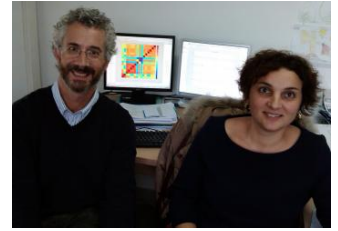


## El CSIC aplica las matemáticas para entender mejor los genes

r.s. vigo rsuarez@atlantico.net - 05-11-2013

**El Instituto de Investigaciones Marinas de Vigo (CSIC) y el Centro de Regulación Genómica de Barcelona (CRG) diseñaron modelos matemáticos que permiten comprender mejor los sistemas genéticos y metabólicos, con el objetivo de optimizar la producción de fármacos y otros productos biotecnológicos.**



Los detalles de este trabajo se publicaron ayer en la revista estadounidense PLoS Computational Biology (Biología Computacional).

Los modelos desarrollados pueden predecir con gran precisión la regulación de los genes y los sistemas celulares, lo que constituye una herramienta muy potente tanto para la investigación básica como para la industria biotecnológica. El trabajo, que se enmarca en el proyecto europeo BioPreDyn, ha estudiado en concreto el desarrollo de los segmentos corporales de la mosca de la fruta y empleado algoritmos matemáticos, repitiendo el ciclo de modelado matemático hasta que las predicciones se correspondían con los datos.

“Lo más importante es que en este estudio se demuestra que existe una única forma coherente para abordar el problema, lo que constituye un gran paso hacia la aplicación del ciclo de modelado en biología de sistemas, campo relativamente nuevo de la biología, de forma rutinaria en todo tipo de contextos biológicos”, explica Johannes Jaeger (CRG), coordinador del proyecto.

El proyecto BioPreDyn, en el que el investigador principal del CSIC es Julio Rodríguez Banga, del Instituto de Investigaciones Marinas de Vigo, cuenta con la participación de socios de ocho países europeos y concluye en 2014.

Los científicos responsables del proyecto en Vigo, Julio Rodríguez Banga y Eva Balsa, explican que eligieron la mosca de la fruta porque “es lo que se denomina un organismo modelo en biología. Es decir, un organismo muy estudiado desde hace muchos años, sobre todo en las áreas de genética en general y en desarrollo embrionario en particular. La razón es que tiene un número reducido de cromosomas y a que se reproduce rápidamente”, explica Julio Rodríguez, y añade que “el equipo de Jaeger es puntero en el uso de modelos matemáticos para explicar el desarrollo embrionario en este organismo”.

En el proyecto europeo estudian a esta mosca, pero también a otros organismos modelo muy conocidos como la bacteria *Escherichia coli* y la levadura común, *Saccharomyces cerevisiae*. “El objetivo final es demostrar cómo la aplicación de modelos matemáticos permite mejorar

procesos de biotecnología industrial, en los que se utilizan estos dos últimos microorganismos para producir compuestos de interés”, destaca Julio Rodríguez.

**Fuente:**

<http://www.atlantico.net/>

*Para reutilizar esta noticia por favor consulta el punto 3 de las [Condiciones de uso](#) del sitio web.  
No se permite la reutilización de noticias de agencias.*