



panamá  

none

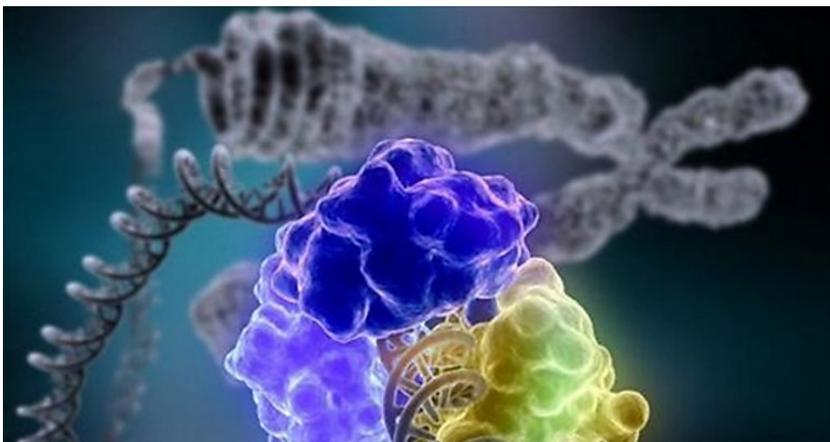
Inicionone / Entrevistasnone / Diseñan modelos matemáticos para descifrar problemas biológicos

/ Auto-invitarsevenone

# Diseñan modelos matemáticos para descifrar problemas biológicos

Investigadores del Centro de Regulación Genómica en Barcelona, con la colaboración del Consejo Superior de Investigaciones Científicas, han diseñado modelos matemáticos que permiten la comprensión de conceptos básicos en sistemas genéticos y metabólicos. Asimismo, también permitirán optimizar la producción de fármacos y otros productos biotecnológicos

06 noviembre 2013 |



La biología de sistemas es un campo relativamente nuevo de la biología que intenta comprender problemas biológicos complejos. Por ejemplo, en el control y la regulación de los genes, donde son tan importantes los factores temporales como los espaciales y, pequeñas diferencias en estos factores, que pueden verse amplificadas hasta causar cambios

drásticos en el resultado biológico final.

La predicción de estos sistemas mediante modelos computacionales basados en datos biológicos es una herramienta muy potente para la investigación básica y también para la industria biotecnológica (por ejemplo, para producir fármacos u otras sustancias de interés y de origen biológico).

Basándose en estas aproximaciones, el proyecto europeo BioPreDyn, en el que participan científicos del Centro de Regulación Genómica en Barcelona (CRG), con la colaboración del Consejo Superior de Investigaciones Científicas, espera desarrollar modelos para predecir el comportamiento de sistemas celulares.

Un trabajo de este grupo, que publica hoy la revista PLOS Computational Biology y está coordinado por Johannes Jaeger del CRG y Julio R. Banga del IIM-CSIC, muestra un modelo que puede predecir con gran detalle la regulación de los genes. En este caso, los investigadores han estudiado el desarrollo de los segmentos corporales en la mosca de la fruta.

Una sola forma de afrontar el problema

Los científicos han desarrollado algoritmos para usar en un ciclo de modelado para biología de sistemas, mediante el cual se repite varias veces el proceso para ajustar el modelo sugerido a los datos obtenidos en el laboratorio hasta que las predicciones se corresponden con los datos.

“Lo más importante en nuestro estudio es que hemos demostrado que existe una única forma coherente para abordar el problema, algo que nunca se había conseguido antes con un modelo complejo de regulación génica”, afirma Jaeger. “Este es un gran paso hacia la aplicación del ciclo de la biología de sistemas de forma rutinaria en todo tipo de contextos biológicos. Estudiar el desarrollo embrionario en la mosca de la fruta es un ejemplo de investigación básica pero nuestros métodos se pueden aplicar también a la optimización de procesos biotecnológicos como la producción de aditivos alimentarios o fármacos usando microorganismos”, añade.

El proyecto colaborativo BioPreDyn intenta desarrollar e incorporar un gran rango de herramientas algorítmicas, como la que acaban de desarrollar en los laboratorios de Jaeger y Banga, en una plataforma de aplicación global. Para conseguirlo, Biopredyn cuenta con once socios de ocho países, incluyendo tres socios industriales (Evolva, InSilico Biotechnology, y CoSMo).

La plataforma de aplicación permitirá a los usuarios finales acceder fácilmente y utilizar los algoritmos para sus propios propósitos, como

por ejemplo, optimizar las condiciones metabólicas de microorganismos utilizados para producir ingredientes nutracéuticos.

**Fuente: Servicio de Información y Noticias Científicas SINC**