Un modelo multiescala para la evacuación de peatones de un recinto acotado.

Juan Pablo Agnelli

FaMAF, UNC, Córdoba, Argentina.

En esta charla presentaremos un modelo multiescala para describir la dinámica y evacuación de peatones de un recinto acotado [1]. En dicho modelo, los peatones son considerados como partículas activas [2], cuyo micro-estado está definido por la posición y dirección de su velocidad. Por otra parte, el módulo de la velocidad depende de la densidad local. Esto es, los peatones cambian su celeridad de acuerdo al nivel de congestión que existe a su alrededor y también dependiendo de la cualidad del ambiente en el que se desarrolla la evacuación. El modelo considera que la dinámica no es sólo causada por interacciones entre los peatones sino que también la geometría del dominio cumple un rol importante. Se asume que los peatones modifican su dirección mediante a una estrategia que tiene en cuenta las siguientes causas: predilección a moverse en dirección a la puerta de salida, instinto a evitar la colisión con las paredes, preferencia de moverse en áreas menos congestionadas y tendencia a seguir el uso o corriente. Se presentan diferentes experimentos numéricos con el objetivo de estudiar la dependencia del tiempo de evacuación con respecto al tamaño de la puerta de salida, con respecto a la distribución inicial de peatones y por último con respecto a un parámetro que pesa la acción inconsciente de seguir el uso o la búsqueda consciente de espacios menos congestionados. Los resultados obtenidos validan la capacidad del modelo para reproducir comportamientos típicos que emergen en la dinámica de multitudes.

[1] J.P. Agnelli, F. Colasuonno and D. Knopoff, A kinetic theory approach to the dynamics of crowd evacuation from bounded domains, Math. Models Methods Appl. Sci. 25 (2015), 109{129.

[2] N. Bellomo and A. Bellouquid, On the modeling of crowd dynamics: Looking at the beautiful shapes of swarms, Netw. Heter. Media, 6 (2011), 383-399.

Canales iónicos activados por neurotransmisores: Descifrando el mecanismo molecular de activación y modulación por fármacos.

Cecilia Bouzat

Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Bahía Blanca, UNS/CONICET, Bahia Blanca., Argentina.

La transmisión rápida de información en el sistema nervioso es mediada por receptores sinápticos que actúan como canales iónicos activados por neurotransmisores. Entre ellos se encuentran los receptores de la familia *Cys-loop*, que incluye a receptores nicotínicos, de serotonina 5-HT_3, de GABA y glicina. Por sus roles claves, estos receptores son blancos de fármacos y su mal funcionamiento se asocia a desórdenes neurológicos. La función esencial de todos ellos es convertir la señal química dada por el neurotransmisor en una señal eléctrica dada por el pasaje de iones a través del poro iónico. La cinética de este proceso de activación debe ser muy precisa para asegurar la exactitud y rapidez que requiere la comunicación neuronal, esencial para garantizar procesos tales como transmisión neuromuscular, aprendizaje, cognición. El mecanismo molecular de activación no se conoce pero hemos demostrado que su alteración desencadena procesos patológicos. Nuestro objetivo es dilucidar el mecanismo de activación de receptores *Cys-loop* y su modificación por fármacos. Con tal fin, construimos receptores quiméricos y mutantes, los expresamos en células, y realizamos registros electrofisiológicos. Hemos identificamos regiones de la proteína y aminoácidos que son esenciales para acoplar la unión del neurotransmisor a la apertura del poro iónico. Utilizando datos obtenidos de registros electrofisiológicos de alta resolución temporal y aplicando modelado cinético hemos generado modelos que explican el proceso de activación y hemos descifrado los pasos en el que intervienen diferentes aminoácidos. Además, hemos determinado el mecanismo por el que ciertos compuestos alteran el funcionamiento de receptores e identificado sus sitios de interacción. El conocimiento de los mecanismos por el cual una mutación en un receptor modifica su funcionalidad, y , a su vez, la identificación de compuestos que revierten dicha alteración funcional es esencial para el desarrollo de terapias racionales e individualizadas.

Evaluación automatizada de condiciones psiquiátricas

Guillermo Cecchi

Biometaphorical Computing, Thomas J. Watson Research Center, IBM, USA.

Los desórdenes psiquiátricos afectan a un gran porcentaje de la población, y conllevan un enorme sufrimiento humano y un costo económico cercano a los 10^12 dólares sólo en EEUU. El diagnóstico de las condiciones y el seguimiento de intervenciones terapéuticas están basados, en gran parte, en entrevistas en las que el psiquiatra evalúa de la forma más objetiva posible el estado mental del paciente, en la medida que éste se refleja en el intercambio coloquial entre ambos. Al día de hoy, la matemática en general y la computación en particular no tienen ninguna injerencia en este proceso.

Con un extenso grupo de colegas, incluyendo psiquiatras y neurólogos, hemos encarado el desafío de cuantificar los efectos lingüísticos de condiciones tales como esquizofrenia, desorden bipolar, depresión y Parkinson. Utilizando esquemas de modelado predictivo y aprendizaje supervisado, semi- y no-supervisado sobre atributos semánticos, sintácticos y estructurales, hemos demostrado en una serie de estudios pilotos que es posible predecir con alta precisión las etiquetas determinadas por la evaluación tradicional, y en ciertos casos superarlas. En esta charla, vamos a discutir las promesas, limitaciones y validez de esta línea de investigación, así como los posibles horizontes para su crecimiento.

Finalmente, haremos una pequeña reseña de otras líneas de investigación concurrentes que llevamos a cabo en los laboratorios de IBM, centradas en la neurociencia computacional y su superposición con la tecnología informática y la bio-medicina.

Álgebra, geometría y redes de reacciones bioquimicas

Alicia Dickenstein

Departamento de Matemática, FCEN, UBA y CONICET, Buenos Aires, Argentina.

En los últimos años, han comenzado a utilizarse exitosamente técnicas de la geometría algebraica computacional para abordar cuestiones matemáticas en biología de sistemas. Bajo la modelización usual de cinética de acción de masas, las ecuaciones diferenciales que gobiernan la evolución de las distintas especies químicas dependen algebraicamente de las concentraciones. Estas redes, típicamente no lineales, han sido ampliamente estudiadas vía simulación numérica y sin un estudio comprensivo de la dependencia en los paramétros.

La teoría algebraica y geométrica de las redes de sistemas de reacciones químicas apunta a entender la dinámica vía la estructura algebraica de las ecuaciones cinéticas y no necesita una determinación a priori de los parámetros, proveyendo herramientas útiles y novedosas al modelado biológico.

En particular, presentaré un marco general para el estudio de redes de sistemas biológicos llamadas redes MESSI, que describen Modificaciones de tipo Enzima-Sustrato o Swap con Intermedios, desarrollado en colaboración con Mercedes Pérez Millán. Muchas redes de modificación postraducción de proteínas son de tipo MESSI, por ejemplo las redes de fosforilación secuencial distributiva con múltiples sitios, las cascadas de fosforilación o la red bacterial EnvZ/OmpR.

Un modelo matemático para la interacción entre el sistema inmunitario y células tumorales

Damián Knopoff

FaMAF, UNC, Córdoba, Argentina

En esta charla mostraré un modelo matemático para la competencia entre células tumorales y el sistema inmunitario [1]. El modelo se basa en la teoría cinética de partículas activas, que consiste esencialmente en subdividir un sistema constituido por un gran número de partículas interactuantes en subsistemas funcionales. El estado individual de las partículas se describe a través una variable llamada actividad, que expresa la habilidad de las partículas para desarrollar una cierta estrategia. Asimismo, el estado de cada subsistema funcional está dado por una función de distribución sobre la actividad. El modelo se basa en los conocidos hallmarks inmunitarios del cáncer propuestos por Hanahan y Weinberg en dos trabajos célebres [2,3] en los cuales proponen una serie de estadíos atravesados por células tumorales e inmunitarias a medida que las primeras incrementan su grado de malignidad y que las últimas intentan combatirlas. El modelo está pues basado en un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias, de las cuales se demuestra un resultado de existencia y unicidad de soluciones así como también algunos resultados numéricos.

[1] A. Bellouquid, E. De Angelis, and D. Knopoff, From the modeling of the immune hallmarks of cancer to a black swan in biology, Math. Models Methods Appl. Sci., 23(5) (2013), 949–978.

[2] D. Hanahan and R.A. Weinberg, The hallmarks of cancer, Cell, 100 (2000), 57–70.

[3] D. Hanahan and R.A. Weinberg, Hallmarks of cancer: the next generation, Cell, 144 (2011), 646–674.

Matemática: el lenguaje del cerebro

Gabriel Kreiman

Harvard Medical School, Harvard University, Boston, MA, USA

Las percepciones, decisiones y sentimientos están codificados por la actividad de billones de neuronas en el cerebro. Para poder descifrar la magia que transforma el flujo de iones a través de membranas en pensamientos, es necesario combinar mediciones biológicas capaces de evaluar la actividad neuronal con modelos matemáticos capaces de describir y formalizar los principios fundamentales de la neurobiología.

Voy a presentar ejemplos de las interacciones entre matemática y neurobiología en el marco del reconocimiento visual de objetos. El cerebro humano tiene una asombrosa capacidad para reconocer patrones visualmente en forma rápida, selectiva y robusta. Este proceso requiere la transformación de millones de fotones en nuestras percepciones de personas, objetos, escenas, acciones e interacciones. Voy a mostrar una serie de estudios colaborativos entre teóricos y experimentalistas que demuestran el alto grado de selectividad en las respuestas de neuronas en la corteza visual, tanto en monos como en humanos. Algoritmos de aprendizaje automático (machine learning) permiten descifrar las señales de grupos de neuronas y así comenzar a entender el lenguaje de la corteza. Mas allá de caracterizar la relación entre la actividad neuronal y diferentes posibles estímulos visuales, es necesario desarrollar una teoría de las computaciones y algoritmos biológicos que dan lugar a la cognición. Presentare pasos iniciales de una teoría del sistema visual, instanciada en una serie de modelos computacionales. Estos modelos están inspirados por la arquitectura y fisiología del cerebro humano y son capaces de capturar la actividad de las neuronas y aspectos básicos del comportamiento.

A través de este ejemplo, pretendo ilustrar una de las más grandes aventuras de nuestro tiempo: cómo describir matemáticamente los principios que gobiernan el funcionamiento de nuestros cerebros. Esta aventura nos va a llevar a construir robots mas inteligentes que nosotros mismos, a poder aliviar la condiciones clínicas que afectan el cerebro humano, a poder comunicarnos mejor, y finalmente a entender quiénes somos.

Nervaduras, Piojos y Extinciones: Tres problemas de origen biológico abordados con técnicas de la física estadística

Fabiana Laguna

Centro Atómico Bariloche, CNEA, Bariloche, Argentina.

El origen del patrón de nervaduras de las hojas de los árboles [1], el desarrollo de colonias de Pediculus humanus capitis, el piojo de la cabeza [2], y las causas de extinción de algunos mamíferos en la actualidad [3] y en el pasado [4], son ejemplos muy diferentes de problemas estudiados tradicionalmente por biólogos cuyo análisis puede ser exitosamente complementado a través del desarrollo de modelos matemáticos especialmente diseñados para atacar cada uno de ellos. En esta charla comentaré brevemente el proceso que seguimos en cada caso, decidiendo qué técnicas utilizar, qué modelos teóricos crear y qué métodos computacionales desarrollar para llevar a cabo simulaciones numéricas extensivas. Finalmente, resumiré cuál fue nuestra contribución al entendimiento de cada problema estudiado.

[1] The Role of Elastic Stresses in Leaf Venation Morphogenesis, M.F. Laguna, S. Bohn, E.A. Jagla. PLoS Computational Biology 4, e1000055 (2008).

[2] Of lice and math: using models to understand and control populations of head lice, M.F. Laguna, S. Risau-Gusman. PLoS ONE 6(7): e21848 (2011).

[3] Mathematical model of livestock and wildlife: Predation and competition under environmental disturbances, M.F. Laguna, G. Abramson, M.N. Kuperman, J.L. Lanata, J.A. Monjeau. Enviado a Ecological Modeling (2015). Preprint en http://arxiv.org/abs/1409.0024

[4] On the roles of hunting and habitat size on the extinction of megafauna, G. Abramson, M.F. Laguna, M.N. Kuperman, J.A. Monjeau, J.L. Lanata. Enviado a Quaternary International (2015).

Coqueteando con la inestabillidad: estrategias biologicas para la flexibildad y robustez

Marcelo Magnasco

Laboratory of Mathematical Physics, Rockefeller University, New York City, USA

Muchos sistemas biológicos se auto-organizan para estar perpetuamente en el centro de balance entre grandes fuerzas opuestas. Ejemplos de esta estrategia incluyen la simultanea síntesis y degradacion del ARNm y las proteínas, el tono muscular de músculo y contramúsculo que tiran de nuestros miembros en direcciones opuestas, y la masiva actividad simultáneamente excitatoria e inhibitoria en el cortex cerebral. Estas estrategias aparentan derrochar energía, como mantener prendido el aire acondicionado y la calefacción al mismo tiempo: qué es exactamente lo que logran a cambio de este gasto? El precario equilibrio en el centro de cada una de estas pulseadas se conoce como punto crítico. En esta charla, vamos a revisar una serie de estudios que examinan este principio en la actividad neuronal del cortex, desde el punto de vista teorico, y examinaremos evidencia en registros electrocorticográficos en cortex de humanos y primates mostrando que la dinamica critica presente durante la conciencia se convierte en estable durante la inducción de anestesia.

¿Cómo saber si una proteína acepta drogas? Un enfoque Químico-Matemático

Marcelo A. Martí

Departamento de Química Biológica, FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina

Si el ADN es el programa que guía el funcionamiento de los seres vivos, son las proteínas las responsables de ejecutar estas órdenes. Las proteínas cumplen este rol “catalizando”, esto es facilitando, la ocurrencia de una enorme variedades de reacciones químicas que canalizan los flujos de energía e información en el organismo. La capacidad de realizar estas funciones se encuentra codificada en la forma (estructura) de la proteína, y requiere de la interacción física entre la proteína y su “sustrato”. Las “drogas” son moléculas orgánicas pequeñas, menores a una centésima del tamaño de una proteína, capaces de encastrar dentro de la proteína bloqueando su función. Este bloqueo, es el que lleva al efecto farmacológico observado. No todas las proteínas sin embargo poseen la capacidad de aceptar una droga y la interacción entre ambas es altamente específica. Siendo que un ser humano tiene unas 100 mil proteínas distintas, nos preguntamos entonces ¿Cuáles y cuántas de ellas aceptarían una droga?, y ¿Qué tipo de droga aceptaría?.

Para responder estos interrogantes presentare diferentes enfoques que buscan “abstraer” en términos químico-matemáticos la estructura de la proteína y las drogas, para utilizando diferentes modelos funcionales buscar determinar: ¿Que proteínas aceptan drogas? Y ¿cuál es la mejor droga para una dada proteína.

Birdsong in motor coordinates

Gabriel Mindlin

Departamento de Física, FCEN, UBA, Buenos Aires, Argentina

Fundamental unresolved problems of motor coding and sensorimotor integration include what information about behavior is represented at different levels of the motor pathway.
Insight into this issue is essential for understanding complex learned behaviors such as speech or birdsong. A major challenge in motor coding has been to identify an appropriate framework for characterizing behavior. In this talk we discuss a novel approach linking biomechanics and neurophysiology to explore motor control of songbirds. We developed a model of song based on gestures that can be related to physiological parameters the birds can control. This physical model for the vocal structures allowed a reduction in the dimensionality of the singing behavior. This is a powerful approach for studying sensorimotor integration and represents a significant methodological advantage. Our results also show how dynamical systems models can provide insight into neurophysiological analysis of vocal motor control. In particular, our work challenges the actual understanding of how the motor pathway of the songbird systems works and proposes a novel perspective to study neural coding for song production. It also illustrates the turbulent relationship between physics and biology...

Combinando modelos y datos para entender procesos ecológicos

Juan M. Morales

Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente, UNCOMA, Bariloche, Argentina.

Los avances en las capacidades de cómputo y de colección de datos hacen que podamos conectar teoría y datos de manera explícita y objetiva. Esto hace, en principio, que podamos mejorar nuestro entendimiento de cómo funcionan los procesos ecológicos y por ende nuestra capacidad predictiva. Para alcanzar este potencial es necesario combinar conceptos y herramientas básicas de teoría de probabilidades, modelado matemático y programación. En la presentación voy a ilustrar estas ideas con estudios de caso en ecología de movimiento, dinámica poblacional, dispersión de semillas y propagación de fuego en bosques y matorrales.

El rol de las singularidades en la caracterización de las formas biológicas y su descripción.

Antonio Orlando

Departamento de Mecánica, Facultad de Ciencias Exactas y Tecnología, UNT, Tucumán, Argentina.

En esta charla introduzco una nueva clase de operadores que permiten la localización y extracción de singularidades geométricas. Como ejemplo de aplicación, analizo la representación medial ('medial axis'), una estructura geométrica introducida por Harry Blum para la descripción morfológica en biología.

La idea básica de estas transformaciones es la realización de una aproximación suave que: coincide con la estructura geométrica, donde la misma es suave, mientras es diferente donde la estructura geométrica presenta una singularidad.

Discutiré entonces, aspectos específicos relacionados a la estabilidad de estos operadores y su habilidad para capturar estructuras multiescalas.

Ritmos, moscas y matemáticas: modelando la red de neuronas circadianas de Drosophila

Sebastián Risau Gusman

CONICET-Centro Atómico Bariloche, Bariloche, Argentina

La actividad y las funciones metabólicas de gran parte de los seres vivos siguen ciclos de aproximadamente un día, denominados ciclos (o ritmos) circadianos. Se sabe que estos ciclos son generados por procesos que ocurren a nivel celular que, sorprendentemente, son comunes a muchos organismos, desde los hongos hasta los humanos. El "reloj" consiste básicamente en un ciclo de realimentación negativa en la expresión de unos pocos genes. Lo que aún resta develar es cómo se genera un ritmo unificado a nivel comportamental o metabólico, a partir de la red de osciladores celulares. Por su versatilidad, la mosca de la fruta es uno de los mejores organismos para entender la genética de los ritmos circadianos. Pero también resulta ideal para estudiar su red neuronal circadiana, ya que esta consiste de apenas 150 neuronas. Haré un breve repaso histórico para mostrar que, desde sus inicios, en este campo la interacción entre biología y matemáticas ha sido particularmente fructífera. Luego contaré lo que puede aportar el modelado matemático para una mejor comprensión e integración de los datos disponibles para el sistema circadiano de Drosophila.

A language of thought

Mariano Sigman

Laboratorio de Neurociencia Integrativa, Universidad Di Tella, Buenos Aires, Argentina.

The aim of this talk will be to put together computational and cognitive notions of complexity. The human brain is particularly efficient in finding patterns and structure from sparse data. For instance, in the sequence 2,4,6 we immediately generate a program capable of extending this three points to an infinite sequence. The work I will present is a theoretical effort deveolped in collaboration with Santiago Figueira to connect the theory of computational complexity to psychology by implementing a concrete "language of thought".

The theory has three requirements (1) to be simple enough so that the complexity of a given sequence can be computed and inferred from sparse data, (2) to be based on tangible operations of human reasoning (printing, repeating,. . .), and (3) to be sufficiently powerful to generate all possible sequences but not too powerful as to identify regularities which are opaque to humans.

Modelos matemáticos de la eficiencia del uso del agua en leguminosas.

Sebastián Simondi

Departamento de Matemática, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNCUYO, Mendoza, Argentina.

El estrés abiótico es la principal causa de pérdidas en la productividad de los cultivos a nivel mundial. Aproximadamente el 37% de las pérdidas potenciales en la producción se deben a problemas relacionados con la sequía y/o la salinidad. Actualmente, el 10% de las tierras cultivables están afectadas por procesos de déficit hídrico y se estima que para el año 2050 este porcentaje aumente a más del 50%. Por lo tanto la seguridad alimentaria del siglo XXI, en el contexto del cambio climático global, depende en gran medida de la obtención de cultivares tolerantes a estas condiciones y que a su vez mantengan una elevada estabilidad en la producción.

El desarrollo de líneas o cultivares tolerantes a la sequía a través de la selección y el mejoramiento es un desafío para incrementar la producción en áreas con bajas precipitaciones o sin posibilidad de implementar sistemas de riego. Una de las aproximaciones de los programas de mejoramiento ha sido la selección de cultivares en condiciones de sequía. Esto puede hacerse mediante la selección directa de rasgos de producción, mejoramiento empírico, o mediante la selección indirecta de rasgos fisiológicos o de desarrollo.

El objetivo de esta charla es mostrar el modelado de la respuesta al estrés hídrico en dos leguminosas forrajeras, estructuralmente distintas, de alto interés agropecuarios tales como el trébol rojo (Trifolium pratense) y el Lotus (Lotus corniculatus). A partir de datos generados en ensayos de laboratorio proponemos dos Modelos Matemáticos para calcular la Eficiencia del Uso del Agua de los mismos a partir de curvas y superficies generadas por técnicas de spline.

Mostraremos, como a partir de los de los datos se predijo el comportamiento de las plantas en distintas situaciones de estrés hídricos, anticipándonos a los resultados empíricos obtenidos con posterioridad en el laboratorio. Ayudando de esta manera a la mejora en diseño experimental para futuros ensayos.

Redes neuronales: conectividad y dinámica

Sara A. Solla

Departamento de fisiología y Departamento de física y astronomía, Northwestern University, USA

Las interacciones entre un gran número de elementos relativamente simples resultan en redes que generalmente exhiben capacidades computacionales complejas. Ejemplos abundan en los sistemas biológicos, desde las redes genéticas a las redes neuronales, desde las redes metabólicas a los sistemas inmunes, desde las redes de proteínas a las redes de agentes económicos y sociales. Nuevas técnicas experimentales permiten caracterizar el estado de muchos de los elementos constitutivos de estas redes en forma simultánea, y así adquirir un nuevo tipo de datos masivos. Estas mediciones presentan un desafío para los científicos teóricos, quienes deben proporcionar marcos conceptuales y desarrollar herramientas matemáticas y numéricas adecuadas a su análisis.

Esta charla se enfoca en el caso específico de la actividad neuronal, y en el uso de modelos lineales generalizados (MLGs) que proveen un marco útil para la descripción sistemática de la red. La formulación matemática de estos modelos se basa en la familia exponencial de distribuciones de probabilidad; en el caso de neuronas que emiten potenciales de acción en forma estocástica, las distribuciones relevantes son Bernoulli y Poisson. El MLG modela variables temporales, específicamente el valor esperado de la actividad de cada neurona. Estas variables se modelan en términos de correlatos experimentalmente accesibles, principalmente la actividad precedente de todas las neuronas cuya actividad está siendo medida. También se incluyen en el modelo de la red las entradas y salidas experimentalmente accesibles y de valor explicativo, tales como entradas provistas por las diferentes modalidades sensoriales o por otras áreas del cerebro, y salidas como la actividad muscular o las respuestas motoras. Los parámetros del modelo se determinan a través de la maximización de la probabilidad de los datos experimentales; técnicas de regularización garantizan la continuidad de los filtros temporales que caracterizan al modelo, y la minimización de la conectividad de la red. La aplicación de MLGs a datos neuronales provee una herramienta potente y flexible que permite mapear el campo receptivo espacio-temporal de cada neurona, caracterizar la conectividad de red a través de interacciones entre pares de neuronas, y modelar los cambios de conectividad asociados con plasticidad a nivel sináptico.

Control motor en animales: osciladores acoplados

Lidia Szczupak

Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, FCEN-UBA. IFIBYNE UBA-CONICET

Los movimientos rítmicos en animales están controlados por redes neuronales que constituyen osciladores. Estas redes regulan el patrón temporo-espacial de activación de las motoneuronas y, en consecuencia, de los músculos. El circuito neuronal responsable del patrón rítmico se conoce como generador central de patrones (CPG). Para comprender la organización funcional de los CPGs es necesario describir las propiedades bioeléctricas de sus componentes y sus interacciones. El ritmo es una propiedad emergente de estos factores.

Dado que los comportamientos motrices requieren el movimiento coordinado de diversos segmentos del cuerpo, se requiere coordinar la actividad de los distintos osciladores que gobiernan cada segmento.

El modelado de los CPGs y su coordinación es una herramienta esencial para poder procesar los datos experimentales que se colectan.

Aprendizaje supervisado, semi-supervisado, no supervisado y anti-supervisado: datos biomédicos y transporte óptimo

Esteban G. Tabak

Courant Institute of Mathematical Sciences, New York University, New York, USA

(En colaboración con Martín Cadeiras, UCLA)

Esta charla considera aplicaciones del transporte óptimo al análisis de datos biomédicos. El ejemplo que lo motiva es el siguiente: en pacientes que han sido sometidos a un transplante de corazón, se busca determinar si existe rechazo y de qué características, por medio de la inspección visual de una biopsia. Sin embargo, se ha determinado que diferentes cardiólogos asignan diagnósticos distintos a las mismas biopsias. Esto lleva a buscar métodos más sistemáticos de diagnóstico, analizando la expresión de aproximadamente 20.000 genes en las 64 biopsias con datos genéticos disponibles.

Aprendizaje supervisado: utilizando como etiquetas los diagnósticos asignados por los cardiólogos, relacionarlos con la expresión genética. No supervisado: no utilizar las etiquetas, ya que no son fiables. En cambio, buscar mecanismos biológicos de diagnóstico mediante la separación de las muestras en clases. Anti-supervisado: eliminar de la expresión genética toda información relacionada con etiquetas que no nos interesan: hospital donde se han obtenido las muestras, sexo y edad de los pacientes. Semi-supervisado: utilizar también la información de pacientes para quienes no se dispone de datos genéticos, de diagnósticos o de datos clínicos.

La charla discutirá cómo cada una de estas formas de aprendizaje puede formularse en términos de problemas generalizados de transporte óptimo en el espacio de expresiones genéticas.

Biología estructural: un punto donde la física, química, matemática y biología se encuentran

Jorge Vila

Instituto de Matemática Aplicada, UNSL, San Luis de la Punta, Argentina

En esta charla corta, después de una breve introducción a la biología estructural enunciaremos el problema más importante, aún no resuelto, de esta disciplina. Discutiremos, fugazmente, la importancia de la biología estructural y con tres ejemplos ilustraremos el rol crítico de la matemática en el desarrollo de esta disciplina.