

## **FINALIZA LA COLABORACIÓN DEL NORAYBIO EN EL PROYECTO EUROPEO GENNETEC**

En Noviembre de 2009, el Proyecto Específico de Investigación Focalizado (STREP) **GENNETEC** (Proyecto nº 34952), financiado por la Unión Europea bajo el Sexto Programa Marco, llegará a su fin.

GENNETEC reúne socios de 4 países: CNRS y INRIA de Francia, Fondation ISI y ICTP de Italia, IST de Portugal, y NorayBio de España. Este consorcio incluye equipos de diferentes especialidades de tecnologías de la información, biólogos, físicos e incluso participantes multidisciplinares.

GENNETEC ha explotado su caso de estudio para construir un marco teórico para la modelación/simulación de sistemas complejos y para el análisis de propiedades emergentes. Este desarrollo ha hecho uso de métodos de ingeniería formal de software y de aproximaciones cualitativas de la física estadística. Ha tratado con flujos de información bidireccionales entre dos o más niveles sucesivos de descripción de modelos, con particular atención en las consecuencias del comportamiento agregado. Para combatir sistemas complejos con más niveles de modelización se han estudiado jerarquías de descripciones.

Dentro del marco teórico, se han desarrollado metodologías “bottom-up multi-scale” para analizar comportamientos de agregado global. El diseño de sistemas multi-estables se ha manejado utilizando algoritmos de optimización multiobjetivo, obtenidos de la computación evolutiva y de técnicas de message-passing (o comunicación por intercambio de mensajes). Estos estudios se han extendido y generalizado a través de otras aplicaciones no biológicas, para entender y diseñar así, complejos sistemas con el comportamiento agregado deseado, consiguiendo estabilidad, y versatilidad/adaptabilidad.

El resultado biológico de estos estudios ha sido transferido a una herramienta de software escalable con el fin de dar un gran paso adelante en el campo de la bioinformática de inferencia en redes de interacción transcripcional. GENNETEC ha desarrollado también una herramienta para el modelado/simulación de redes complejas, así como informes y publicaciones de los temas antes descritos.

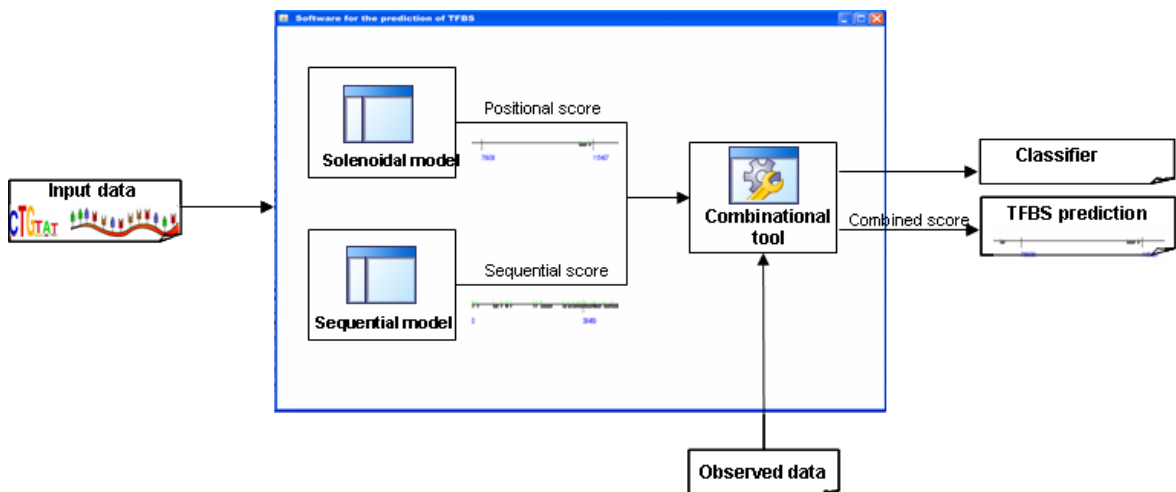
Los objetivos estratégicos del proyecto son los siguientes:

1. “Desarrollar herramientas escalables de modelado computacional y técnicas escalables de simulación para sistemas complejos.” Éste fue el principal objetivo estratégico del proyecto, con la intención de tener éxito en el desarrollo de modelos de aparición de comportamiento agregado que permiten la formulación de estrategias de diseño para sistemas con un comportamiento agregado específico.
2. El proyecto debería suponer un gran paso adelante en una de las siguientes áreas de aplicación: infraestructuras de información crítica, bioinformática o ingeniería de sistemas”. Están previstos avances en el área de aplicación de la bioinformática. Este objetivo entra dentro de la “transferencia de tecnología”.

## Colaboración de NorayBio en el proyecto

NorayBio es el líder del grupo de trabajo centrado en la construcción de aplicaciones software para integrar y facilitar el acceso a algoritmos y métodos emergentes de todos los socios del proyecto.

En ese sentido, el trabajo ha estado centrado en el desarrollo de una nueva herramienta informática para la predicción de centros de unión de factores de transcripción, TFBS. Esta aplicación tiene como objetivo mejorar este aspecto a través de la combinación de métodos clásicos con nuevos métodos desarrollados durante el proyecto en un nuevo marco de aprendizaje automático. Modelos secuenciales y solenoidales se combinan utilizando interacciones observadas para obtener un clasificador que será utilizado para predecir nuevas interacciones.



## Resultado final

El resultado principal de este proyecto conseguido por NorayBio es una plataforma de software para la predicción y transcripción de TFBS.

El producto final, está basado en la combinación de algoritmos de predicción basados en la posición de los genes en el cromosoma y los métodos clásicos basados en la búsqueda de TFBS por secuencia de ADN a través de un marco de aprendizaje automático que ha evolucionado a lo largo de la segunda mitad de la vida del proyecto. Tanto los algoritmos obtenidos, como la manera en que son combinados con los métodos clásicos, nunca antes habían sido utilizados para la predicción de TFBS. Por lo tanto, este software trata de ser una nueva referencia para este tipo de estudios.

En noviembre de este año 2009, el software estará disponible gratuitamente en la página web de NorayBio.