

Resumen

Esta tesis está dedicada al estudio y comprensión de redes biológicas a nivel molecular. Los objetivos fueron analizar su topología, integrar esta en un análisis de genotipo-fenotipo, desarrollar descripciones matemáticas más completas para ellas, estudiar su estructura de comunidades o modularidad y comparar diferentes metodologías para estimar sus flujos internos.

El trabajo presentado en este documento gira entorno a tres ejes principales. El primero es el biológico. ¿Qué organismos han sido estudiados en esta tesis? Estos van desde los agentes biológicos más simples, los virus, en este caso el género *Potyvirus*, hasta procariontes como *Escherichia coli* y eucariotes complejos (*Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana benthamiana*). El segundo eje hace referencia a las redes biológicas estudiadas, que fueron las redes de interacción de proteínas (PPIN) y las redes metabólicas (MN). El eje final es el de las herramientas matemáticas y de modelización empleadas para interrogar esas redes. Estas herramientas pueden clasificarse en tres grandes grupos: teoría de grafos, modelización basada en restricciones y estadística multivariante.

Este documento está estructurado en seis partes. La primera expone la justificación para la tesis, muestra un mapa visual de la misma y enumera sus contribuciones principales. En la segunda parte, la bibliografía relevante es revisada y resumida. Desde el nacimiento y desarrollo de la Biología de Sistemas hasta una de sus ramas más populares: el análisis de redes moleculares. Especial interés es puesto en PPIN y MN: su estructura, representación y características. Finalmente, un resumen general de las herramientas matemáticas usadas es presentado. Los capítulos tercero, cuarto y quinto representan el cuerpo central de esta tesis. Estos tratan respectivamente sobre la interacción de genotipo-fenotipo y análisis topológico clásico de redes, modelos basados en restricciones y modelización de redes metabólicas y su estructura de comunidades. Finalmente, en la sexta parte las principales conclusiones de la tesis son resumidas y expuestas.

Esta tesis pone énfasis en la vital importancia de estudiar los fenómenos biológicos como sistemas y en la potencia y prometedor futuro de este análisis integrativo. En concreto el análisis de redes supone un camino de investigación fundamental

para obtener conocimiento sobre estos sistemas biológicos y para extraer y mostrar información sobre los mismos. Este análisis genera conocimiento partiendo únicamente desde datos.