

## Sesión especial: BIOLOGÍA MATEMÁTICA

La Biología Matemática es un área en fuerte expansión como lo demuestra la importancia que están adquiriendo algunas de las sociedades internacionales que tienen como objetivo su promoción (ESMTB, European Society for Mathematical and Theoretical Biology, cuya revista oficial es el *Journal of Mathematical Biology*, o SMB, Society for Mathematical Biology, responsable del *Bulletin of Mathematical Biology*, u otras más locales), los numerosos centros de investigación dedicados a su desarrollo, el impacto de las publicaciones donde se presentan sus resultados (además de las dos citadas, *Mathematical Biosciences*, *Theoretical Population Biology* o *Mathematical Medicine and Biology: A Journal of the IMA*) y la abundante participación en sus congresos (al congreso trianual de la ESMTB asisten 500 investigadores y la segunda edición de AICME, Alcalá 2nd Internacional Conference on Mathematical Ecology, contó con 250 participantes).

El propósito de esta sesión es reunir a algunos matemáticos parte de cuyo trabajo encuentra su inspiración en la biología así como a algunos investigadores dentro del campo de las ciencias de la vida que consideran que las matemáticas les pueden aportar una ayuda difícil de sustituir. Necesariamente sólo se abordarán algunos aspectos concretos de lo que es ya un área con muchas ramificaciones: modelos estocásticos en dinámica de poblaciones, modelos de poblaciones estructuradas y modelos de proliferación celular.

| JUEVES 3, Mañana |             |                   |                          |                                                                                                        |
|------------------|-------------|-------------------|--------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1                | 11:30-12:10 | Carlos Braumann   | U. de Evora (Portugal)   | Modelación estocástica de poblaciones en ambiente aleatorio                                            |
| 2                | 12:10-12:30 | Luis Sanz         | U. Politécnica de Madrid | Reducción de modelos multiregionales con estocasticidad ambiental                                      |
| 3                | 12:30-13:10 | Manuel Molina     | U. de Extremadura        | Modelos de ramificación y sus aplicaciones biológicas                                                  |
| 4                | 13:10-13:30 | Jorge Mateu       | U. Jaime I (Castellón)   | Understanding three-dimensional biological images through stochastic modelling                         |
| JUEVES 3, Tarde  |             |                   |                          |                                                                                                        |
| 5                | 15:30-16:10 | Fabio Milner      | Purdue University (USA)  | Modelos matemáticos de poblaciones                                                                     |
| 6                | 16:10-16:30 | Luis M. Abia      | U. de Valladolid         | Structured Population Dynamics Models and Their Numerical Solution                                     |
| 7                | 16:30-16:50 | Óscar Angulo      | U. de Valladolid         | Dos ejemplos de simulación numérica en la dinámica de poblaciones estructuradas                        |
| 8                | 16:50-17:10 | Jordi Ripoll      | U. de Girona             | Principio de estabilidad lineal para ecuaciones casi-lineales de dinámica de poblaciones estructuradas |
| 9                | 17:10-17:30 | Joan Saldaña      | U. de Girona             | Poblaciones estructuradas en ambientes infinito-dimensionales                                          |
| VIERNES 4, Tarde |             |                   |                          |                                                                                                        |
| 10               | 18:00-18:40 | Miguel A. Herrero | U. Complutense de Madrid | Modelos cuantitativos en biología                                                                      |
| 11               | 18:40-19:00 | Antonio Bru       | U. Complutense de Madrid | Universalidad dinámica del crecimiento tumoral: base de una nueva terapia contra el cáncer             |
| 12               | 19:00-19:20 | Silvia Cuadrado   | U. Autónoma de Barcelona | Ecuaciones de selección y mutación: equilibrios y estabilidad                                          |
| 13               | 19:20-20:00 | Eva Sánchez       | U. Politécnica de Madrid | Modelos matemáticos de proliferación celular                                                           |

# Resumen 1

## Modelación estocástica de poblaciones en ambiente aleatorio.

Carlos A. Braumann

Departamento de Matemática, Universidade de Évora, Portugal

Los modelos más utilizados para describir la dinámica intrínseca de una población no estructurada dependiente de la densidad son casos particulares del modelo general  $dN/dt = Ng(N)$ , donde  $N=N(t)$  es el tamaño (o biomasa) de la población en el instante  $t$  y  $g(N)$  es la tasa de crecimiento per capita. El ambiente, sin embargo, está sujeto a fluctuaciones aleatorias que afectan a esta tasa. La tasa se expresa entonces de la forma  $g(N) + \sigma \varepsilon(t)$ , donde  $g(N)$  es la tasa “media” de crecimiento y  $\sigma \varepsilon(t)$  será un ruido (proceso estocástico estacionario) que describirá sus fluctuaciones. Los ruidos “naturales” serán probablemente de color (autocorrelacionados) pero aquí suponemos que pueden ser aproximados por un ruido blanco estándar  $\varepsilon(t)$  multiplicado por un parámetro  $\sigma$  que mide la intensidad del efecto de las fluctuaciones. Obtenemos entonces como modelo general ecuaciones diferenciales estocásticas (EDE) de la forma  $dN = Ng(N)dt + \sigma N dw(t)$ , donde  $w(t)$  es un proceso de Wiener estándar (integral del ruido blanco estándar).

Modelos de este tipo han sido estudiados para casos particulares de la función  $g$  desde 1969; por ejemplo,  $g(N) = r(1 - N/K)$  (modelo logístico) o  $g(N) = r \ln(K/N)$  (modelo de Gompertz). Un tratamiento general para funciones  $g$  arbitrarias satisfaciendo simplemente las condiciones impuestas por el comportamiento biológico permitiría saber cuales son las propiedades del modelo que estaban artificialmente determinadas por la forma específica de la función  $g$  (lo que era casi imposible de determinar en la práctica) y cuales resultaban verdaderamente del comportamiento biológico de las poblaciones.

Este es el estudio que presentamos aquí, particularmente en lo que se refiere a la extinción de la población y a las condiciones de existencia de una densidad estacionaria (que designaremos equilibrio estocástico).

Un obstáculo fundamental para la utilización de estos modelos estocásticos era la utilización de dos cálculos estocásticos importantes para las EDEs, el de Itô y el de Stratonovich, que aparentemente preveían comportamientos de la población cualitativa y cuantitativamente diferentes. Verificamos que la tasa “media”  $g$  escondía tasas medias diferentes dependiendo del cálculo utilizado y que, usando el tipo de media adecuado a cada cálculo, los resultados eran totalmente equivalentes.

Estos resultados también son generalizados al caso en que la intensidad del efecto de las fluctuaciones ambientales, en vez de ser una constante  $\sigma$ , es una función  $\sigma(N)$  dependiente de la densidad poblacional.

Finalmente, estudiamos el caso de poblaciones sujetas a la pesca o a la caza, en que hay que descontar la tasa de captura, que suponemos de la forma  $Nh^*(t)$ , donde  $h^*(t)$  es el esfuerzo de captura en el instante  $t$ . Algunos autores estudian el problema de control óptimo, que consiste en determinar  $h^*(t)$  de modo que optimice el beneficio acumulado debidamente descontado por una tasa social de descuento. Nosotros preferimos usar políticas de captura de la forma  $h^*(t) = h(N(t))$  y determinar condiciones para su sostenibilidad y para la optimización del beneficio en régimen sostenible.

Para concluir, mencionamos algunas de las muchas cuestiones que permanecen abiertas.

### Reducción de modelos multiregionales con estocasticidad ambiental

Luis Sanz<sup>1</sup>, Rafael Bravo de la Parra<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Depto. Matemáticas, E.T.S.I Industriales, c) José Gutierrez Abascal, 2, 28006 Madrid, Spain. email: lsanz@etsii.upm.es. Fax: 913363001

<sup>2</sup>Depto. Matemáticas, Univ. de Alcalá, 28871 Alcalá de Henares, Madrid, Spain. email: rafael.bravo@uah.es

En este trabajo se estudia la reducción de la dimensión de ciertos sistemas dinámicos aleatorios lineales en tiempo discreto y con espacio de estados discreto, cuya dinámica está modelada por procesos con distintas escalas de tiempo. En el contexto de la dinámica de poblaciones, las técnicas que se proponen pueden ser aplicadas a modelos multiregionales lineales sometidos a los efectos de la estocasticidad ambiental. Así, se considera una población estructurada atendiendo a la edad y a la ubicación espacial de sus individuos. Se consideran  $q$  clases de edad y  $r$  zonas espaciales con lo que el número de variables de estado es  $qr$ . En la dinámica de la población intervienen tanto el proceso demográfico de crecimiento-reproducción-muerte, como la migración entre las distintas zonas espaciales. Las características del ambiente en el que vive la población varían de forma aleatoria, de manera que las tasas que intervienen en los procesos demográfico y de migración son variables aleatorias. Se muestra cómo, en el caso en que la migración sea rápida frente a la demografía, el sistema puede ser aproximado por un sistema reducido en el que sólo hay  $q$  variables. En la charla se estudian distintas relaciones entre los sistemas original y reducido, siendo la más importante el hecho de que la tasa de crecimiento estocástica del sistema original puede ser aproximada tanto como se quiera en términos de la correspondiente al sistema reducido, si la separación entre las escalas de tiempo de la migración y la demografía es suficientemente grande. Además se proporcionan cotas para el error cometido al aproximar las variables del sistema original en términos de las del reducido para cada valor de la separación entre dichas escalas de tiempo.

# Modelos de ramificación y sus aplicaciones biológicas<sup>†</sup>

M. González, R. Martínez, M. Molina, M. Mota, I. del Puerto, A. Ramos

## RESUMEN

La teoría sobre modelos de ramificación se inicia en Francia, a finales del siglo XIX, con el principal objetivo de proporcionar una explicación lógica al curioso fenómeno de la extinción de determinadas líneas familiares de la aristocracia europea entre los siglos XVI al XVIII. Las primeras aportaciones, realizadas por I.J. Bienaymé en 1845, fueron matemáticamente formalizadas en 1874 por F. Galton y H. Watson con la introducción del denominado *modelo de Bienaymé-Galton-Watson*. En 1922, R.A. Fisher, estudiando cuestiones relativas a la progenie de un gen mutante, consideró sus aplicaciones en el campo de la Genética. A partir de 1940, como consecuencia de la necesidad de investigar nuevos modelos matemáticos para la descripción de situaciones prácticas más complejas (para las que el modelo básico de Bienaymé-Galton-Watson no proporcionaba una razonable modelización) la teoría sobre modelos de ramificación experimenta un importante desarrollo con la introducción de nuevos modelos tanto en tiempo discreto como en tiempo continuo. En la actualidad, los modelos de ramificación son considerados modelos matemáticos apropiados para la descripción de la evolución probabilística de sistemas cuyas componentes (células, partículas, ó individuos en general) se reproducen, transforman o mueren. A su interés teórico se une una importante dimensión práctica debido a sus grandes posibilidades de aplicación en Biología, Demografía, Epidemiología, Física Nuclear, Genética, Medicina, Medio Ambiente, etc. Su estudio ha ocupado y ocupa hoy día un lugar destacado dentro del contexto general de la teoría sobre modelos estocásticos, siendo numerosas las monografías publicadas sobre su teoría y aplicaciones, entre las que citaremos por su especial significación en el campo de las aplicaciones biológicas la de Jagers (1975).

Nuestro grupo de investigación ha centrado sus líneas básicas de trabajo en ciertas clases de modelos de ramificación en tiempo discreto (procesos controlados, procesos multitypo, procesos bisexuales, etc) considerando como objetivos fundamentales de investigación la introducción de nuevos modelos y el desarrollo de su teoría y aplicaciones. En ésta ponencia invitada, nos plantearemos como objetivos a desarrollar:

- (1) Proporcionar una visión general sobre los modelos de ramificación, prestando especial atención a su interés en el campo de la Biología.
- (2) Realizar una presentación general sobre los principales modelos de ramificación introducidos por nuestro grupo de investigación.
- (3) Presentar aplicaciones de los modelos de ramificación en el campo de la Biología.

**Keywords:** Modelos de ramificación. Modelos controlados. Modelos multitypo. Modelos bisexuales. Aplicaciones en Biología.

**AMS Classification:** 60J80, 60J85.

## References

- [1] Jagers, P. *Branching processes with biological applications*. Wiley, (1975).

<sup>1</sup>M. Molina  
Departamento de Matemáticas  
Facultad de Ciencias  
Universidad de Extremadura  
06071 Badajoz.  
E-mail: mmolina@unex.es

<sup>†</sup>Research supported by the Plan Nacional de Investigación Científica, Desarrollo e Innovación Tecnológica, grant BFM2003-06074.

## Understanding three-dimensional biological images through stochastic modelling

Jorge MATEU, Radu STOICA & Pablo GREGORI

Department of Mathematics, Campus Riu Sec, Universitat Jaume I, E-12071 Castellón, Spain

### 1 Extended abstract

Since the end of the last century, the flood of data is an obvious unstoppable reality for all the scientific fields. Satellites or astronomical telescopes, particle accelerators or microscopes continuously provide data coming from all the sides of our universe, at macro and micro scales. The main motivation of provoking such a meteorological phenomenon is that using appropriate tools (i.e. mathematical models), we can retrieve from the provided data the useful information allowing us to answer scientific questions arising from the corresponding domains.

A modern biological problem posing interesting scientific questions, within the context of this presentation, is the following. The architecture of the cell nucleus during the interphase of the cell cycle is determined by the packaging of the DNA molecule at various levels of organisation (chromatin structure). There has been a great interest in investigating the processes governing the organisation of chromatin. The distribution of these regions should be changed during cellular differentiation that is associated with a marked alteration of the profile of transcribed genes. In fact, previous studies described a progressive clustering of interphase centromeres during cellular differentiation of lymphocytes and Purkinje neurons. However, the overall structural characteristics of the centromeric heterochromatin compartment, e.g. spatial randomness, remain to be determined. Leukaemias represent an interesting biological model to study cellular differentiation since they can develop at every level of myeloid differentiation, i.e. the development of white blood cells. Thus, the analysis of the three-dimensional structure of the centromeric heterochromatin in the NB4 cell line which was established from say a patient with APL (Acute promyelocytic leukaemia) is of great interest.

Let us consider the data we dispose having two major components: a location inside a defined region, and a vector of numerical values assigned to this location. The information we may wish to extract can be represented by spatial patterns and stochastic modelling is one possible way of formulating solutions for such problems.

There are three necessary ingredients for building a spatial pattern analysis tool based on stochastic modelling: the conditional probability depending on the data, the prior giving a general aspect of the solution, and finally an optimization method. This presentation is dedicated to the last two points mentioned above, i.e. the prior modelling for spatial patterns using marked point processes, and the optimization technique based on the simulated annealing algorithm.

This presentation introduces a three-dimensional object point process that we recommend to be used as a prior for three-dimensional spatial pattern analysis. Maximization of likelihood or penalizedlikelihood functions based on such a model requires global optimization techniques, such as the simulated annealing algorithm. Theoretical properties of the model are discussed and the convergence of the proposed optimization method is proved. A simulation study and an application to real biological data are presented.

The first part of the presentation tries to fill a real need, proposing a new marked spatial point process to be used as a basis for constructing prior models in spatial pattern analysis. The introduced model is able to simulate complex three-dimensional spatial patterns. The patterns are supposed to be random configurations of simple objects like segments, polygons or polyhedra. The local interactions exhibited by these objects allow to form complex geometrical structures like filaments, surfaces (curved plates) and clusters. Theoretical properties of the model such as Markovianity and local stability are also discussed.

The second part is dedicated to the construction of a simulated annealing algorithm. This method is a global optimization technique borrowed from statistical physics. The algorithm works by sampling the probability law of interest under the control of an extra parameter, the temperature. If the temperature is cooled slowly enough, the algorithm converges towards configurations maximizing the probability law of interest, avoiding the local minima.

## **Resumen 5**

### MODELOS MATEMATICOS DE POBLACIONES

Fabio MILNER  
Department of Mathematics  
Purdue University  
150 North University St.  
West Lafayette, IN 47907-2067  
Estados Unidos de Norteamérica

Se presentara un resumen de algunos modelos demográficos no estructurados y otros estructurados por edad y sexo. La mayor parte de los modelos consisten en sistemas de ecuaciones diferenciales o integro-diferenciales ordinarias (para los modelos no estructurados) o en derivadas parciales (para los modelos estructurados).

Resultados teóricos y comparaciones entre datos de censos y predicciones numéricas serán presentados. Finalmente se extenderán estos modelos para la descripción de epidemias de enfermedades transmitidas sexualmente.

## Resumen 6

# Structured Population Dynamics Models and Their Numerical Solution

L. M. Abia <sup>a 1</sup>, O. Angulo <sup>b</sup>, J.C. López-Marcos <sup>a 2</sup>

<sup>a</sup> *Departamento de Matemática Aplicada. Facultad de Ciencias. Universidad de Valladolid. Valladolid. SPAIN. FAX: +34 983 423013*

*1 Phone: +34 983 423796. e-mail: abia@mac.cie.uva.es*

*2 Phone: +34 983 423796. e-mail: abia@mac.cie.uva.es*

<sup>b</sup> *Departamento de Matemática Aplicada. Escuela Universitaria Politécnica. Universidad de Valladolid. C/ Fco. Mendizabal, 1, 47014 Valladolid. SPAIN. Phone: +34 983 423000 (Ext: 26805). FAX: +34 983 423490. e-mail: oscar@mat.uva.es.*

Supported in part by project Junta de Castilla y León and Unión Europea F.S.E. VA063/04 and project DGEIC-DGES BFM2002-01250.

## Abstract

The talk will give an account on some recent developments in the numerical solution of age and size structured population models. The methods will be compared with regards to accuracy, efficiency, generality and mathematical methodology.

## Resumen 7

# Dos ejemplos de simulación numérica en la dinámica de poblaciones estructuradas

O. Angulo<sup>1</sup> , A. Durán<sup>2</sup> , J. C. López-Marcos<sup>3</sup> y M. A. López-Marcos<sup>4</sup>.

En esta comunicación realizaremos la presentación de los resultados de dos simulaciones realizadas con poblaciones estructuradas. La primera simulación se realiza en el marco de las poblaciones estructuradas por la edad y la segunda en las estructuradas por el tamaño.

En el primer ejemplo se estudia una población de rotíferos [1] y se presta atención a las singularidades del modelo y al comportamiento asintótico del mismo.

Para el segundo, que estudia la población del pez mosquitero [2] con una fuerte incidencia estacional, se presenta una técnica eficiente de selección de nodos para un método de características y se obtiene información del comportamiento asintótico del modelo.

## References

- [1] A. Calsina, J. M. Mazón and M. Serra, A mathematical model for the phase of sexual reproduction in monogonont rotifers, *J. Math. Biol.*, 40 (2000), 451–471.
- [2] L.A. Krumholtz. Reproduction in the western mosquitofish, *Gambusia affinis affinis* (Baird & Girard) and its use in mosquito control. *Ecol. Mongr.*, 18 (1948) 1–43.

---

<sup>1</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Escuela Universitaria Politécnica, Universidad de Valladolid, C/ Francisco Mendizábal 1, 47014 Valladolid, Spain (e-mail: oscar@mat.uva.es).

<sup>2</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Facultad de Ciencias, Universidad de Valladolid, Valladolid, Spain (e-mail: angel@mac.uva.es).

<sup>3</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Facultad de Ciencias, Universidad de Valladolid, Valladolid, Spain (e-mail: lopezmar@mac.uva.es).

<sup>4</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Facultad de Ciencias, Universidad de Valladolid, Valladolid, Spain (e-mail: malm@mac.uva.es).



## Resumen 8

### **Principio de estabilidad lineal para ecuaciones casi-lineales de dinámica de poblaciones estructuradas.**

JORDI RIPOLL i MISSE

Departament d'Informàtica i Matemàtica Aplicada, Universitat de Girona  
Campus Montilivi, E-17071 Girona, Spain

Algunos modelos continuos de dinámica de poblaciones son descritos por ecuaciones en derivadas parciales, o en general, por ecuaciones diferenciales en espacios de Banach. A diferencia de la situación en dimensión finita o en ecuaciones semilineales, donde tenemos un criterio para la estabilidad de las soluciones de equilibrio, en general no siempre disponemos de un principio de estabilidad lineal en dimensión infinita. Sin embargo, recientemente ha aparecido un teorema de linealización (W.M. Ruess 2003), extensión del caso semilineal, para cierto tipo de ecuaciones de evolución no-lineales gobernadas por operadores acretivos en espacios de Banach. Esta clase de operadores fueron introducidos independientemente por F.E. Browder y T. Kato en 1967, como una extensión de los operadores monótonos en Espacios de Hilbert.

Nosotros estamos interesados en modelos de poblaciones estructuradas que tengan en cuenta de alguna manera u otra la reproducción sexual. En esta charla presentamos un modelo de hermafroditismo secuencial, cuyo sistema escrito de forma abstracta está en las hipótesis del teorema anteriormente citado. Por lo tanto, la estabilidad de las soluciones estacionarias del modelo se puede obtener mediante el espectro del operador linealizado.

## Resumen 9

### Poblaciones estructuradas en ambientes infinito-dimensionales

Joan Saldaña

Departament d'Informtica i Matemtica Aplicada

Escola Politcnica Superior, Campus de Montilivi

Universitat de Girona 17071 - Girona (SPAIN)

Cuando la disponibilidad de recursos y/o el éxito reproductivo de un individuo són función del estatus o rango  $x$  que éste tiene en una jerarquía competitiva, el ambiente experimentado  $E$  por los individuos de una población no es uniforme para todos ellos sinó que éste es función de dicho estatus,  $E = E(x, t)$ . En tal caso, se habla de la existencia de ambientes infinito-dimensionales y de competencia asimétrica entre individuos ([3]). Esta situación se presenta en distintos problemas de modelización como pueden ser, per ejemplo, la competencia por la luz en un bosque ([4]), disponibilidad de oxígeno en poblaciones celulares distribuidas entorno de vasos sanguíneos ([1]), etc.

La existencia de una teoria básica para las versiones generales de modelos de poblaciones estructuradas en los que aparece este tipo de ambientes es aún una cuestión abierta. En esta comunicación presentaremos un resultado de existencia y unicidad para un modelo en el que se contemplan distintos ambientes que satisfacen la denominada "ley de masas generalizada" ([2]), y donde uno de ellos es infinito-dimensional. El modelo es una generalización del estudiado en [4] para el crecimiento forestal con competencia por la luz.

#### Referencias:

- [1] A. Bertuzzi y A. Gandolfi, Cell Kinetics in a Tumour Cord, *J. Theor. Biol.* 204 (2000), 587-599.
- [2] O. Diekmann, M. Gyllenberg, H. Huang, M. Kirkilionis, J.A.J. Metz y H.R. Thieme, On the formulation and analysis of general deterministic structured population models. II. Nonlinear theory. *J. Math. Biol.* 43 (2001), 157-189.
- [3] S.M. Henson y J. M. Cushing, Hierarchical models of intra-specific competition: scramble versus contest. *J. Math. Biol.* 34 (1996), 755-772.
- [4] M. Kirkilionis y J. Saldaña, A height-structured forest model, Preprint 2001-03 (SFB 359), University of Heidelberg, 2001.

## **Resumen 10**

### **MODELOS CUANTITATIVOS EN BIOLOGÍA :**

En esta conferencia se describirán brevemente algunos procesos biológicos en los que el estudio de modelos matemáticos adecuados permite arrojar luz sobre la naturaleza de los fenómenos subyacentes. En concreto , se mencionarán los siguientes problemas :

- 1) Quimiotaxis de microorganismos y regulación de tamaño en agregados celulares.
- 2) Osificación primaria y secundaria.
- 3) Angiogénesis y factores de crecimiento tumoral.

Miguel A. Herrero  
Departamento de Matemática Aplicada  
Facultad de Matemáticas  
Universidad Complutense  
28040 Madrid

Dirección electrónica : [Miguel\\_Herrero@mat.ucm.es](mailto:Miguel_Herrero@mat.ucm.es)

## **Resumen 11**

# **"Universalidad Dinámica del crecimiento tumoral: base de una nueva terapia contra el cáncer."**

**Antonio Bru**

Departamento de Matemática Aplicada  
Facultad de Matemáticas  
Universidad Complutense

**Mediante la aplicación de técnicas de análisis de escalas, basadas en conceptos de la geometría fractal, se ha determinado que todos los tumores sólidos poseen la misma dinámica de crecimiento. El mecanismo fundamental responsable del crecimiento de los tumores consiste en una difusión que realizan las propias células tumorales en el borde del tumor, el cual implica que el factor crítico en el crecimiento tumoral es la obtención de espacio y no la de nutrientes. Dicho resultado permite establecer estrategias terapéuticas, basadas en la anulación de dicho mecanismo, que han demostrado tener éxito en experimentación animal.**

## Resumen 12

### "Ecuaciones de selección y mutación: equilibrios y estabilidad"

Silvia Cuadrado

U. Autónoma de Barcelona.

Las ecuaciones de selección y mutación son ecuaciones para la densidad de población con respecto a ciertas características evolutivas continuas. La selección natural en forma de interacción de competencia se modela por medio de términos no lineales que son normalmente no locales en la variable de estructura, mientras que la mutación se incorpora mediante un operador lineal que modela el efecto difusivo en el espacio de características de los errores en la replicación.

Estudiamos la existencia de equilibrios, su comportamiento cuando la probabilidad o el tamaño máximo de las mutaciones tiende a 0 y la estabilidad asintótica de estos equilibrios.

# MODELOS MATEMÁTICOS DE PROLIFERACIÓN CELULAR

Los modelos de dinámica de poblaciones celulares estructuradas por algún carácter (tamaño, edad, maduración, etc) se dirigen fundamentalmente al establecimiento de la propiedad de *crecimiento exponencial asíncrono* (AEG, asynchronous exponential growth) de la población.

La identificación de los problemas matemáticos que aparecen, así como los métodos que pueden emplearse para resolverlos han dado lugar a abundante literatura especializada, que ilustra la importancia y el rápido desarrollo del tema, siendo uno de sus motores el progreso de la teoría de operadores positivos.

A grandes rasgos, en los modelos clásicos de proliferación celular se efectúan elecciones sobre ciertos aspectos del ciclo celular: división en partes iguales o distintas del material no genético de la célula madre entre las dos hijas, existencia o no de periodos de quiescencia (reposo) en el ciclo celular, crecimiento exponencial o de otro tipo del material celular, duración determinista o estocástica del ciclo celular. En cada una de las cuatro alternativas anteriores, una de ellas favorece la propiedad AEG y la otra no.

Presentaremos aquí una panorámica de diferentes tipos de modelos presentes en la literatura, junto con las técnicas matemáticas empleadas en su análisis, fundamentalmente teoría de semigrupos de operadores positivos en espacios de Banach.

Eva Sánchez.— Depto. de Matemática Aplicada.— E.T.S. Ingenieros Industriales.— U.P.M.