform por sus siglas inglés). De manera paralela, se ha realizado la evaluación de atributos para la construcción de una red neural que permita la lectura de los

patrones de forma y color de los cromatogramas. Estos resultados nos permitirán relacionar los datos de laboratorio con los atributos cuantificados de los cromatogramas para conocer si existen correlaciones entre éstos y las propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo.

Modelo mecánico-químico de crecimiento de tumores cancerígenos

Cristian Cruz Pérez Águila
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Se desarrolló un modelo modificado de células sanas y tumorales en presencia de nutrientes. Analizamos la evolución del sistema involucrando la alcalinidad (pH) en el sistema el cual muestra influencia en el crecimiento del tumor. Se usaron ecuaciones diferenciales para estudiar y analizar el sistema biológico y se resuelven estas ecuaciones de forma numérica.

Reduccionismo biológico enfoques teóricos y filosóficos

Jasiel Alan Valencia Guzmán
Universidad Nacional Autónoma de México

Abordar aspectos sobre el reduccionismo biológico y las propiedades de un sistema para representar fielmente un proceso biológico