

## **Asignatura: Construcción y Análisis de Redes Biomoleculares y Biocelulares (4 ECTS)**

### **Profesorado:**

Montserrat Argandoña Bertrán (Coordinadora – Dpto de Microbiología y Parasitología)  
Francisco J. Romero-Campero (Dpto Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial)  
Manuel Salvador de Lara (UNIA - Optimización orientada a la sostenibilidad S.L. (IDENER) e Idener research & development S. L.)

### **Unidades:**

**Unidad 1.** Introducción a la Teoría de Redes. Concepto de Red. Redes dirigidas/no dirigidas, ponderadas/no ponderadas. Redes Bi-partitas. Parámetros topológicos locales (grado, transitividad, centralidad, intermediación, excentricidad, paseo, camino y camino mínimo). Parámetros topológicos globales (diámetro, radio, distribución del grado, distribución de la transitividad, distribución de caminos mínimos, conectividad y componentes conexas). Redes Libre de Escala y de Mundo Pequeño (Nodos concentradores o hubs, robustez y fragilidad). Modelos de Evolución y Emergencia de Redes (Modelo uniformemente aleatorio de Erdos-Renyi y Modelo de conexión preferencial de Barabasi). Visualización y análisis de redes usando el paquete de R/Python igraph y la herramienta software Cytoscape. Desarrollo de herramientas web para la exploración de redes usando el paquete de R shiny. (Francisco J. Romero-Campero, 6 horas)

**Unidad 2.** Construcción y Análisis de Redes de Co-expresión Génica basadas en Datos de Expresión (Redes no dirigidas ponderadas). Paquete de R WGCNA. Técnicas de Clustering para la Identificación de Módulos de Co-expresión Génica. Identificación de Motivos de DNA en Promotores de Genes Co-expresados. Construcción y Análisis de Redes Transcripcionales basadas en datos de RNA-seq y ChIP-seq. Técnicas de Clustering Basadas en Conectividad. Identificación de Motivos de Red. Identificación de Combinación de Motivos de DNA en Promotores de Genes Diana de Múltiple Factores de Transcripción. (Francisco J. Romero-Campero, 6 horas)

**Unidad 3:** Reconstrucción de redes metabólicas a escala genómica. Conceptos básicos. Metodología y fases de reconstrucción. Reconstrucciones automáticas y semiautomáticas. Representación matemática de las reconstrucciones metabólicas: Matriz estequiométrica (S). Conectividad: vectores Reacciones y vectores metabolitos. Representación de las reacciones bioquímicas y otros elementos de la red metabólica. Reacciones de intercambio y reacción de Biomasa. Definición de los límites y compartimentos del sistema. Conversión de la reconstrucción a un modelo matemático. (Montserrat Argandoña, 6 horas).

**Unidad 4:** Introducción al análisis de redes metabólicas a escala genómica. Definición de flujo metabólico. Introducción al FBA (análisis de balance de flujos). Restricción del espacio de solución: definición de restricciones (“constraint”). Herramientas para la optimización y análisis del flujo metabólico: COBRAToolbox en entorno MATLAB. Análisis de propiedades de la red metabólica. Validación de un modelo metabólico y ciclo iterativo de mejora. Simulaciones y predicciones fenotípicas con FBA. (Montserrat Argandoña, 6 horas).

**Unidad 5:** Análisis de redes basado en restricciones (Constraint-Based Methods). Métodos de optimización y análisis avanzados: FVA, dFBA, rFBA. Visualización de redes metabólicas y análisis de flujos. Predicciones y aplicaciones. (Manuel Salvador de Lara, 8 horas).

### **Evaluación:**

70% Tareas a realizar durante el desarrollo de la asignatura.

1 Tarea de Construcción y Análisis de Redes Co-expresión y/o 1 Tarea de Construcción y Análisis de Redes Transcripcionales, 1 Tareas de Simulaciones y predicciones fenotípicas con FBA

1 Tarea de Simulaciones y predicciones con métodos avanzados

30% Examen final (Examen de preguntas cortas o tipo test. Se debe aprobar el examen con un 5 para aprobar la asignatura)

