

ENTREVISTA: LUIGI PREZIOSI Matemático

"La biología se está matematizando"

MÓNICA SALOMONE 25/10/2006

Hace seis años, el matemático italiano Luigi Preziosi, del Politécnico de Turín, se sentó por primera vez a la mesa con un biólogo, que investigaba el desarrollo de los vasos sanguíneos. "Al principio no entendía nada", asegura. Pero Preziosi acabó desarrollando un modelo matemático que "sugirió a los biólogos cuáles eran los mecanismos para formar los vasos, de forma que ellos fueron al experimento y efectivamente los encontraron", explica. "El paso siguiente es cómo hacer que se formen las estructuras que queremos, y así ya entramos en la medicina regenerativa y la ingeniería de tejidos", prosigue. Es sólo un ejemplo de lo mucho que, según Preziosi, pueden aportar las matemáticas a la biología. Él coordina una red europea para desarrollar modelos matemáticos del cáncer en la que participan grupos españoles. Preziosi intervino en la Escuela Lluís Santalo, en la Universidad Internacional Menéndez Pelayo, en Santander.

Pregunta. La red que coordina, ¿por qué se ha concentrado en tumores? ¿Son más sencillos de abordar matemáticamente que otras enfermedades?

Respuesta. En absoluto. También hay mucho trabajo en enfermedades cardiovasculares. Éstas y el cáncer no es que sean más fáciles de abordar, es que son las enfermedades que más muertes causan. En general, cuando se toca la biología, la matemática se vuelve muy compleja. Trabajar con algo vivo, que cambia constantemente, complica mucho las cosas.

P. ¿Cómo se hace un modelo matemático para la medicina?

R. Lo primero es hablar con los médicos. Hay que entender cuáles son las variables esenciales, porque no se puede modelizar todo, y escoger los fenómenos que hacen cambiar a estas variables. Luego se determinan las ecuaciones. También aquí se elige el tipo de modelo que se va a desarrollar, porque no hay un único camino posible. Por eso somos varios grupos en la red, para comparar resultados.

P. ¿Cómo está seguro de que ha escogido las variables correctas?

R. El modelo se valida sobre casos conocidos y éste es el punto clave en cuanto a la interacción con los biólogos. El modelo reproduce lo que ve el biólogo en el experimento, pero lo bonito es que cambiando los parámetros se ven cosas distintas. Poner un número en vez de otro en el ordenador es muy sencillo y permite hacer experimentos virtuales. Así se pueden orientar los pasos de los médicos, probar primero lo que parece mejor.

P. ¿Permite saber cómo habría evolucionado un paciente con otra terapia?

R. Por ejemplo. Si tengo la historia de un paciente en principio podría cambiar el protocolo y ver si tal vez hubiera tenido una evolución distinta. Obviamente una cosa es hacerlo en un ordenador y otra muy distinta en vivo. No sólo por motivos éticos, sino por tiempo: en un ordenador tarda un día, en una persona, meses.

P. ¿Cómo de precisos son ahora estos modelos?

R. Algunos fenómenos se han comprendido mejor que otros. Hay modelos que predicen bastante bien cómo se comporta el tumor, y permiten predecir dónde están las células tumorales. Esto sirve para indicar hasta dónde cortar en el caso de una operación, porque dice si es más o menos probable que haya células tumorales lejos del tumor. También hay modelos que optimizan protocolos, sugieren cada cuánto dar el fármaco, cuándo ya no es útil... En Estados Unidos se contrata a matemáticos para esto. Trazando la historia pasada del paciente pueden decir si conviene una determinada terapia cada dos días, cada tres...

P. ¿Qué podrán llegar a hacer estos modelos en el futuro?

R. El matemático nunca podrá decir "usa este fármaco en vez de este otro". Es más fácil decir "si lo suministras cada dos días obtienes mejor resultado que si lo das cada cinco". Otro aspecto fundamental es que ahora, con la genómica y la proteómica, con la biología de sistemas, empieza a haber una cantidad enorme de datos que el biólogo no logra controlar. Ahí los modelos matemáticos orientarán sobre cuáles son los puntos fundamentales para actuar sobre la maquinaria de la célula, porque podrán señalar tal o cuál gen como candidato más probable a hacer esto o esto otro. Después el biólogo, claro está, debe hacer su trabajo.

P. ¿Cómo se trasladan a los modelos los nuevos conocimientos de la biología?

R. Sí, los biólogos siempre están aprendiendo cosas nuevas. Todos los resultados sobre redes de proteínas...hace cinco años no se sabía nada. Lo bueno es que son muy adecuadas para ser estudiadas matemáticamente: es una red, son relaciones lógicas. La biología se está matematizando, pero no hay que olvidar que el matemático nunca puede sustituir al biólogo.