

SEMINARIO

Dr. Irene Otero Muras

Aula 2, Hospital Teresa Herrera

Xubias de Arriba, 84 A Coruña

06 de marzo 2018

12.00 h



**instituto de
investigación biomédica**
de a coruña

BIOLOGÍA COMPUTACIONAL PARA DESCIFRAR MECANISMOS MOLECULARES CLAVE EN SEÑALIZACIÓN CELULAR Y REGULACIÓN GENÉTICA

La biología de sistemas combina experimentación con modelado matemático para ayudar a entender mecanismos moleculares importantes para el funcionamiento celular (por ejemplo, el papel de una proteína o interacción específica en la respuesta celular a un determinado estímulo). Uno de los problemas a los que nos enfrentamos durante el desarrollo de modelos matemáticos tanto en señalización como en regulación genética es la dificultad para obtener información cuantitativa (constantes cinéticas, niveles de proteínas, gene copy numbers) así como un alto nivel de incertidumbre sobre los mecanismos moleculares subyacentes. El objetivo de mi trabajo es desarrollar métodos matemáticos y computacionales que permitan extraer de manera efectiva, a partir de datos experimentales de tipo cualitativo (como la forma de una curva dosis respuesta, o el tipo de respuesta temporal frente a un estímulo) información importante sobre los mecanismos moleculares (interacciones, "arquitecturas", principios operacionales, reguladores clave) tanto en cascadas de señalización como en redes de regulación genética. En concreto, uno de los propósitos de mi investigación es estudiar los mecanismos responsables de los llamados procesos de "decisión celular" (tales como apoptosis, diferenciación celular, o "epigenetic switches" asociados con el desarrollo de enfermedades). En esta charla ilustraré, mediante ejemplos tanto en señalización como en regulación genética recientemente publicados, el potencial de las herramientas computacionales que hemos desarrollado en aplicaciones biomédicas.

Irene Otero-Muras realizó su tesis en el grupo de ingeniería de bioprocesos del CSIC en Vigo, estudiando las propiedades matemáticas y el comportamiento dinámico complejo de las redes de reacción bioquímicas. Durante su postdoc en el grupo de biología computacional en ETH-Zürich y en el contexto del proyecto europeo IFNAction (FP7-Health) trabajó investigando los mecanismos responsables de la señalización diferencial del interferón. Actualmente se encuentra en el CSIC en Vigo, desarrollando métodos para la identificación, modelado, diseño y control de redes bioquímicas (cascadas de señalización, rutas metabólicas y redes de regulación genética) con aplicaciones tanto en biología sintética como en biología de sistemas.

Organiza: Área de Seminarios del INIBIC

Contacto: MA.Dolores.Mayan.Santos@sergas.es / MA.del.Mar.Tomas.Carmona@sergas.es