

Solabima 2026 - XIV Congreso de la Sociedad Latinoamericana de Biología Matemática



lunes, 5 de octubre de 2026 - viernes, 9 de octubre de 2026

Thematic Sessions

Dinámica poblacional, ecología y evolución

Modelos deterministas y estocásticos de poblaciones; interacciones tróficas (depredador-presa); competencia interespecífica e intraespecífica; dinámica de metapoblaciones y dispersión espacial; bifurcaciones y caos en ecología; genética de poblaciones; teoría evolutiva y dinámica adaptativa; impacto de factores ambientales y antropogénicos; cosecha sostenible y conservación de la biodiversidad; modelos de extinción y persistencia; otros afines.

Biología celular y del desarrollo - Redes biológicas

Vías de señalización intracelular; redes de regulación genética y metabólica; dinámica del calcio y segundos mensajeros; morfogénesis y formación de patrones (Sistemas de Turing); diferenciación celular y desarrollo embrionario; biología de sistemas; topología, motivos y robustez de redes biológicas; mecanobiología celular; ciclo celular y apoptosis; otros afines.

Inmunología e infección

Dinámica intra-huésped de patógenos (virales, bacterianos, parasitarios); respuesta inmune innata y adaptativa; interacción huésped-patógeno; modelos de latencia y reactivación; resistencia a antimicrobianos; farmacocinética y farmacodinámica (PK/PD) de antivirales; diseño de vacunas y terapias inmunológicas; evolución de la virulencia; coinfecciones; otros afines.

Neurociencia matemática – Oncología matemática

Modelos de Hodgkin-Huxley y de integración y disparo; redes neuronales biológicas y plasticidad sináptica; codificación neural y procesamiento sensorial; dinámica del crecimiento tumoral avascular y vascular; angiogénesis; invasión tisular y metástasis; heterogeneidad tumoral; modelos de radioterapia, quimioterapia e inmunoterapia; control óptimo de tratamientos; resistencia a drogas en cáncer; otros afines.

Modelado de datos en biología

Diseño experimental y bioestadística avanzada; inferencia bayesiana y estimación de parámetros; análisis de sensibilidad e incertidumbre; selección de modelos (AIC/BIC); bioinformática y genómica estadística; análisis de supervivencia; validación cruzada y ajuste de datos empíricos; series temporales biológicas; otros afines.

Sistemas biométricos y biológicos complejos

Dinámica no lineal y caos en fisiología; fractales y leyes de potencia en biología; sincronización de osciladores biológicos (ritmos circadianos, cardíacos); biometría (iris, huella, rostro) y reconocimiento de patrones; análisis de señales biomédicas (ECG, EEG); sistemas complejos adaptativos; autoorganización en la naturaleza; otros afines.

Epidemiología matemática

Modelos compartimentales (SIR, SEIR, SIS); modelos estocásticos de epidemias; número reproductivo básico y efectivo; modelos basados en agentes y redes de contacto social; enfermedades transmitidas por vectores (Dengue, Zika, Malaria) y zoonosis; estrategias de vacunación, cuarentena y control óptimo; epidemiología espacial; dinámica de pandemias y endemias; otros afines.

Modelos Computacionales basados en datos e IA en biología

Modelación matemática y computacional de problemas derivados de las Ciencias de la Vida, Ciencias de la Salud y Ciencias Agrarias, utilizando herramientas como ecuaciones diferenciales y en diferencias, autómatas celulares, teoría de juegos, sistemas difusos y aprendizaje automático, entre otras, así como el análisis e interpretación de resultados analíticos y computacionales en estas áreas. Aprendizaje automático científico (Scientific Machine Learning); Redes Neuronales Informadas por la Física (PINNs); aprendizaje profundo (Deep Learning) y redes convolucionales en biología; descubrimiento de ecuaciones basado en datos (SINDy); clustering; otros afines.

Computación científica y métodos numéricos para la biología y la medicina

Métodos numéricos para ecuaciones diferenciales (FEM, FDM, FVM); modelos de orden reducido (ROM, POD, DMD); gemelos digitales (Digital Twins); computación de alto rendimiento (HPC) y paralelización; implementación en GPUs y arquitecturas modernas; análisis de estabilidad y convergencia de algoritmos; simulación a gran escala; álgebra lineal numérica para biología; otros afines.

Técnicas computacionales para la biología y la medicina

Medicina basada en datos (Data Driven Medicine); minería de datos médicos (Data Mining, PCA, MSU); modelos para enfermedades autoinmunes (Lupus) e infecciosas; modelos de terapias avanzadas (CAR-T, inmunoterapia celular); edición genética (CRISPR) y biología sintética; modelos híbridos experimentales-computacionales; medicina personalizada y predictiva; transmisión vectorial clínica; otros afines.

Teoría de Juegos Evolutivos

Técnicas basadas en la teoría de juegos y en la teoría de juegos evolutivos para juegos 2 a 2 y juegos contra la población, well-mixed y espaciales. Así como modelos matemáticos y computacionales que permitan comprender el comportamiento de las estrategias en juegos de bienes públicos y comunes. Situaciones de conflicto, por ejemplo, relacionadas con el agua, la tierra, el medio ambiente y el cuidado de las especies. Enfrentamiento de especies.

Procesamiento de imágenes médicas y biológicas

Segmentación y registro de imágenes médicas (MRI, CT, PET); microscopía computacional y reconstrucción 3D; visión por computadora para fenotipado; análisis de video para comportamiento animal; mejora y restauración de imágenes biológicas; clasificación automática de tejidos y células; realidad aumentada en medicina; otros afines.

Técnicas de vanguardia para la Producción

Sistemas de Información Geográfica (GIS) y teledetección aplicados al agro; agricultura y ganadería de precisión; modelos de crecimiento de cultivos y rendimiento; gestión de recursos hídricos y suelo; optimización de cadenas de suministro biológicas; epidemiología vegetal y control de plagas; biotecnología industrial y bioprocesos; modelos forestales y pesqueros; otros afines.

Técnicas de avanzada de Biomateriales

Modelado multiescala de biomateriales; mecánica de tejidos y viscoelasticidad; diseño de andamios (scaffolds) para ingeniería de tejidos; transporte de masa en medios porosos biológicos; sistemas de liberación controlada de fármacos; interacción superficie-célula; impresión 3D biológica (bioimpresión); degradación de materiales implantables; otros afines.

Estudios Interdisciplinarios y Aplicaciones Emergentes

Farmacometría y farmacología de sistemas; química computacional y diseño de fármacos; biomimética y algoritmos bioinspirados; biología cuántica; interfaces matemáticas con sociología y psicología; aplicaciones transdisciplinarias novedosas; filosofía de la biología matemática; estructuras biológicas en arquitectura e ingeniería; otros afines.

Desafíos de la Biología a la Matemática

Problemas abiertos y conjeturas en biomatemática; limitaciones de los paradigmas actuales; desarrollo de nuevas teorías matemáticas motivadas por la biología; desafíos computacionales en la era del Big Data biológico; integración de escalas (de la molécula al ecosistema); fronteras del conocimiento; otros afines.

MS1: Biomoléculas en acción: determinantes moleculares de interacción y aplicaciones diagnósticas y terapéuticas en biomedicina

Organizadores: Santiago Di Lella (IQUIBICEN - CONICET-Universidad de Buenos Aires), Graciela Russomando (IICS), José Colbes (FP-UNA).

El estudio de biomoléculas y sus interacciones constituye uno de los pilares fundamentales de la

biomedicina contemporánea. Proteínas, ácidos nucleicos, lípidos y complejos macromoleculares participan en redes de interacción altamente reguladas que determinan procesos fisiológicos y patológicos clave. La comprensión detallada de estos mecanismos a nivel molecular y atomístico permite no solo dilucidar funciones biológicas esenciales, sino también identificar nuevas oportunidades para el diagnóstico temprano y el desarrollo de estrategias terapéuticas innovadoras.

Los avances recientes en biofísica molecular, biología estructural, simulación computacional y técnicas experimentales de alta resolución han permitido caracterizar con precisión creciente los determinantes de reconocimiento molecular, afinidad y especificidad en sistemas biomoleculares complejos. Este conocimiento es crítico para el diseño racional de biomarcadores, biosensores, fármacos y herramientas biotecnológicas con aplicaciones en medicina traslacional.

En el contexto regional, resulta particularmente relevante fomentar espacios de intercambio interdisciplinario que integren enfoques experimentales y computacionales para abordar problemas biomédicos desde una perspectiva molecular. Este simposio propone reunir especialistas que trabajan en el estudio de biomoléculas y sus interacciones, destacando su potencial diagnóstico y terapéutico, así como sus aplicaciones en biomedicina, con el objetivo de fortalecer la colaboración científica y promover la formación de nuevas generaciones de investigadores en el área.

MS3: Inmunología Matemática en enfermedades infecto-contagiosas

Organizadores: Dra. Ledyz Cuesta Herrera (Departamento de Matemática, Física y Estadística, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Chile), Dr. Luis Pastenes Opazo (Departamento de Biología y Química, Universidad Católica del Maule, Facultad de Ciencias Básicas, Chile) y Dr. Eduardo Ibargüen (Departamento de Matemáticas, Universidad de Nariño, Colombia)

Las enfermedades infecto-contagiosas constituyen un problema persistente para la salud pública y representan un campo de estudio prioritario en la biomatemática y la modelación matemática aplicada. En este contexto, los modelos matemáticos permiten integrar información biológica desde un punto de vista clínico e inmunológico para comprender la dinámica de la infección y la respuesta del sistema inmunológico a nivel intra-hospedero.

El presente Simposio tiene como objetivo reunir contribuciones recientes en modelación biomatemática de enfermedades infecto-contagiosas, con énfasis en modelos intra-hospedero ("in-host modeling") que describen la interacción entre el patógeno, las células del tejido afectado y la respuesta inmunológica celular innata y adaptativa. Se abordarán modelos matemáticos orientados a analizar la dinámica, la activación inmunológica y los mecanismos que conducen al resultado de la infección.

Asimismo, se discutirán técnicas de análisis cualitativo, análisis de sensibilidad y validación computacional de modelos, permitiendo evaluar el impacto de factores biológicos intrínsecos y extrínsecos en la progresión de la infección. Se presentarán comparaciones entre distintos enfoques de modelación, analizando escenarios en los cuales la carga patógena supera la respuesta inmune innata y modula diferencialmente la respuesta adaptativa.

La relevancia de este Simposio para SOLABIMA radica en su enfoque interdisciplinario, integrando matemática aplicada, biología e inmunología, así como su contribución al desarrollo de herramientas cuantitativas para el estudio de enfermedades infecto-contagiosas, en concordancia con los objetivos científicos del Congreso. Este interés se refuerza por los recientes avances reconocidos a nivel mundial, como evidenció la concesión del Premio Nobel de Medicina a investigaciones que han permitido comprender mejor la respuesta inmunológica frente a infecciones, destacando la importancia de integrar conocimientos experimentales y modelación matemática para el desarrollo de estrategias terapéuticas.

Asimismo, modelos matemáticos en esta área han contribuido en el desarrollo de vacunas de ARNm eficaces en el control de enfermedades tales como el Covid 19.

MS4: Modelado y simulación de flujo de fluidos aplicados a problemas ambientales y de salud

Organizadores: Norberto Mangiavacchi, UERJ (Brasil), Hyun Ho Shin, UNA (Paraguay), Rachel Lucena, UERJ (Brasil)

El modelado matemático de flujos de fluido constituye una herramienta central para comprender fenómenos complejos en sistemas biológicos y ambientales. Desde la dinámica del transporte de contaminantes en cuerpos de agua y aire hasta la hemodinámica en sistemas cardiovasculares o la elución y transporte de fármacos, los procesos de transporte gobernados por ecuaciones diferenciales parciales juegan un papel fundamental. Este mini-simposio propone un espacio interdisciplinario dedicado al modelado matemático y la simulación numérica computacional de flujos de fluido en sistemas biológicos y ambientales. Se abordarán desarrollos basados en ecuaciones de Navier–Stokes, ecuaciones de Darcy, modelos de transporte advectivo-difusivo-reactivo, interacción fluido-estructura y sistemas multifísicos y multiescala. Se discutirán los avances en los modelos de sistemas ambientales y de salud, y los métodos computacionales para la resolución de problemas. Las aplicaciones incluirán transporte de contaminantes en agua y aire, flujos en sistemas de purificación de agua, dinámica de acuíferos, hemodinámica y dispositivos biomédicos con elución de fármacos. El objetivo es fomentar el intercambio entre matemáticos aplicados, ingenieros y científicos de la salud, promoviendo

MS5: Modelos Matemáticos e Computacionales Aplicados a Epidemiología y Salud Pública

Organizadores: Thomas Nogueira Vilches (UNESP); Cláudia Pio Ferreira (UNESP).

Recentemente, o mundo enfrentou a pandemia de COVID-19, que resultou em mais de 700 mil mortes no Brasil e deixou sequelas persistentes na população. Somado a esse desafio, o ano de 2024 registrou um aumento crítico nos casos de dengue no país, com mais de 6 milhões de notificações e 6,3 milóbitos confirmados. Nesse contexto, torna-se fundamental o estudo dos mecanismos de propagação e controle de infecções, tarefa que demanda a aplicação ativa de modelagem matemática, estatística e computacional de sistemas dinâmicos. O

objetivo deste minissimpósio é fomentar a interação entre pesquisadores dedicados à epidemiologia matemática, apresentando trabalhos que abordam desde a dinâmica da dengue e da COVID-19 até a eficácia de medidas de mitigação, como quarentena e vacinação. Pela natureza dos temas discutidos, este evento possui relevância internacional, sendo de especial interesse para a América Latina, onde tais arboviroses e pandemias representam desafios contínuos de saúde pública.

MS6: Genómica computacional, NGS e inclusión genética: desafíos y oportunidades

Organizadora: Tamara Frontanilla Recalde (Postdoctoral Researcher – University of São Paulo (USP), Brazil)

Este minisimposio aborda el desarrollo de la genómica computacional, la secuenciación de nueva generación (NGS) y la bioinformática en Paraguay. Se analizarán las principales brechas tecnológicas, formativas y estructurales del país, así como las oportunidades de aplicación en genética forense, clínica y poblacional. También se destacará la importancia de generar datos genéticos propios y referencias poblacionales regionales, promoviendo la soberanía tecnológica, la inclusión genética y la reducción de sesgos. Finalmente, se discutirán oportunidades concretas para fortalecer el desarrollo científico y tecnológico nacional.

Sesión de Innovación

Sesión de Innovación