

**Título:** Integración de datos proteómicos y metabolómicos en modelos metabólicos a escala genómica y su aplicación a un modelo de la cianobacteria *Synechocystis* sp. PCC 6803

**Resumen:** Un modelo metabólico a escala genómica es una reconstrucción informática del metabolismo del organismo de interés que, junto con la utilización de un método analítico, permiten simular parcialmente el comportamiento metabólico de dicho organismo. Como resultado de estas simulaciones se obtienen distribuciones de flujos en las reacciones del organismo.

Las cianobacterias son importantes al poder utilizarse como biofactorías debido a su capacidad para realizar la fotosíntesis. Un conocimiento detallado del funcionamiento de las mismas permite poder optimizar su funcionamiento en términos de aumento de la producción de compuestos de alto valor añadido.

A partir del modelo de la cianobacteria *Synechocystis* sp. PCC 6803 es posible analizar el comportamiento general de las cianobacterias y optimizar su rendimiento de producción de compuestos de interés.

El objetivo de este proyecto es aplicar un algoritmo desarrollado por Yizhak et al. (2010), que permite la utilización de datos proteómicos y metabolómicos para precisar las distribuciones de flujos resultantes, en la cianobacteria *Synechocystis*. El IOMA ha sido el primer algoritmo que permite la incorporación de este tipo de datos 'ómicos', permitiendo obtener resultados más realistas al disponer de mayor información sobre su comportamiento.

En su artículo, Yizhak et al. (2010) ponen a prueba su algoritmo con organismos de menor complejidad y ampliamente estudiados, por lo que este proyecto resulta muy útil para conocer las ventajas de este algoritmo y sus limitaciones en comparación con un FBA. Además se analizará la sensibilidad respecto de los datos iniciales.