



FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE

PROGRAMA DE DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS MENCIÓN ECOLOGÍA

IDENTIFICACIÓN

CURSO	:	MODELOS MATEMÁTICOS EN BIOLOGÍA
TRADUCCIÓN	:	MATHEMATICAL MODELS IN BIOLOGY
SIGLA	:	BIO4055
CRÉDITOS	:	10 UC
MÓDULOS	:	2
REQUISITOS	:	NO TIENE
CONECTOR	:	NO APLICA
RESTRICCIONES	:	(CURRÍCULO 120601) (PROGRAMA= DOCT CIENCIAS BIOLÓGICAS MENCIÓN ECOLOGÍA)
CARÁCTER	:	OPTATIVO
TIPO	:	CÁTEDRA
FORMATO	:	PRESENCIAL
CALIFICACIÓN	:	ESTÁNDAR
PALABRAS CLAVE	:	MODELOS ESTOCÁSTICOS, REDES, EDOs.
NIVEL FORMATIVO	:	DOCTORADO

INTEGRIDAD ACADÉMICA Y CÓDIGO DE HONOR

La Universidad tiene un compromiso con la construcción de una cultura de respeto e integridad. Quienes participen de este curso se adscriben al Código de Honor UC y adquieren el compromiso de aportar a la construcción de una cultura de Integridad Académica, actuando en consonancia con los valores de veracidad, confianza, respeto, justicia, responsabilidad y honestidad en todo el trabajo académico.

I. DESCRIPCIÓN DEL CURSO

Este curso introduce el uso de modelos matemáticos como herramientas conceptuales para el estudio de sistemas biológicos. El estudiantado desarrollará competencias para formular, analizar e interpretar modelos deterministas sin

estructura espacial, modelos estocásticos y finalmente modelos de redes aleatorias, enfatizando la transición entre descripciones deterministas y estocásticas en base al rol de la aleatoriedad en sistemas biológicos. El aprendizaje se apoyará en clases teóricas, análisis de modelos clásicos de la literatura y resolución guiada de problemas. Se espera que el estudiantado adquiera criterios para evaluar supuestos, alcances y principalmente limitaciones del uso de herramientas matemáticas en biología. La evaluación considerará tareas individuales, lectura de papers y un trabajo final integrador aplicado a un sistema biológico.

II. RESULTADOS DE APRENDIZAJE

1. Analizar modelos deterministas unidimensionales basados en ecuaciones diferenciales no lineales para interpretar la dinámica, estabilidad y bifurcaciones de sistemas biológicos simples.
2. Aplicar modelos estocásticos para la descripción y comparación de la influencia de la aleatoriedad en la dinámica de sistemas biológicos, contrastando formulaciones deterministas y estocásticas según la escala de descripción.
3. Modelar sistemas biológicos mediante redes clásicas y aleatorias, a partir de la forma en la que la estructura de conexión afecta la dinámica y propagación de procesos biológicos.

III. CONTENIDOS

1. Modelos deterministas y el rol de los parámetros.
 - 1.1. Formulación de modelos deterministas en biología: modelos en tiempo continuo para una sola especie.
 - 1.2. Formulación de modelos discretos en biología: modelos en tiempo discreto para una sola especie.
 - 1.3. Modelos para poblaciones en interacción
2. Modelos estocásticos y el rol de la aleatoriedad.
 - 2.1. Poblaciones espaciales y dinámica de población en tiempo discreto.
 - 2.2. Movimiento browniano y procesos de difusión.
 - 2.3. Procesos de población y evolución genética en tiempo continuo.
3. Redes y procesos dinámicos sobre grafos.
 - 3.1. Introducción a las redes y modelos de enfermedad.
 - 3.2. Modelos de propagación en redes: enfoques top-down y bottom-up.
 - 3.3. Análisis de los grafos aleatorios de tipo Erdős-Rényi.

IV. ESTRATEGIAS METODOLÓGICAS

- Cátedra.
- Aprendizaje basado en proyectos.
- Estudio de casos.

V. ESTRATEGIAS EVALUATIVAS

- Proyecto: 40%
- Ficha de lectura: 30%
- Mapa mental o mapa conceptual: 30%

VI. BIBLIOGRAFÍA

Mínima:

1. Murray, J. D. (2002). *Mathematical biology I: An introduction* (3rd ed.). Springer.
2. *Méléard, S. (2016). *Modèles aléatoires en écologie et évolution*. Springer.
3. * Allen, L. J. S. (2023). *Stochastic population and epidemic models: Persistence and extinction*. Springer.
4. Kiss, I. Z., Miller, J. C., & Simon, P. L. (2017). *Mathematics of epidemics on networks: From exact to approximate models*. Springer.
5. van der Hofstad, R. (2016). *Random graphs and complex networks* (Vol. 1). Cambridge University Press.

Complementaria:

1. Champagnat, N., Ferrière, R., & Méléard, S. (2006). Unifying evolutionary dynamics: From individual stochastic processes to macroscopic models. *Theoretical Population Biology*, 69(3), 297–321.
2. * Marrec, L., & Bank, C. (2023). Solving the stochastic dynamics of population growth. *Ecology and Evolution*, 13(7), e10295.
3. Merow, C., Dahlgren, J. P., Metcalf, C. J. E., Childs, D. Z., Evans, M. E. K., Jongejans, E., Record, S., Rees, M., Salguero-Gómez, R., & McMahon, S. M. (2014). Advancing population ecology with integral projection models: A practical guide. *Methods in Ecology and Evolution*, 5(2), 99–110.
4. Tejo, M., Quiñinao, C., Rebolledo, R., & Marquet, P. A. (2021). Coexistence, dispersal and spatial structure in metacommunities: A stochastic model approach. *Theoretical Ecology*, 14(3), 279–302.
5. *Talis, E. J., & Lynch, H. J. (2023). Capturing stochasticity properly is key to understanding the nuances of the Living Planet Index. *Nature Ecology & Evolution*, 7, 1194–1195.
6. Hatton, I. A., Mazzarisi, O., Altieri, A., & Smerlak, M. (2024). Diversity begets stability: Sublinear growth and competitive coexistence across ecosystems. *Science*, 383(6688), 1196–1201.