

Matemáticas y biología

La biología solía tratar sobre las plantas, los animales y los insectos, pero cinco grandes revoluciones han cambiado el modo en que los científicos piensan sobre la vida. Una sexta está en camino.

Las cinco primeras revoluciones fueron la invención del microscopio, la clasificación sistemática de las criaturas que viven en el planeta, la teoría de la evolución, el descubrimiento de los genes y el descubrimiento de la estructura del ADN. Vamos a verlas por turnos, antes de pasar a mi sexta y más polémica revolución.

El microscopio

La primera revolución biológica sucedió hace trescientos años, cuando la invención del microscopio abrió nuestros ojos a la sorprendente complejidad de la vida en escalas más pequeñas. Más exactamente, permitió la observación con nuestros ojos de la complejidad de la vida, al proporcionar un nuevo instrumento que mejoraba el alcance de nuestros sentidos.

La invención del microscopio condujo al descubrimiento de que los organismos individuales tienen una complejidad interna increíble. Una de las primeras grandes sorpresas fue que los seres vivos están formados por células, minúsculas bolsas de sustancias químicas recubiertas por una membrana que permite a algunas de estas sustancias

entrar o salir. Hay algunos organismos que están formados por una única célula, pero incluso estos son sorprendentemente complicados, porque una célula es un sistema químico completo, no algo simple y sencillo. Muchos organismos están hechos de una cantidad enorme de células; tu cuerpo contiene aproximadamente 75 billones de células. Cada célula es una pequeña máquina biológica con su propia maquinaria genética, la cual permite que se reproduzca y muera. Hay más de doscientos tipos de células: células musculares, células nerviosas, células de la sangre, etcétera.

Las células se descubrieron muy pronto tras la invención del microscopio; una vez que puedes ver los organismos a través de un gran aumento, no puedes no verlos.

Clasificación

La segunda revolución la empezó Carl von Linneo, un botánico, médico y zoólogo sueco. En 1735, apareció su estudio épico *Systema Naturae*. Su título completo en español sería «Sistema natural, en tres reinos de la naturaleza, según clases, órdenes, géneros y especies, con características, diferencias, sinónimos, lugares». Linneo estaba tan interesado en la naturaleza que decidió que necesitaba ser catalogada. Toda ella. La primera edición de su catálogo fueron solo once páginas; la decimotercera alcanzó las tres mil páginas. Linneo dejó claro que él no trataba de descubrir ningún tipo de orden natural escondido, tan solo trataba de organizar lo que había de manera estructurada y sistemática. La estructura que escogió fue clasificar los objetos naturales en cinco etapas: reino, clase, orden, género y especie. Sus tres reinos eran animal, vegetal y mineral. Fundó la ciencia de la taxonomía; la clasificación de los seres vivos en grupos afines.

Los minerales ya no se clasifican según las pautas de Linneo y los detalles de su sistema se han modificado para las plantas y los animales. Recientemente se ha abogado por varios sistemas alternativos, pero todavía ninguno se ha adoptado de una manera generalizada. Linneo se dio cuenta de que una clasificación sistemática de los organismos vivos es vital para la ciencia y puso su idea en práctica.

Cometió un error puntual; inicialmente clasificó las ballenas como peces. Pero en la décima edición de *Systema Naturae* publicada en 1758, un amigo ictiólogo lo corrigió y las ballenas se clasificaron como mamíferos.

La característica más conocida y útil del sistema de Linneo es el uso de nombres compuestos como *Homo sapiens*, *Felis catus*, *Turdus merula* y *Quercus robur* (especies de homínidos, gatos, mirlos y robles,¹ respectivamente). La importancia de la clasificación no es tan solo hacer una lista o introducir unos elaborados nombres en latín para mostrar lo listo que eres, sino hacer distinciones claras y lógicas entre las criaturas que existen. Los nombres comunes como «mirlo» no resuelven el problema, ¿quieres decir mirlo común, mirlo de alas grises, mirlo de la India, mirlo tibetano, mirlo blanco o una de las 26 especies de mirlo del Nuevo Mundo? Pero el *Turdus merula* de Linneo se refiere únicamente al mirlo común y no hay lugar para la confusión.

Evolución

La tercera revolución estuvo cociéndose a fuego lento durante algún tiempo, pero rompió a hervir en 1859 cuando Darwin publicó *El origen de las especies*. El libro finalmente alcanzó las seis ediciones revisadas y figura como uno de los grandes estudios científicos de todos los tiempos, resistiendo la comparación con los estudios de Galileo, Copérnico, Newton y Einstein en física. En *El origen de las especies*, Darwin propone una nueva visión del origen de la biodiversidad.

La creencia imperante en su época, tanto entre los científicos como entre el pueblo llano, era que cada una de las especies había sido creada de modo individual por Dios, como parte de su acción general de la creación del universo. En su visión, las especies no podían cambiar con el paso del tiempo; una oveja era, es y será siempre una oveja; un perro era, es y será siempre un perro. Pero conforme Darwin observaba la evidencia científica, gran parte de la cual había adquirido en sus viajes, se encontró con que esta imagen acomodada se hacía cada vez menos y menos sostenible.

Los aficionados a las palomas sabían que la cría meditada podía dar como resultado tipos muy diferentes de palomas. Lo mismo sucedía para vacas, perros y, de hecho, para todos los animales domésticos. Pero ese mecanismo de cambio requería la intervención humana. Los animales no cambiaban *motu proprio*, se escogían —*seleccionaban*— con gran cuidado por alguien que seguía un plan. Pero Darwin se dio cuenta de que la naturaleza sin ayuda podía, en principio, producir cambios parecidos causados por la competencia por los recursos. Cuando los tiempos eran duros, los animales que eran más aptos para sobrevivir serían los que viviesen lo suficiente para producir la siguiente generación y esta nueva generación estaría ligeramente mejor adaptada al entorno.

Darwin creía que dichos cambios serían mucho más graduales que los que imponían los humanos que se dedicaban a la cría, pero un entorno cambiante podía en un largo período de tiempo causar que algunos de los organismos de una especie desarrollasen formas y hábitos notablemente diferentes. Vio este proceso como la lenta acumulación de miles de pequeños cambios. Su formación en geología le hizo plenamente consciente de que el planeta había existido durante muchos siglos, así que la escasez de tiempo no era un problema. Incluso cambios extraordinariamente lentos podían finalmente convertirse en muy significativos.

Llamó a este proceso «selección natural». En la actualidad lo llamamos «evolución», una palabra que Darwin no usó, aunque la palabra final en *El origen de las especies* fue «evolucionado». La evidencia a favor de la evolución es tan extensa y proviene de tantas fuentes independientes que la biología actual no tendría sentido sin ella. Hoy en día, casi todos los biólogos, y la mayoría de los científicos, cualquiera que sea su área de investigación, creen que es abrumadora la evidencia de que la evolución ha sido el mecanismo dominante para la diversidad de las especies actuales. Pero el funcionamiento de la evolución es otro tema totalmente distinto, y queda mucho por comprender.

Genética

La cuarta revolución fue el descubrimiento de los genes por Gregor Mendel, que se publicó en 1865 pero no fue valorado hasta que pasaron cincuenta años.

Las características observables de los organismos, tales como el color, tamaño, textura y forma se conocen como caracteres, características o rasgos. Darwin no tenía ni idea de cómo estas características se transmiten de padres a hijos, aunque varias líneas de razonamiento distintas le condujeron a deducir que esto debía suceder. De hecho, el mecanismo de transmisión estaba ya investigándose cuando escribió *El origen de las especies*, pero él no lo sabía. Hubiera tenido un gran impacto en sus ideas.

Durante siete años, en torno a 1860, el cura austríaco Gregor Mendel crió plantas de guisante, 29.000 plantas, y contó cuántas características particulares mostraban en cada una de las generaciones. ¿Se obtenían guisantes verdes o amarillos? ¿Eran los guisantes lisos o rugosos? Las observaciones de Mendel revelaron algunos curiosos patrones matemáticos y él pasó a estar convencido de que en el interior de todo organismo vivo había unos «factores», ahora conocidos como genes, que de algún modo determinaban muchas características de los seres en sí mismos. Estos factores se heredaban de generaciones anteriores y en las especies sexuadas estos venían en pares; uno del «padre», el órgano masculino de la planta, y otro de la «madre», el órgano femenino. Cada factor puede aparecer de varias formas diferentes. La mezcla aleatoria de estos «alelos», alternativas genéticas, genera patrones numéricos.

Inicialmente, el aspecto de los factores de Mendel era un completo misterio, su existencia se había deducido indirectamente de los patrones matemáticos, a partir de las proporciones de plantas de generaciones sucesivas que poseían una combinación particular de características.

La estructura del ADN

La revolución número cinco fue más sencilla y, como la primera, se desencadenó gracias a la invención de una nueva técnica experimental. Esta vez la técnica fue la difracción de los rayos X, la cual permite a los bioquímicos entender la estructura de moléculas complejas biológicamente importantes. En efecto, proporciona un «microscopio» que puede revelar la posición de átomos individuales en una molécula.

En la década de los cincuenta del siglo xx, Francis Crick y James Watson empezaron a pensar acerca de la estructura de una molécula compleja encontrada de manera casi general en los seres vivos: el ácido desoxirribonucleico, conocido universalmente por sus iniciales, ADN. Crick, que era británico, se había formado como físico, pero se aburrió muchísimo mientras escribía su doctorado acerca de cómo medir la viscosidad del agua a altas temperaturas y, en 1947, se pasó a la bioquímica. Watson era un americano cuya primera especialidad fue la zoología y se interesó por un tipo de virus que infectaba bacterias conocidas como bacteriófagos (que come bacterias). Su gran proyecto fue entender la naturaleza física de los genes, su estructura molecular.

En esa época se sabía que los genes residían en una parte de la célula llamada cromosomas, y que los genes estaban constituidos principalmente por proteínas y ADN. La creencia general entre los biólogos era que los organismos podían reproducirse porque los genes eran proteínas capaces de copiarse a sí mismas. El ADN, en cambio, era ampliamente considerado como un «tetranucleótido estúpido» cuya única función era actuar como andamio, de modo que las proteínas se podían mantener juntas.

Sin embargo, ya había alguna evidencia de que el ADN es la molécula a partir de la cual se forman los genes, lo cual nos lleva de manera inmediata a la pregunta crucial: ¿qué aspecto tiene la molécula del ADN? ¿Cómo se organizan los átomos que la componen?

Watson acabó trabajando con Crick. Basaron sus análisis del ADN en algunos experimentos de difracciones de rayos X decisivos llevados a cabo por otros, entre los que destacan Maurice Wilkins y Rosalind Franklin. Se centraron en unos pocos hechos clave y empeza-

ron construyendo modelos en un sentido literal, acoplando piezas de cartón o metal con la forma de moléculas sencillas que se sabía que formaban parte del ADN. Esta actividad los llevó a proponer la ahora famosa estructura de la doble hélice: el ADN es una hebra doble, como dos escaleras de caracol entrelazadas. Cada hebra (escalera) tiene una serie de bases, las cuales son cuatro moléculas diferentes: adenina (A), citosina (C), guanina (G) y timina (T). Estas vienen por parejas: una A en una hebra está siempre unida a una T en la otra, una C en una hebra está siempre unida a una G en la otra.

Crick y Watson publicaron su propuesta en la revista científica *Nature* en 1953. Empieza con: «Deseamos sugerir una estructura para la sal del ácido desoxirribonucleico (ADN). Su estructura tiene características novedosas las cuales son de un interés biológico considerable». Cerca del final escribieron: «No se ha escapado a nuestro conocimiento que la paridad específica que hemos postulado (A con T, C con G) sugiere de modo inmediato un posible mecanismo de copia para el material genético».²

La idea básica aquí es simple; la secuencia de bases en tan solo una de las dos hebras determina toda la estructura. En la otra hebra, la secuencia viene dada por las bases complementarias de las de la primera hebra (cambiando A por T y C por G). Si pudiésemos separar el ADN en dos hebras, cada una de ellas contendría la información necesaria para reconstruir la otra. De modo que todo lo que tenemos que hacer es crear dos hebras complementarias y volver a encajar los pares que van juntos para obtener dos copias perfectas del original.

La sugerencia de Crick y Watson para la estructura del ADN, basada en poco más que algunas pistas decisivas tomadas de experimentos y en jugar mucho haciendo modelos, resultó ser correcta. Lo mismo que el mecanismo de copia, el cual era una especulación que no explicaron con detalle en el artículo de *Nature* por si resultaba ser falso. Sin embargo, no puedes separar sin más dos hélices entrelazadas, son necesarios algunos mecanismos complejos para lograr esta duplicación. Llevaría tiempo analizar de qué mecanismos se trata.

De golpe, la atención en biología se volvió hacia la estructura molecular de sustancias clave: el ADN, las proteínas y las moléculas

asociadas. Los departamentos de biología de las universidades despidieron o retiraron a botánicos, zoólogos y taxónomos; cualquiera que trabajase con animales enteros estaba completamente desactualizado. Las moléculas eran el futuro. Y lo eran, y lo fueron. Y la biología nunca ha sido la misma desde entonces. Crick y Watson habían encontrado «el secreto de la vida», como Crick presumió en Eagle, un pub en la calle Benet en Cambridge, unos pocos días antes de que encontrasen la estructura correcta.

Muchas novedades importantes siguieron al gran avance de Crick y Watson. La ciencia tras ellos es con frecuencia muy innovadora, pero el punto de vista ha cambiado progresivamente con respecto al que había en la época de Crick y Watson, de modo que estos avances científicos recientes, aunque sean espectaculares, no constituyen una revolución genuina. Por ejemplo, en 2006 el Proyecto Genoma Humano tuvo éxito haciendo una lista de la secuencia genética completa del ser humano, tres mil millones de unidades de información genética.³ Esto tuvo implicaciones revolucionarias; en primer lugar, posibilitó de nuevos avances en medicina. La biología se ha convertido en el terreno científico con áreas por explorar más excitante del siglo XXI, prometiendo enormes avances en medicina y agricultura, así como un profundo entendimiento de la naturaleza de la vida en sí misma. Pero hay una ruta clara que une todo esto al descubrimiento original de la estructura del ADN.

Estas son, por lo tanto, mis cinco revoluciones.

Los huecos entre ellas, teniendo en cuenta en el caso de Mendel el tiempo que pasó antes de que nadie se fijase en ella, son aproximadamente cincuenta, cien, cincuenta y cincuenta años. La quinta sucedió justo hace 50 años. El ritmo de cambio del mundo se está acelerando, de modo que parece que la sexta revolución se está retrasando. Creo que ya ha llegado. La naturaleza de la vida no es solo una cuestión bioquímica, muchas otras áreas de la ciencia han tenido un papel mayor explicando qué hace a los seres vivos vivir. Lo que une a todas ellas, abriendo perspectivas totalmente nuevas, es mi sexta revolución biológica: las matemáticas.

Las matemáticas han estado con nosotros durante miles de años; en Babilonia, hace cuatro mil años, podían resolver ecuaciones cuadráticas. Los biólogos han estado usando técnicas matemáticas, especialmente la estadística, durante más de un siglo. De modo que puede parecer poco razonable referirnos a una «revolución». Pero lo que tengo en mente, lo que está sucediendo mientras escribo, va mucho más allá. El modo de pensar matemático se está convirtiendo en una pieza estándar del conjunto de herramientas que usa la biología: no solo un modo de analizar los datos sobre los seres vivos, sino un método para entenderlos.

Qué son y lo útiles que puedan ser las matemáticas generalmente se malinterpreta. No se trata solo de números, «de hacer sumas» como nos enseñaron en la escuela, eso es aritmética. Incluso cuando le añades el álgebra, la trigonometría, la geometría y una variedad de temas más modernos como las matrices, lo que aprendimos en la escuela es poquísimo, una parte limitada de algo que es enorme. Decir que es una décima parte de un 1% sería generoso. Y las matemáticas que aprendimos en la escuela son poco representativas del total en muchos sentidos, del mismo modo que tocar escalas en un piano dista mucho de ser música de verdad y, lamentablemente, de tener que ver con componer música. La gente con frecuencia cree que las matemáticas fueron inventadas, o descubiertas, hace mucho, pero nuevas matemáticas se están desarrollando a una velocidad impresionante. Un millón de páginas al año es una estimación conservadora, y esto quiere decir un millón de páginas de ideas nuevas, no variaciones en los cálculos rutinarios.

Los números son la base de las matemáticas, como las escalas lo son de la música, pero el contenido de las matemáticas es mucho más amplio: figuras, lógica, procesos..., cualquier cosa que siga una estructura o patrón. También podemos incluir la incertidumbre, la cual podría parecer que es la ausencia de un patrón, pero los primeros estadísticos descubrieron que incluso los acontecimientos aleatorios siguen, por término medio y a la larga, sus propias pautas. Una de las características notables de las matemáticas que se usan actualmente en biología es su variedad, otra es su novedad. Mucho de ello tiene menos de cincuenta años y algunas cosas se inventaron la semana pasa-

da. Abarca desde la teoría de nudos a la teoría de juegos, desde las ecuaciones diferenciales a los grupos de simetría. Gran parte de esto usa ideas que la mayoría de nosotros nunca habría encontrado y, probablemente, si lo hiciese, no lo habría reconocido como matemáticas. Está cambiando el modo de pensar en biología, no solo sus resultados.

Esta aproximación no es ninguna novedad en las ciencias físicas, las cuales cuentan con las matemáticas en gran medida, de hecho, el desarrollo de estas dos áreas ha ido de la mano durante miles de años. Hasta hace poco la biología era, o parecía, diferente. Tradicionalmente, la biología era la rama de la ciencia que se recomendaba a los estudiantes que preferían evitar las matemáticas todo lo posible. Tú puedes estudiar el ciclo de la vida de una mariposa sin hacer ninguna suma. Todavía no hay ecuaciones matemáticas fundamentales para la biología, el equivalente a la ley de la gravitación universal de Newton. No calculamos la trayectoria evolutiva de un pez aplicando las ecuaciones de Darwin. Pero hay matemáticas en abundancia en la biología actual, y esto se está convirtiendo en algo difícil de evitar. No es solo imitar el modo en que las matemáticas se usan en la física. Es diferente, tiene su cualidad especial propia. Muchas, y cada vez más, matemáticas están motivadas por las necesidades de la biología, la cual ya no es tan agradable como observar mariposas.

La aplicación de las matemáticas a la biología depende de nuevos equipos, el más obvio es el ordenador. También depende de nuevos equipos mentales: técnicas matemáticas, algunas especialmente diseñadas para las necesidades de la biología, otras que surgieron por razones diferentes pero resultaron tener importantes implicaciones en biología. Las matemáticas proporcionan un nuevo punto de vista, abordando no solo los ingredientes para la vida, sino los procesos que usan esos ingredientes.

Creo que la sexta revolución en biología está ya en camino, y consiste en aplicar el modo de percibir las cosas en matemáticas a los procesos de la biología. Mi objetivo aquí es mostrar cómo las técnicas y puntos de vista de las matemáticas nos están ayudando a entender no solo de qué está hecha la vida, sino cómo funciona a todos los niveles, de las moléculas a todo nuestro planeta y posiblemente mucho más allá.

Hasta hace poco la mayoría de los biólogos tenía dudas acerca de si las matemáticas tenían algo que decir acerca de la vida. Los seres vivos parecían demasiado versátiles, demasiado flexibles, para encajar en cualquier rígido formalismo matemático, de ahí la ley de Harvard: los animales usados para los experimentos, en un laboratorio bajo condiciones cuidadosamente controladas, hacen lo que les da la gana. Las herramientas matemáticas como la estadística tenían su lugar, por supuesto, pero las matemáticas eran simplemente un sirviente, lejos de tener un efecto significativo en la corriente principal de pensamiento en la biología. Inconformistas como D'Arcy Wentworth Thompson, cuyo libro *On growth and form* (*Sobre el crecimiento y la forma*) catalogaba muchos modelos matemáticos (o presuntos modelos) en seres vivos, fueron ignorados o apartados. En el mejor de los casos, eran un entretenimiento secundario o, en el peor, tonterías. Después de todo, el libro de Thompson se publicó por primera vez en 1917, cuarenta años antes de que la estructura del ADN se conociese, y dijo muy poco sobre la evolución, excepto que criticó lo que vio como una tendencia a adaptar la historia a cualquier hecho que resulte estar disponible. Críticas más recientes de una limitada visión molecular de la biología, tales como la del biólogo evolucionista estadounidense Richard Lewontin, también fueron desestimadas por las corrientes generales en biología. El genoma se consideraba como «la información necesaria para definir un organismo» y era bastante obvio que una vez sabíamos eso, entonces en principio sabíamos todo.

Sin embargo, a medida que los biólogos superaban las enormes dificultades que conllevaba la obtención de secuencias genéticas, y el entendimiento de las funciones de los genes y las proteínas (qué hacen en realidad en el organismo), la verdadera profundidad del problema de la vida se hizo más presente. Hacer una lista de las proteínas que conforman un gato no nos dice todo lo que queremos saber sobre los gatos. No nos dice todo ni siquiera para criaturas modestas como las bacterias.

No hay duda de que el genoma de las criaturas es fundamental para su forma y comportamiento, pero la «información» en el genoma no nos dice más sobre la criatura de lo que una lista de componentes de un kit de montaje nos dice sobre cómo construir una estantería. De

hecho, el abismo entre un ser vivo y su genoma es tan grande como el de un estante y una lista de tablas, tuercas y tornillos. Por ejemplo, durante los últimos años, se ha hecho más claro que la información epigenética, la que no está escrita en el ADN y posiblemente no esté codificada de un modo simbólico claro, es también vital para la vida en la Tierra. La mayoría de los que hemos montado estantes hemos necesitado conocimientos que no estaban incluidos en las instrucciones.

La lista de ingredientes no es suficiente para entender la biología, porque lo que realmente importa es cómo se usan esos ingredientes, los procesos que hay tras un ser vivo. Y la mejor herramienta que poseemos para encontrar cuáles son esos procesos son las matemáticas. Durante el último medio siglo más o menos, nuevos descubrimientos matemáticos han descubierto un mundo con un comportamiento rico y sorprendente, revelando que aparentemente los procesos simples pueden hacer cosas increíblemente complejas. Como consecuencia, la creencia de que las matemáticas son demasiado simples y demasiado disciplinadas para proporcionar la comprensión de la complejidad de los seres vivos se ha vuelto difícil de defender. Por el contrario, la atención se ha centrado en encontrar modos de explotar el poder de las matemáticas para proporcionar la comprensión auténtica de la biología.

Algunos de estos desarrollos usan las matemáticas como una herramienta para ayudar con las técnicas científicas que usan los biólogos. Tales aplicaciones se vienen usando desde que los físicos desarrollaron la óptica y los fabricantes la usaron para mejorar el diseño de sus microscopios. Un ejemplo hoy en día es la bioinformática, los métodos relacionados con el almacenamiento y la manipulación de conjuntos de datos gigantescos en los ordenadores. Hacer una lista del genoma no es suficiente, hay que ser capaz de encontrar qué estás buscando en esa lista, compararla con otros elementos de información de otras listas y así sucesivamente. Cuando la lista contiene tres mil millones de elementos de información (y esto es solo el código, sin mencionar todo lo que sabemos sobre lo que hace) ya no es un asunto trivial. La mayoría de la tecnología informática cuenta con una fuerte dosis de matemáticas escondidas y la bioinformática no es una excepción.

Esto merece la pena, es útil y necesario, pero, en el contexto ac-

tual, no es inspirador. El papel de las matemáticas debería ser más creativo. Y lo es. Las matemáticas no solo se usan para ayudar a los biólogos a manejar los datos y mejorar sus instrumentos, sino que, a un nivel más profundo, proporcionan una comprensión significativa de la ciencia en sí misma, para ayudar a explicar cómo funciona la vida. Durante los últimos diez años ha habido un crecimiento masivo en las «biomatemáticas», la biología matemática. Han surgido alrededor del mundo nuevos institutos y centros de investigación dedicados a este tema, hasta tal punto que quienes los han puesto en marcha están teniendo problemas para encontrar suficiente personal cualificado. Aunque todavía no forman parte de la principal corriente en biología, las biomatemáticas están reclamando su lugar legítimo entre la multitud de técnicas y puntos de vista que son necesarios si queremos comprender cómo evolucionó la vida, cómo funciona y cómo los organismos se relacionan con su medio ambiente.

Hace diez o veinte años, la afirmación de que las matemáticas podían desempeñar un papel significativo en la biología caía, en gran parte, en saco roto. Hoy en día, esta batalla en particular está casi ganada, como demuestra el rápido incremento del número de centros de investigación especializados. Ya no es necesario tratar de persuadir a los biólogos de que las matemáticas quizá les sean útiles. Muchos de ellos no tienen el deseo de usarlas por sí mismos, excepto cuando han sido pulcramente empaquetadas en forma de *software* informático, pero no ponen objeciones a que otros lo hagan. Un matemático puede ser una incorporación útil a un equipo de investigación. Todavía unos pocos biólogos se resisten a la importancia de las matemáticas en su materia y negarían con firmeza la mayoría de lo que yo he escrito, pero esto se está convirtiendo rápidamente en un instinto caduco y su influencia es cada vez menor.

De igual modo, los matemáticos han aprendido que el único modo efectivo de aplicar su materia a la biología es encontrar lo que los biólogos quieren saber y adaptar sus técnicas en concordancia. Las biomatemáticas no son simplemente una nueva aplicación para métodos de matemáticas existentes. No basta con echar mano de una técnica matemática ya establecida, tiene que ser diseñada para encajar en la pregunta. La biología requiere, de hecho demanda, unos conceptos

y técnicas matemáticas completamente nuevos y plantea problemas nuevos y fascinantes para la investigación matemática.

Si la principal fuerza que dirigió a las nuevas matemáticas del siglo xx fue la física, en el siglo xxi, lo serán las ciencias de la vida. Como matemático, encuentro esta perspectiva excitante y atractiva. A los matemáticos nada les gusta más que una rica fuente de nuevas cuestiones. Los biólogos se quedarán impresionados solo con las respuestas.