

WORKSHOP “Modelli in campo biomedico: sfide per la matematica”

Giovedì 21 febbraio 2013 ore 14.30, Aula Magna, Dipartimento di matematica, Università di Pisa

Alfonso Iudice, Clinica Neurologica, Dipartimento di Medicina Clinica e Sperimentale, Università di Pisa “Epilessia o Epilessie? - Avanzamenti nella comprensione della fenomenica neurobiologica e nelle possibilità di cura”

Epilessia o epilessie non è un bisticcio semantico, ma l'acquisizione recente delle molteplicità di lesioni cerebrali responsabili di una variegata presentazione clinica e pluralità patogenetica della patologia. Presupposti entrambi di aggregazioni sindromiche da un lato e di sviluppo dell'epilettogenesi dall'altro, avanzamenti recenti nella conoscenza neurobiologica dei fenomeni cerebrali sottostanti. Pur se tappe interlocutorie alla definitiva comprensione della malattia, tali evidenze consentono una personalizzazione della terapia antiepilettica, non esclusivamente farmacologica. La scelta tra numerosi farmaci antiepilettici, alcuni storici, molti più recenti, appare pertanto oggi più razionale, consentendo la confezione di 'un abito terapeutico su misura' per ogni persona, con vantaggi sia per efficacia che per tollerabilità di queste cure.

Maria Laura Manca, Dipartimento di Medicina Clinica e Sperimentale, Università di Pisa, e Dipartimento di Area Medica, Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, “Predire le crisi epilettiche per prevenirle: stato dell'arte e ruolo della modellizzazione dell'elettroencefalogramma”

L'imprevedibilità delle crisi epilettiche è forse l'aspetto più debilitante dell'epilessia, per le sue conseguenze sulla sicurezza e la qualità di vita del malato. La ricerca sull'epilessia si è dunque concentrata, soprattutto nel nuovo millennio, su studi che tentano di impedire l'insorgenza delle crisi o ridurne, almeno, gli effetti dannosi, somministrando precocemente terapie farmacologiche o non. Partendo da una breve descrizione sullo stato dell'arte dei dispositivi basati sulla stimolazione cerebrale dei pazienti non trattabili farmacologicamente, finalizzati a ridurre il numero e/o la durata e intensità delle crisi, il seminario sintetizzerà i principali metodi di elaborazione del segnale elettroencefalografico per la predizione o l'individuazione precoce delle crisi epilettiche.

Alessandra La Spina, Università di Pisa, “Some mathematical models for DNA mixtures analysis”

This talk is concerned with the analysis of mixed traces where several individuals may have contributed to a DNA sample left at a scene of crime. The results of a DNA analysis are usually represented as an electropherogram (EPG) measuring responses in relative fluorescence units (RFU) and the alleles in the mixture correspond to peaks with a given height and area around each allele. We present two mathematical models for separating mixture profiles using peak area information.

1) Wang et al. (2006) used numerical methods known as Least Square Deconvolution (LSD) based on enumerating a complete set of possible genotypes that may have generated the mixture profile, on the assumptions that the mixture proportion of the contributors' DNA in the sample is constant across markers, so that the peak area of an allele will be approximately proportional to the proportion of that allele in the mixture. This may be used to calculate — via a least squares heuristic — an estimate for the mixture proportion.

2) Cowell et al. (2006) built a Probabilistic Expert System (PES) for mixture traces based on conditional Gaussian distributions for the peak areas, given the composition of the true DNA mixtures. The exact same network is then used both for an evidential calculation as well as for the separation of DNA mixtures, with the additional benefit of a full probabilistic quantification of any uncertainty associated with the analysis.

Alberto d'Onofrio, Department of Experimental Oncology, European Institute of Oncology, Milano
“Mapping biological into mathematical concepts: the mathematical oncology as a case study”

Many concepts that are relevant to biomedicine can be mapped in mathematical concepts. For example, the eradication of a tumor via a non-surgical therapy may be mapped into the global asymptotic stability of an appropriate equilibrium

point. On the one hand the aim of this talk is to review some of these mappings, and to evidence some of the most important tools to be in the toolbox of applied mathematician that want to work in biomathematics. On the other hand we want also to stress that the inherent complexity of biological processes, and in particular of tumors, has been, is being and should be a stimulus to define and study increasingly sophisticated “abstract” mathematical theories. For example the study of the dynamics of cellular populations has triggered a significant deepening of the knowledge of evolution semigroups. Thus also pure mathematician can have huge benefits in getting interested to biological applications provided they seriously consider the biological basis that generated an abstract mathematical problem.

Bibliography

A. d’Onofrio, P. Cerrai and A. Gandolfi (editors), *New Challenges for Cancer Systems Biomedicine*, Springer (2013)

A. d’Onofrio (editor), *Bounded Noises in Physics, Biology and Engineering*, Birkhauser (2013) (in press)