

Aspectos generales

Título:	Introducción a la modelación matemática
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM	
Área del conocimiento:	Genética, genómica y bioinformática
Semestre:	2027-1
Modalidad:	Tópico selecto
Horario:	Miércoles 9am-12pm
No. sesiones:	22
Horas por sesión:	3.0
Total alumnos PDCB:	12
Total alumnos:	20
Videoconferencia:	Si
Lugar donde se imparte:	Centro de Ciencias Genómicas, UNAM Morelos
Informes:	Curso teórico-práctico introductorio en modelación matemática de sistemas biológicos

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Proyecto final	100%	Evaluación mediante el desarrollo y presentación de un proyecto de modelación matemática.

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

Este curso contribuye a la formación de estudiantes de posgrado en ciencias biomédicas y bioquímicas al proporcionar herramientas formales para la construcción, análisis e interpretación de modelos matemáticos en contextos biológicos.

En particular, el curso permite:

- Formular modelos matemáticos a partir de mecanismos biológicos y supuestos explícitos
- Analizar el comportamiento de sistemas dinámicos mediante herramientas cualitativas
- Comprender la relación entre formulaciones deterministas y estocásticas
- Interpretar parámetros como cantidades efectivas derivadas de procesos subyacentes
- Evaluar la identificabilidad de modelos y las limitaciones en la inferencia de parámetros
- Integrar modelos con datos experimentales para la formulación y evaluación de hipótesis

Asimismo, el curso fomenta habilidades de abstracción, razonamiento cuantitativo y análisis crítico, así como el trabajo colaborativo mediante el desarrollo de un proyecto de modelación propuesto por las y los estudiantes.

Este enfoque es particularmente relevante en el contexto actual de la biología cuantitativa, donde la integración entre teoría, datos y experimentación es esencial para el estudio de sistemas complejos en biomedicina.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Peña Miller Rafael
Teléfono:	(777) 31 34 152
Email:	rpm@ccg.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
--------------	-----------------------	----------

PEÑA MILLER RAFAEL
Responsable

Centro de Ciencias
Genómicas

Clase 1 — De observaciones a modelos abstractos
Clase 10 — Modelos de dinámica poblacional
Clase 12 — Planteamiento de proyectos de modelación
Clase 13 — Experimento de Luria-Delbrück
Clase 14 — Genética de poblaciones y modelo de Wright-Fisher
Clase 17 — Modelos de agentes individuales y autómatas celulares
Clase 18 — Estimación de parámetros y ajuste de modelos
Clase 19 — Identificabilidad e incertidumbre en modelos biológicos
Clase 2 — De modelos abstractos a ecuaciones
Clase 20 — Presentación y discusión de proyectos
Clase 3 — De ecuaciones a observaciones
Clase 4 — Cinética enzimática, aproximaciones y reducción de modelos
Clase 5 — Circuitos regulatorios en sistemas biológicos
Clase 6 — Modelos de redes de regulación genética
Clase 8 — Crecimiento exponencial
Clase 9 — Crecimiento logístico

FUENTES HERNÁNDEZ AYARI
Integrante

Centro de Ciencias
Genómicas

Clase 11 — Aplicaciones contemporáneas de la modelación ecológica y evolutiva

GÓMEZ SCHIAVON MARIANA
Integrante

LIIGH-UNAM

Clase 7 — Aplicaciones contemporáneas de la modelación de regulación génica

**GONZÁLEZ-CASANOVA SOBERÓN
ADRIÁN**
Integrante

Arizona State University

Clase 15 — Aplicaciones contemporáneas de modelos probabilísticos en evolución

TARDÍO PI CARLES
Integrante

Centro de Ciencias
Genómicas

Clase 16 — Modelos de reacción-difusión

Introducción

Este curso introduce la modelación matemática como un marco formal para el estudio de sistemas biológicos complejos, articulando la relación entre procesos biológicos, representaciones abstractas, formulaciones matemáticas y observaciones experimentales. El curso enfatiza que los modelos no constituyen descripciones exhaustivas de la realidad, sino construcciones teóricas que emergen de supuestos explícitos y permiten generar predicciones cuantitativas contrastables.

A lo largo del curso se desarrollan y analizan modelos que describen distintos niveles de organización biológica, desde la dinámica de regulación génica a nivel celular hasta la dinámica poblacional y evolutiva. Se introducen formulaciones deterministas y estocásticas, así como aproximaciones efectivas que permiten reducir la complejidad de sistemas subyacentes más detallados. Se pone especial énfasis en la relación entre mecanismos biológicos y descripciones matemáticas, así como en el papel de la no linealidad en la generación de comportamientos dinámicos.

El curso combina análisis cualitativo de sistemas dinámicos con herramientas básicas de inferencia, incluyendo estimación de parámetros e identificabilidad. Se discute cómo los modelos se utilizan para interpretar datos experimentales, evaluar hipótesis y delimitar el alcance de distintas aproximaciones teóricas.

Durante el curso se incluirán sesiones con personas invitadas que presentarán aplicaciones contemporáneas de los enfoques del curso, situándolas tanto en el contexto de su desarrollo histórico como en la frontera actual de la investigación. Estas sesiones buscan ilustrar el uso de los modelos en biología, manteniendo un nivel accesible acorde con el carácter introductorio del curso.

A lo largo del semestre, las y los estudiantes desarrollarán un proyecto de modelación en equipo, en el que propondrán, formalizarán y analizarán un modelo de un sistema biológico, integrando los distintos niveles de descripción abordados en el curso.

Temario

Módulo 1 — Fundamentos de modelación matemática

Clase 1 — De observaciones a modelos abstractos

En esta sesión se introduce el concepto de modelo como una representación abstracta de procesos biológicos. Se discute cómo identificar los elementos relevantes de un sistema y qué aspectos se pueden simplificar para construir una descripción útil. Se presentan distintas formas de representación, incluyendo matrices tipo Petersen, y se enfatiza que los modelos permiten organizar nuestra comprensión de los procesos y generar hipótesis que posteriormente pueden ser contrastadas con observaciones.

Clase 2 — De modelos abstractos a ecuaciones

Se presentan los elementos básicos de un modelo matemático, incluyendo variables de estado y parámetros. Se discute cómo formalizar modelos abstractos en términos de ecuaciones que describen la dinámica del sistema, así como la diferencia entre formulaciones deterministas y estocásticas. Se enfatiza que estas ecuaciones permiten derivar predicciones cuantitativas sobre el comportamiento del sistema bajo distintos supuestos.

Clase 3 — De ecuaciones a observaciones

En esta sesión se cierra el ciclo de modelación conectando las predicciones teóricas con observaciones empíricas. Se discute qué significa resolver un modelo y cómo interpretar sus resultados en términos de cantidades medibles. Se presentan ejemplos simples que ilustran cómo comparar modelos con datos, y cómo estas comparaciones permiten evaluar supuestos, refinar los modelos y ajustar sus parámetros. Se enfatiza la naturaleza iterativa del proceso de modelación, en el que la confrontación entre predicciones y observaciones conduce a la reformulación del modelo y a utilizar los modelos como herramientas para inferir y comprender los

procesos biológicos.

Módulo 2 — Dinámica a nivel celular

Clase 4 — Cinética enzimática, aproximaciones y reducción de modelos

Se presenta el modelo de Michaelis–Menten como un ejemplo de cómo derivar ecuaciones efectivas a partir de mecanismos moleculares más detallados. Se discute el fenómeno de saturación, el significado de los parámetros y su relación con procesos subyacentes. Se introducen aproximaciones como el cuasi-equilibrio o estado estacionario, mostrando cómo permiten reducir la complejidad del sistema. Se analizan datos típicos de cinética enzimática y se discuten estrategias para estimar parámetros, así como las condiciones bajo las cuales estas aproximaciones son válidas.

Clase 5 — Circuitos regulatorios en sistemas biológicos

En esta sesión se introducen motivos regulatorios simples que aparecen de forma recurrente en sistemas biológicos, como ciclos de retroalimentación, así como circuitos activador–inhibidor y otros osciladores sintéticos como el represilador. Se discute cómo estos motivos pueden modelarse mediante ecuaciones diferenciales con funciones no lineales, y cómo su estructura determina el comportamiento dinámico del sistema. Se analizan ejemplos clásicos para ilustrar propiedades como estabilidad, oscilaciones y respuestas a perturbaciones paramétricas.

Clase 6 — Modelos de redes de regulación genética

Se extiende el análisis a redes de regulación genética más complejas, en las que múltiples genes interactúan entre sí. Se introducen conceptos básicos de topología de red, incluyendo conectividad, motivos recurrentes y modularidad. Se discute cómo la organización de la red influye en la dinámica global del sistema, y cómo diferentes arquitecturas regulatorias pueden dar lugar a dinámicas de expresión distintas.

Clase 7 — Aplicaciones contemporáneas de la modelación de regulación génica

En esta sesión se presentan aplicaciones recientes de la modelación matemática en sistemas biológicos a nivel celular, incluyendo regulación génica, dinámica de señalización y toma de decisiones celulares. Se discute cómo los modelos se utilizan para interpretar datos de alta resolución y generar predicciones en contextos experimentales actuales.

Profesora invitada: Dra. Mariana Gómez-Schiavon (LIIGH-UNAM)

Módulo 3 — Dinámica poblacional

Clase 8 — Crecimiento exponencial

Se estudia el crecimiento exponencial como modelo básico de la dinámica poblacional. Se introduce la noción de tasa de crecimiento y su interpretación biológica en términos de división celular. Se analizan soluciones analíticas y su comportamiento en el tiempo, y se discute cómo estimar tasas de crecimiento a partir de datos experimentales, así como las limitaciones del modelo en sistemas reales. Se presentan ejemplos a distintas escalas biológicas para ilustrar la generalidad del modelo.

Clase 9 — Crecimiento logístico

Se introduce el modelo logístico para describir poblaciones con recursos limitados. Se discute el concepto de capacidad de carga y la presencia de equilibrios, así como su estabilidad desde un punto de vista cualitativo. Se comparan las predicciones del modelo logístico con el crecimiento exponencial, y se analizan ejemplos y datos donde el crecimiento se desvía del comportamiento exponencial, considerando sistemas en diferentes contextos biológicos.

Clase 10 — Modelos de dinámica poblacional

Se presentan modelos de crecimiento dependientes de recursos, en particular el modelo de Monod, y su relación con la cinética de Michaelis–Menten. Se discute cómo la disponibilidad de recursos modula la tasa de crecimiento, y se analizan sistemas acoplados de población y recurso. Se presentan ejemplos experimentales de crecimiento microbiano en condiciones limitantes, así como ejemplos en otros sistemas biológicos, enfatizando la generalidad de los mecanismos descritos.

Clase 11 — Aplicaciones contemporáneas de la modelación ecológica y evolutiva

En esta sesión se presentan aplicaciones recientes de la modelación matemática en sistemas microbianos con múltiples poblaciones en interacción. Se discuten modelos de comunidades que incorporan consumo de recursos, interacciones entre especies y mecanismos de coexistencia. Se enfatiza la conexión entre modelos teóricos y sistemas experimentales reales, así como el uso de modelos para interpretar datos y guiar experimentos.

Profesora invitada: Dra. Ayari Fuentes Hernández (CCG-UNAM)

Desarrollo de proyectos

Clase 12 — Planteamiento de proyectos de modelación

En esta sesión se introduce el proyecto del curso, en el cual las y los estudiantes propondrán un problema susceptible de ser modelado matemáticamente. Se definen las variables, los procesos relevantes y las preguntas a responder, y se inicia la formulación de un modelo dinámico que describa el sistema. Se discute cómo traducir el problema en una estructura matemática inicial, que será desarrollada y analizada a lo largo del curso.

Módulo 4 — Dinámica evolutiva

Clase 13 — Experimento de Luria–Delbrück

Se analiza el experimento de Luria–Delbrück como un ejemplo clásico de procesos estocásticos en biología. Se discute la aparición de mutaciones como eventos raros durante el crecimiento poblacional y la distribución resultante de mutantes. Se presentan modelos simples de mutación en poblaciones en expansión, y se analizan datos experimentales para ilustrar cómo inferir tasas de mutación y distinguir entre distintos mecanismos.

Clase 14 — Genética de poblaciones y modelo de Wright–Fisher

Se introduce el modelo de Wright–Fisher como una descripción probabilística de la dinámica de frecuencias en poblaciones finitas. Se discuten los efectos de deriva genética y selección, así como la influencia del tamaño poblacional. Se analizan trayectorias típicas, probabilidades de fijación y tiempos característicos, y se presentan ejemplos que conectan el modelo con datos evolutivos.

Clase 15 — Aplicaciones contemporáneas de modelos probabilísticos en evolución

En esta sesión se presentan enfoques modernos en genética de poblaciones basados en procesos estocásticos. Se discuten modelos que describen la dinámica de poblaciones finitas, incorporando efectos como fluctuaciones, estructura e interacciones entre individuos. Se enfatiza cómo estos enfoques permiten entender la evolución

como un proceso probabilístico y cómo se utilizan para interpretar datos de evolución experimental, conectando teoría con sistemas biológicos.
Profesor invitado: Dr Adrián González-Casanova (Arizona State University)

Módulo 5 — Dinámica espacial

Clase 16 — Modelos de reacción–difusión

En esta sesión se introducen modelos continuos que incorporan estructura espacial mediante ecuaciones de reacción–difusión. Se discute cómo la difusión y las interacciones locales generan patrones espaciales y modifican la dinámica observada en sistemas bien mezclados, así como las implicaciones biológicas de estos efectos.

Clase 17 — Modelos de agentes individuales y autómatas celulares

Se presentan enfoques discretos para modelar sistemas espaciales, incluyendo modelos de agentes individuales y autómatas celulares. Se discute cómo las interacciones locales y la heterogeneidad espacial influyen en la dinámica del sistema, y se comparan estos enfoques con modelos continuos.

Profesor invitado: Dr Carles Tardío Pi (CCG-UNAM)

Módulo 6 — Inferencia y ajuste de modelos

Clase 18 — Estimación de parámetros y ajuste de modelos

En esta sesión se introducen métodos básicos para estimar parámetros a partir de datos experimentales. Se discute qué significa ajustar un modelo, la diferencia entre ajuste cualitativo y cuantitativo, y cómo evaluar la calidad de un ajuste. Se presentan ejemplos simples, como el ajuste de modelos de crecimiento exponencial, logístico o tipo Monod a datos, y se introducen de forma conceptual enfoques bayesianos para la estimación de parámetros, enfatizando la interpretación probabilística de la incertidumbre.

Clase 19 — Identificabilidad e incertidumbre en modelos biológicos

Se analiza el problema de identificabilidad, es decir, cuándo es posible estimar de manera única los parámetros de un modelo a partir de datos. Se discuten fuentes de incertidumbre, correlaciones entre parámetros y limitaciones experimentales. Se presentan ejemplos donde distintos conjuntos de parámetros producen comportamientos similares, y se discute cómo diseñar experimentos o reformular modelos para mejorar la inferencia.

Desarrollo de proyectos

Clase 20 — Presentación y discusión de proyectos

En la sesión final, las y los estudiantes presentan los modelos desarrollados a lo largo del curso. Se discuten los supuestos, limitaciones y posibles extensiones de cada modelo, así como su capacidad para describir e interpretar sistemas biológicos. Se promueve una reflexión crítica sobre el proceso de modelación, enfatizando su carácter iterativo y el papel de los modelos como herramientas para generar conocimiento sobre los procesos biológicos.

Bibliografía

Weitz, J. S. (2024). Quantitative Biosciences: Dynamics across Cells, Organisms, and Populations. Princeton, NJ: Princeton University Press.

Brian P. Ingalls. (2022). Mathematical Modeling in Systems Biology: An Introduction. The MIT Press.

Mark Newman. (2010). Networks: An Introduction. Oxford University Press.

Otto, S. P., & Day, T. (2007). A Biologist's Guide to Mathematical Modeling in Ecology and Evolution. Princeton University Press.

Uri Alon. (2006). An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits. Chapman & Hall/CRC.

Stephen P. Ellner & John Guckenheimer. (2006). Dynamic Models in Biology. Princeton University Press.

J. D. Murray (Ed.). (2002). Mathematical Biology: I. An Introduction (3rd ed.). Springer.

Observaciones

Curso introductorio dirigido a estudiantes con formación o interés en biología o áreas afines. No se requiere formación matemática avanzada. Se recomiendan conocimientos básicos de cálculo, ecuaciones diferenciales y programación (deseable, no indispensable).