



Becas colaboración curso 2019/2020

Fecha: 07 Junio 2019

Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia

Subcomisión de I+D+i

Propuesta del departamento *MATEMATICA APLICADA*

Núm Proyecto: 2019/26/00006

Responsable

Villanueva Micó, Rafael Jacinto

E-mail

rjvillan@imm.upv.es

Ext.

88288

Responsable

Rubio Navarro, Gregorio

E-mail

grubio@mat.upv.es

Ext

76642

Título proyecto

Representación topográfica de datos de cáncer usando redes booleanas

Valoración proyecto

3,5

Descripción proyecto

La investigación en biomedicina, y en particular en cáncer, ha generado en la actualidad una gran cantidad de datos, principalmente debido a las diferentes -ómicas. La búsqueda de patrones y las relaciones entre ellos, en definitiva, la búsqueda de explicaciones sobre el significado de estos datos, requiere modelos matemáticos y computacionales.

En este sentido, hay mucha investigación para encontrar una clasificación molecular de subtipos de cáncer de vejiga que permitan estratificar las poblaciones de pacientes en una forma clínicamente relevante. Esto significa encontrar subtipos con diferencias significativas en datos de supervivencia entre ellos, que tengan una historia natural diferente de la enfermedad, y averiguar si esos subtipos diferentes deben tratarse de manera distinta. Estas clasificaciones se hacen buscando grupos de caracterizaciones moleculares de tumores (observaciones repetidas de patrones globales de expresión de genes o proteínas en un tipo de tumor). Pero las clasificaciones existentes son solo parcialmente consistentes. Nuestro objetivo es explorar el problema de las clasificaciones biomoleculares de un tipo de cáncer de vejiga, el cáncer de vejiga no músculo invasivo (NMIBC), con un enfoque basado en redes booleanas que ha tenido éxito en los últimos años. Nuestra hipótesis de partida es la siguiente: los subtipos moleculares sugieren estados en la evolución de un proceso. Las interacciones genéticas pueden considerarse dinámicas en una red, y por lo tanto un enfoque matemático para ubicar estados particulares en una red podría ser apropiado. Una red booleana consiste en un conjunto de nodos (que representan genes en este contexto), aristas dirigidas (que representan interacciones entre genes) y funciones booleanas. Denotando el estado de un gen i como x_i , en un momento dado su expresión sería ON si $x_i=1$, u OFF si $x_i=0$. Para una red booleana de m genes, el vector de estado $X^t=(x_1^t, x_2^t, \dots, x_m^t)$ recoge la expresión de todos los genes de la red en punto de tiempo discreto t . Una función booleana F_i determina el valor de salida x_i en el tiempo $t+1$. Denotando F la función vectorial que recopila todas la F_i , el estado de expresión génica de una red booleana estará dado por



Becas colaboración curso 2019/2020

Fecha: 07 Junio 2019

$X^{t+1}=F(X^t)$. Una trayectoria en el espacio de estados es una sucesión de estados $X^0, \dots, X^t, X^{t+1}, \dots$. Las trayectorias pueden converger a un solo estado, llamado punto atractor. El conjunto de estados iniciales que convergen a un atractor es su cuenca de atracción. La topología de la red y las funciones booleanas en cada nodo determinan la estructura del atractor, que consta de atractores, trayectorias y cuencas de atracción.

Actividades a realizar por el alumno

Estudiar literatura sobre el tema. Explorar herramientas computacionales sobre los objetivos planteados. Participar en seminarios sobre los fundamentos teóricos del proyecto. Colaborar en la aplicación de este tipo de análisis a bases de datos disponibles.

Horario

15 horas semanales distribuidas de acuerdo con las disponibilidades del alumno.