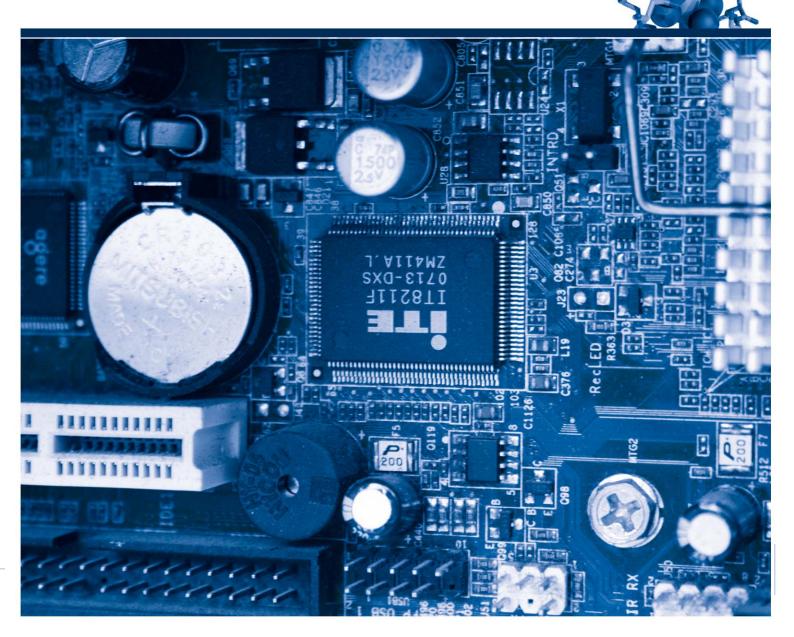


Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos

Memoria anual 2012



Índice

Apar	rtado 1. Estructura organizativa y recursos humanos	5
1.	1. Equipo directivo y divisiones o áreas de organización	5
1.	2. Recursos humanos	7
	1.2.1. Personal Universidad de Zaragoza	8
	1.2.2. Otros miembros que no pertenecen a la Universidad de Zaragoza	. 10
	1.2.3. Captación de recursos: incorporación de investigador/personal técnico de laboratorio de la captado el IUI durante el año 2012	
	1.2.4. Bajas y motivo	. 12
Apaı	rtado 2. Líneas de investigación	. 13
2.	1. Estructura de investigación en BIFI	. 14
2.	2. Descripción de las áreas de investigación	. 14
2.	3. Área de Biología Molecular y Celular	. 15
	2.3.1. Células Madre y Apoptosis/Stem Cells and apoptosis	. 15
	2.3.2. Vehiculización de fármacos/Drug Delivery.	. 18
	2.3.3. Regulación Génica y Fisiología de Cianobacterias/Genetic regulation and physiology of cyanobacteria	20
	2.3.4. Microcistinas y su tecnología/Studies on microcystin and its technology	. 24
	2.3.5. Flavoenzimas: mecanismos de acción y biotecnología/Flavoenzymes: action mechanism and biotechnology	
	2.3.6. Plegamiento de proteínas y diseño molecular/Protein folding and molecular design	. 28
2.	4. Área de Física	. 30
	2.4.1. Vidrios de spín/Spin glasses.	. 31
	2.4.2. Modelos físicos de biomoléculas/Physical modelling of biomoleculas	. 33
	2.4.3. Sistemas complejos y Redes/Complex Systems and networks	. 37
	2.4.4. Dinámica molecular y estructura electrónica/Molecular dynamics and electronic struct	
		41

2.4.5. Econofísica, modelos no-líneales y complejidad/Econophysics, nonlinear models and complexity	44
2.5. Área de Biofísica	46
2.5.1. Plegamiento de proteínas y diseño molecular/Protein folding and molecular design	46
2.5.2. Flavoenzimas: mecanismos de acción y biotecnología/Flavoenzymes: action mechanis and biotechnology	
2.5.3. Glicosiltransferasas e hidrolasas implicadas en enfermedades humanas/Glycosyltransferases and hydrolases involved in human diseases	47
2.5.4. Redes y sistemas complejos/Complex systems and networks	48
2.5.5. Modelos físicos de biomoléculas/Physical modelling of biomolecules	50
2.5.6. Dinámica molecular y estructura electrónica/Molecular dynamics and electronic strut	
2.5.7. Interacciones biomoleculares/Biomolecular interactions	50
2.6.Área Computación	52
2.6.1. High Performance Computing	52
2.6.2. Grid&Cloud Computing	54
2.6.3. Ciencia Ciudadana/Citizen science	55
2.6.4. Ordenadores dedicados/Special purpose computers	57
2.6.5. Visualización avanzada y transferencia tecnológica	59
2.6.6 Análisis de Información en Internet y Grandes Redes. Inteligencia Colectiva	61
2.7. Infraestructuras del BIFI.	62
2.7.1. Infraestructuras de Física y Computación	63
2.7.2. Infraestructuras Bioquímica y Biofísica	77
Apartado 3. Estructura de financiación: captación de recursos y destino de los mismos	86
3.1. Financiación basal proporcionada por el Gobierno de Aragón de apoyo al BIFI	87
3.2. Financiación basal proporcionada por la Universidad de Zaragoza	87
3.3. Financiación obtenida en convocatorias de carácter público y concurrencia competitiva: europeos, nacionales y europeos	88

3.3.1. Proyectos de carácter europeo	88
3.3.2. Proyectos de convocatorias nacionales	88
3.3.3. Proyectos de convocatorias autonómicas	90
3.3.4. Financiación obtenida de empresas	91
3.4. Estructura de gastos durante el año 2012	92
Apartado 4. Actividad Científica, Innovadora y Tecnológica	92
4.1. Proyectos de investigación	93
4.1.1. Proyectos de investigación de financiación pública y de concurrencia competitiva	93
Proyectos Financiados por entidades europeas en 2012	93
Financiados por entidades nacionales en 2012	95
Financiados por entidades autonómicas en 2012	101
4.1.2. Proyectos participados o liderados por investigadores pertenecientes al IUI financiad por empresas	
4.2. Publicaciones	105
4.3. Comunicaciones a congresos	113
Conferencias invitadas	113
Comunicaciones orales	116
Posters	118
4.4. Congresos, cursos y jornadas organizados por el BIFI	121
4.4.1. Congresos, cursos y jornadas organizados por el IUI, talleres de trabajo	121
4.5. Conferencias	122
4.5.1. Organización de conferencias en las que participan Investigadores de otros centros dinvestigación	
4.6. Patentes	123
4.7. Empresas SPIN-OFF	123
Apartado 5. Formación	124
5.1. Tesis dirigidas leídas en 2012	12/

5.2. Becas de iniciación a la investigación	125
5.3. Cursos impartidos	125
Apartado. 6. Proyección Internacional	127
6.1. Colaboraciones externas	127
6.1.1. Colaboración con centros extranjeros:	127
6.1.2. Colaboraciones con centros españoles	131
6.2. Estancias en otros centros de investigación	132
6.2.1. Estancias de investigación en centros extranjeros de investigadores del BIFI	132
6.2.2. Estancias de investigaciónbrealizadas por investigadores extranjeros en el BIFI	133
Apartado 7. Interacción con la sociedad	135

Apartado 1. Estructura organizativa y recursos humanos

Entre los años 1999 y 2002 y gracias al empeño y esfuerzo de los departamentos de Fotónica y de Bioquímica de la Universidad de Zaragoza, se gestó la creación del Instituto de Biocomputación y Física de Sistema Complejos siendo como un nuevo Instituto Universitario de Investigación de la Universidad de Zaragoza. Desde su creación en 2002 se ubicó en el Edificio Cervantes, pero en 2010 se trasladó a las nuevas instalaciones sitas en el Campus Río Ebro, en el Edificio I+D.

Hasta el momento BIFI ha sido dirigido por 3 directores, el fallecido José Félix Saenz, tras su fallecimiento fue directora la investigadora Milagros Medina y, desde 2011, es Alfonso Tarancón Lafita.

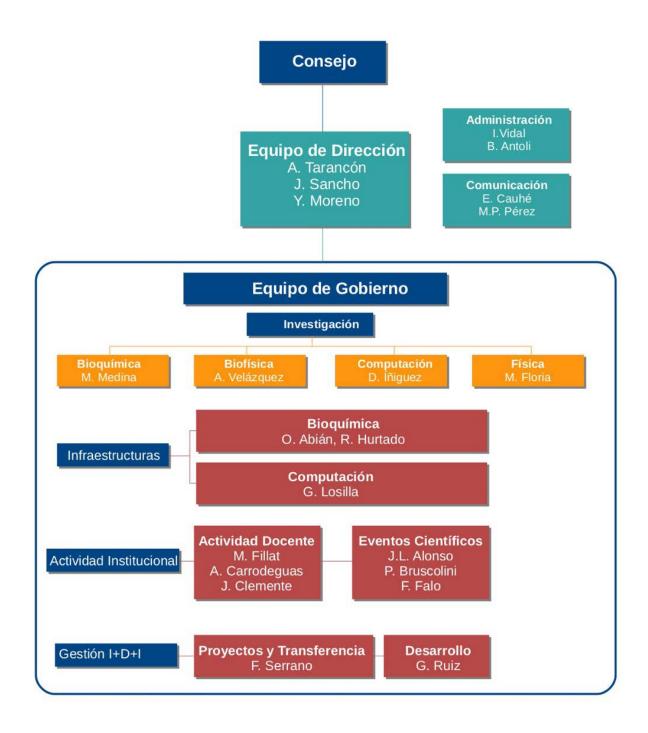
Este instituto nace con una vocación generada por el interés del estudio de moléculas de interés biológico y de otros sistemas físicos complejos desde un punto de vista multidisciplinar y con el uso masivo de recursos de computación. A lo largo de la década de vida de esta entidad se han ido perfilando y añadiendo líneas afines, en función de resultados obtenidos, de nuevos proyectos, de incorporación de investigadores, etc.

La cultura y los valores del BIFI incluyen distintos aspectos que cada año se intentan potenciar para obtener los mejores resultados:

- idoneidad interdisciplinar: reunir y establecer sinergias entre investigadores de distintos campos, especialmente computación, física y biología
- excelencia investigadora: promover la máxima calidad en su producción científica y proporcionar los medios humanos y técnicos necesarios
- transferencia de conocimiento al entorno productivo e industrial
- formación de investigadores multidisciplinares
- difusión de la cultura científica
- búsqueda de financiación

1.1. Equipo directivo y divisiones o áreas de organización

El organigrama del instituto es el que aparece en la siguiente imagen:



El Equipo de Dirección se compone por el Director, Afonso Tarancón, el Subdirector, Javier Sancho y el Secretario Yamir Moreno. Este equipo de dirección se reúne mensualmente.

El Equipo de Gobierno se compone, además del Equipo de Dirección, por un representante responsable de cada una de las Áreas de Investigación y de los Servicios Transversales.

Anualmente se realiza una reunión del claustro total del Instituto BIFI, en el que se elabora y revisa la memoria y los presupuestos y, cada 4 años se realiza la elección del Director.

En el esquema anterior se puede ver que en el organigrama del BIFI aparecen 3 divisiones o departamentos:



1.2. Recursos humanos

Los miembros del BIFI se clasifican en 3 tipologías:

Una gran mayoría que pertenece a la Universidad de Zaragoza. También tendrán esta consideración aquellos que pertenezcan a otras entidades y que desempeñen sus actividades en el Instituto. Como norma general y salvo excepciones justificables, en sus artículos figura su afiliación al BIFI en el 100% de los casos.

Otros miembros del BIFI pertenecen a otras entidades no universitarias de Aragón, a las Unidades asociadas con las que el Instituto mantiene convenios oficiales, a otras universidades españolas y centros de investigación nacionales o internacionales. También algunos de los miembros asociados pertenecen a la Universidad de Zaragoza, aunque no cumplan los requisitos de afiliación necesarios para ser considerados miembros ordinarios y en los que figura su afiliación al BIFI en al menos un 50% de sus artículos.

Por otra parte hay miembros que comparten un proyecto, publicación o cualquier otra actividad con un miembro del BIFI en los últimos 5 años y no necesitan hacer constar necesariamente en sus trabajos de investigación su pertenencia al BIFI.

1.2.1. Personal Universidad de Zaragoza

Durante este año 2012 se pueden clasificar el personal del BIFI que pertenecen a la Universidad de Zaragoza según se ve en la tabla siguiente:

PDI		DOCTORES	NO DOCTORES
	Área de Bioquímica	13	0
	Área de Biofísica	5	0
	Área de Física	23	1
	Área de computación	4	0
	Sin área asignada	0	0
		45	1
Investigadores			
	Investigadores	DOCTORES	NO DOCTORES
	Área de Bioquímica	0	20
	Área de Biofísica	0	4
	Área de Física	3	3
	Área de computación	1	3
	Sin área asignada	0	0
		4	30
Personal técnico		DOCTORES	NO DOCTORES
	Área de Bioquímica	1	3
	Área de Biofísica	0	0
	Área de Física	0	0
	Área de computación	0	14
	Sin área asignada	2	2
		3	19
TOTAL MIEMBROS		DOCTORES	NO DOCTORES
	Área de Bioquímica	14	23
	Área de Biofísica	5	4
	Área de Física	26	4
	Área de computación	5	17
	Sin área asignada	2	2
		52	50
Personal de adminis			
	Sin área asignada	2	
		2	
	TOTAL DIEL !		100
	TOTAL BIFI UZ		102

En cuanto a los miembros del BIFI pertenecientes a la Universidad de Zaragoza, destacamos que un 87% de los doctores del instituto es personal docente investigador (PDI), destacando que aproximadamente un 50% de ellos son del área de física. Sin embargo, la cantera de investigadores en cuanto a investigadores no doctores pertenecen en su mayoría al área de Bioquímica y Biofísica. Otro detalle a comentar es la especialización del personal técnico del BIFI, que incluyen expertos técnicos, diplomados, licenciados y doctores que aunque trabajan en distintas áreas, es en la de computación en la que se puede observar su mayor proporción. Estos técnicos, aunque se han incluido en personal técnico, en muchos de los casos y en cuanto a su actividad, pueden considerarse investigadores, participan como responsables ya que coordinadores de líneas de investigación supervisados por un investigador en sentido estricto del BIFI.

Las siguientes personas forman parte del BIFI y pertenecen a la Universidad de Zaragoza:

Adrián Velázquez Campoy Ainoa Figuerola Conchas Alan Eduardo Vigueras Ceballos Alberto Castro Barrigón Alejandro Rivero (PI) Alejandro Tejeor Cubero Alejandro Usón Ferrando Alessio Cardillo Alfedro Ferrer Marco

Alfonso Tarancón Lafita Fernández-Pacheco Amalio

Pérez Ana Belén Lasierra Ana Sánchez Azqueta Ana Serrano Esteban

Andres Cruz Flor Andrés González Rodríguez Angela Rodriguez Cardenas Angélica Ospina Correa

Arturo Giner Beatriz Antolí Carlos Val

Carmen Pellicer-Lostao Cristina Viñas Viñuales

David Íñiguez Eduardo Lostal Elisa Cauhé Emanuele Cozzo Emilio Lamazares Arcia Erandi Lira-Navarrete

Erik Gracia Fermín Serrano Fernando Falceto Fernando Falo Francisco Sanz, Gerardo Sanz Sainz Gonzalo Ruiz Manzanares

Guillermo Losilla Isabel Almudi

Isabel Clemente Arellano

Isabel Vidal Isaías Lans Vargas Isidro Cortés Ciriano

Jaime Ibar

Javier Borge Javier López Lorente Javier Sancho Sanz Jessika Valero Gónzalez Jesús Clemente Gallardo Jesús Gómez Gardeñes

Joaquín Sanz

Jorge Monforte García José Alberto Carrodeguas

Villar/

José Luis Alonso José Mª Gracia Bondia José Manuel Carmona Martínez

José Miguel Gil Narvión José Vicente García Esteve Juan Altarriba Farrán Juan Carro Aramburu Juan Jose Galano Frutos Juan José Mazo Torres Juan Martínez Olivan Laura Botello Morte/

Laura Calvo Begueria. Laura Catalina Lopez Rodriguez

Laura Ceballos Laita. Luis Mario Floria Luis Varona Aguado Mari Carmen İbañez María Alejandra Nelo Bazán.

María Arruebo

Maria Conde Gimenez

María Francisca Fillat Castejón/ María Luisa Peleato Sánchez Maria Reyes perez gracia María Sebastián Valverde María Teresa Bes Fustero Marta Asencio del Río Marta Martínez Júlvez Milagros Medina Trullengue

Miriam Alías Niño Noemí Bervis. Olga Abián Franco Pablo Echenique Pablo García Risueño Pablo Piedrahita

Pascual López Buesa Patricia Ferreira Neila Patricia Martínez Alonso

Pedro García

Pedro J Martínez Ovejas Pierpaolo Bruscolini

Pilar Catalán Rafael Clavería

Ramón Hurtado-Guerrero Raquel Álvarez Baños Raquel Villanueva Llop Renata Almeida García Reis Renzo Torreblanca Gonzales

Ricardo López-Ruiz Rubén Vallés Sandro Meloni Sergio Pérez Gaviro Silvia Baquedano Coarasa

Sonia Arilla Luna Sonia Vega Víctor A. Gopar Víctor Polo Ortiz

Violeta Calvo Sein-Echaluce/ Vladimir Espinosa Angarica

Yamir Moreno Yolanda Vergara Zuriñe Rozado Aquirre

1.2.2. Otros miembros que no pertenecen a la Universidad de Zaragoza

Dentro de la multidisciplinariedad que prima en el IUI BIFI pueden destacarse también la multiterritorial en cuanto al centro de pertenencia de alguno de sus miembros. Todos ellos están vinculados a entidades e instituciones nacionales e internacionales de relevancia en investigación y aportan una importante colaboración en las distintas líneas de investigación del BIFI.

Univ. Publica de Navarra Jose-Luis López

Luis Antonio Fernández

Pérez

Universidad Complutense de Madrid

Juan Jesús Ruiz Lorenzo Universidad de. Extremadura

David Yllanes Universidad Complutense de Madrid

Mario Guidetti Univesrità di Ferrara (Italia)

Beatriz Seoane Universidad Complutense de Madrid

Celerino Abad Zapatero Pharmaceutical Biotechnology Molecular Biology. University of Illinois. Chicago

Olga Abián Franco IACS. Zaragoza

Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial. Universidad Rovira y Virgili. Alejandro Arenas Moreno

Tarragona

Bioquímica y Biologia Molecular. Universidad de Zaragoza Xabier Arias Moreno

Zaragoza

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Física. Universidad de Liliana Arrachea

Buenos Aires. 1428 Buenos Aires. ARGENTINA

Adrian Budini

Marta Bueno Fernández Computational Biology University of Pittsburgh. Pittsburgh, PA (USA)

Javier Burguete Tolosa Estacion Experimental Aula Dei. CSIC. Zaragoza

Institution: EUMETSAT, Alemania. EUMETSAT (Organización Europea para la Xavier Horacio Calbet

Alvarez Ivan Calvo Rubio Explitación de Satélites Meteorológicos) Darmstadt (Alemania)

Laboratorio Nacional de Fusión (Unidad de Teoría). EURATOM-CIEMAT. Madrid

Instituto de Física de Cantabria CSIC. Santander Isabel Campos Plasencia

Luis Alberto Campos

Prieto

CSIC. Centro de Investigaciones Biológicas (CIB) - CSIC. Madrid

Francisco Castejón

Laboratorio Nacional de Fusión (Unidad de Teoría). EURATOM-CIEMAT. Madrid

Magaña Físisca Aplicada. Universidad de Alicante. Alicante Guillermo Chiappe

Estación Experimental Aula Dei. CSIC. Zaragoza Bruno Contreras Moreira Department of Chemistry. University of Cambridge. UK Nunilo Cremades Casasin

Ecole Normale Superieure de Lyon. Lyon (Francia) Santiago Cuesta López

José Antonio Cuesta Ruiz Departamento de Matemáticas. Universidad Carlos III de Madrid. Madrid

Andrés de Bustos Molina CIEMAT. Madrid

Física Fundamental. Universidad de Barcelona. Barcelona Albert Díaz Guilera

Pep Español Garrigós FRIAS. Universität Freiburg. Freiburg. Alemania

Luis Antonio Fernández Fisica Teorica. Universidad Complutense de Madrid. Madrid

Barcelona Supercomputing Center. Universidad de Barcelona. Barcelona Juan Fernández - Recio

Ramón Fernández Física Teórica. Universidad Complutense de Madrid. Madrid Alvarez-Estrada

Susana Frago Moreno Sir William Dunn School of Pathology. University of Oxford. U.K.

Luis García Gonzalo Física. Universidad Carlos III. Madrid

Centro de Biologia Molecular Severo Ochoa. Universidad Autonoma de Madrid. Mauricio Garcia Mateu

Madrid

Guillermina Goñi Rasia Centro Nacional Investigaciones Oncologicas. CNIO. Zaragoza

Antonio Gordillo Guerrero Universidad de Extremadura. Badajoz

José Gracias Brudía Química. Universidad de Salerno. Salerno (Italia) Francisco Guinea Instituto de Ciencia de los Materiales de Madrid. CSIC. Madrid

Beatriz Ibarra Química Física. Universidad de Granada. Granada

Alfonso Jaramillo Laboratoire de Biochimie. École Polytechnique. Paris, FRANCE

Sergio Jiménez Sanjuan Scien Analytics

Département de Physiologie Cellulaire et Métabolisme.. Violeta Lamarca Gay

Universitaire. Geneve. Suiza

Daniel Lopez Bruna Laboratorio Nacional de Fusión (Unidad de Teoría). EURATOM-CIEMAT. Madrid

José Luis Lopez García Matematica Aplicada. Universidad Pública Navarra. Navarra

Lima (Peru) Jon Lopez Llano

Enrique Louis Cereceda Física Aplicada. Universidad de Alicante. Alicante

Andrea Maiorano Universidad de Ferrara. Italia

Michel Mareschal ZCAM.

Instituto Carlos I de Física Teórica y Computacional. Universidad de Granada. Joaquín Marro Borau

Granada

Beatriz Martín Luna OPERON S.A. ZARAGOZA

Víctor Martín Mayor Física Teórica. Universidad Complutense de Madrid. Madrid

Luis Martín Moreno CSIC. Universidad de Zaragoza. Zaragoza Joaquín Molla Lorente Unidad de Materiales. CIEMAT. Madrid

Antonio Muñoz Sudupe Física Teórica. Universidad Complutense de Madrid. Madrid

Carlos Naón Universidad de la Plata. Argentina

Fernando Naranjo

Mayorga

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Tunja-Bocaya (Colombia)

Zurko Research. Centro Regional de Investigaciones Biométicas. CRIB. Albacete

José Luis Neira Química Física. Universidad Miguel Hernández. Elche

Isabel Nogués González Instituto di Biologia Agro-ambientale e Forestale IBAF. CNR. Roma (Italia)

Antonio Parody Química Física. Universidad de Granada. Granada

Silvia Pellicer Espuña

José Ramón Peregrina Bonilla

Science. University of St Andrews. Zaragoza

Sergio Pérez Gaviro Dipartimento di Fisica. Università la Sapienza. Roma (Italia)

Julia Poncela Casasnovas Technological Institute. Northwestern University (Evanston, Illinois). Illinois

Freiburg Institute for Advanced Studies. School of Soft Matter Research. Freiburg Diego Prada Gracia

(Alemania)

Antonio Rey Gayo Química Física. Universidad Complutense de Madrid. Madrid

Angel Rubio Secades Dpto. Fisica Materiales. Universidad del Pais Vasco Juan Jesús Ruiz Lorenzo Física. Universiadad de Extremadura. Badajoz

Ángel Sánchez Sánchez Matematica Aplicada. Universidad Carlos III de Madrid. Madrid

José M. Sánchez-Ruiz José María Sancho

Herrero

Jaime Sañudo Romeu Facultad de Ciencias. Universidad de Extremadura. Badajoz

Daniele Sciretti Barcelona Media. Barcelona

Alvaro sebastian Yaque Laboratorio de Biologia. Estacion Experimental Aula Dei. Zaragoza

Química Física. Universidad de Granada. Granada

Materia Condensada. Universidad de Barcelona. Barcelona

Lerner Research Institute. Cleveland EEUU Jesús Tejero Bravo

Carlos Ungil CERN. Ginebra José Luis Velasco Garasa CIEMAT. MADRID

Paolo Verrocchio

Inmaculada Yruela

Física Teórica. Universidad Complutense de Madrid. Madrid

Aula Dei. CSIC Zaragoza Guerrero

David Zueco Lainez Institut für Physik. Universität Augsburg. Germany

Beatriz Herquedas Neurobiology Division. MRC Laboratory of Molecular Biology, CB2 0QH

Frances Cambridge, UK

1.2.3. Captación de recursos: incorporación de investigador/personal técnico de laboratorio que ha captado el IUI durante el año 2012

El año 2012 respecto a la captación de recursos ha dado como balance en el instituto BIFI muy positivo, con la contratación de 37 personas para realizar actividades científicas, técnicas o de administración. Se han realizado 8 nuevas contrataciones de personal investigador, 27 personal técnico especializado y una de administración, distribuidas en las 4 áreas de investigación del BIFI.

La contratación se ha realizado con cargo al propio instituto, a ayudas a proyectos de investigación concedidas por concurrencia competitiva tanto en convocatorias nacionales como europeas (ver apartado 4)

Se puede citar que tres de las contrataciones de personal técnico especialista se realizaron a través de convocatorias de concurrencia competitiva, una ayuda concedida para la contratación por el Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO) y 2 por el Gobierno de Aragón. Otro dato importante a tener en cuenta es que se han incorporado 6 nuevos investigadores predoctorales con ayudas concedidas tanto del Gobierno de Aragón como del Ministerio de Economía y Competitividad.

A las anteriores incorporaciones, durante el año 2012 han realizado su proyecto de Máster 9 alumnos del Máster en Biología Molecular y Celular en 4 líneas de investigación principalmente: 3 con la Profesora Milagros Medina, 3 con el Profesor Javier Sancho, 2 con la doctora Olga Abián y 1 con el Dr. Adrián Velázquez.

1.2.4. Bajas y motivo

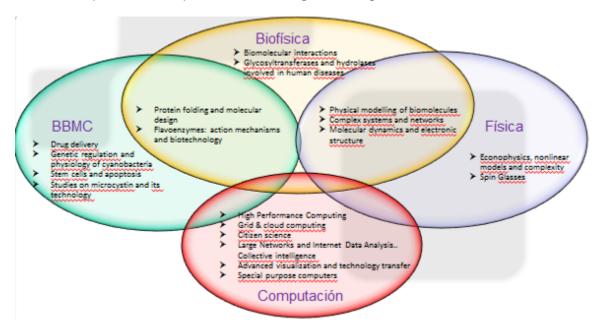
En el 2012 en cuanto a bajas no se ha visto modificado en gran medida el personal del Instituto BIFI. En cuanto a personal técnico se ha producido dos bajas a mediados de 2012, una en el departamento de Comunicación y otra en el departamento de Gestión de la I+D, por voluntad propia. En otros casos las bajas se han producido por finalización de la obra o servicio para las que se realizó la contratación.

En cuanto a bajas solicitadas como miembros del BIFI, se ha producido la del Catedrático Carlos Gómez-Moreno, por motivos de incompatibilidad con su pertenencia a otro instituto.

Apartado 2. Líneas de investigación

Cumpliendo con uno de los objetivos generales del BIFI para el 2012 planteados como mejora estratégica respecto al año 2011 se ha conseguido interrelacionar la actividad científica entre las 4 áreas de investigación del instituto.

El esquema siguiente recoge dicha actividad conexa, complementaria y sinérgica entre las áreas de investigación del BIFI. Puede apreciarse que, aunque en las áreas hay líneas de investigación específicas, se destaca una importante actividad científica en este instituto que utiliza la colaboración como herramienta y aporta el potencial científico que supone una estrategia de colaboración de investigadores con experiencia investigadora multidiscipliar. En el esquema de conjuntos, las líneas del área de computación no se incluyen en ninguna de las intersecciones porque se considera que participa en todas las áreas. Se ha optado por incluirlas en donde aparecen, aunque realmente deberían aparecer solapadas con los siguientes globos.



Como un dato importante a reseñar sobre los miembros del BIFI que participan en las 19 líneas de investigación que se desarrollan en el instituto, es que además pertenecen a Grupos de Investigación reconocidos por el Gobierno de Aragón como grupos consolidados. Los grupos mayoritarios a los que pertenecen los investigadores son los de la tabla siguiente:

Tipología reconocida	Área	REf	Nombre del Grupo
Consolidado.	Exp. y Mat	E24/3	Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Consolidado	Biomédicas	B89	Protein Targets
Consolidado	Biomédicas	B18	Biología Estructural
Consolidado.	Exp. y Mat	E19	Física Estadística y No Lineal
Consolidado.	Exp. y Mat	E24/1	Física Matemática y Teoría de Campos

El director del Instituto BIFI, Alfonso Tarancón es investigador principal del grupo consolidado de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos; el subdirector, Javier Sancho del grupo consolidado Protein Targets y el Secretario, Yamir Moreno del de Física Estadística y No lineal.

2.1. Estructura de investigación en BIFI

El instituto BIFI se creó en su origen con una vocación clara: *el estudio de moléculas de interés biológico y de otros sistemas físicos complejos desde un punto de vista multidisciplinar y con el uso masivo de recursos de computación.*

En transcurso de una década se ha ido perfilando el planteamiento inicial, incluyendo otras líneas afines, en función de la evolución de los resultados de los proyectos, nuevos intereses científicos para el instituto y para la sociedad, nuevos proyectos en colaboración nacional e internacional, incorporación de nuevos investigadores, etc.

2.2. Descripción de las áreas de investigación

La investigación del BIFI se estructura en 4 áreas de investigación cada una de ellas coordinada por un investigador responsable como puede verse en el esquema.



Cada una de estas áreas incluye varias líneas e investigadores según criterios de colaboración e interdisciplinaridad. Por eso, varias líneas de investigación pertenecen a más de un área (ver esquema de intersección de conjuntos).

La investigación en colaboración en BIFI ha incrementado durante 2012 según los patrones acertados y a los que se dirige la investigación global a nivel nacional e internacional. Esta colaboración es básica tanto para el fomento de la colaboración interna y para la internacionalización del instituto.

Desde el año 2009, a través de proyectos intramurales que se emprenden cada año desde el BIFI. Durante el 2012 se han financiado 4 proyectos de este tipo que han implicado a distintas líneas de investigación del instituto conjuntamente. Los temas de estos proyectos han sido:

- ✓ Interacciones proteína-proteína implicadas en cáncer pancreático
- ✓ Desarrollo de un modelo de mecánica estadística para la predicción de estabilidad y cinética de proteínas
- ✓ Análisis informático multiparamétrico de imágenes de microscopía: aplicaciones en diferenciación celular y citotoxicidad
- ✓ Movilidad

Las líneas de investigación del BIFI desarrolladas en 2012 y que pretenden continuar en 2013, se encuentran en línea con los objetivos de I+D+i en 3 dimensiones: autonómica (*Estrategia Aragonesa de Investigación e Innovación para una Especialización Inteligente RIS3_ARAGON*), nacional (*Plan Estatal de I+D+i 2013-2016*) y europea (*Programa Marco Horizonte 2020*). En este instituto los proyectos de investigación que se desarrollan se han dirigido hacia las

prioridades que van a primar en un futuro cercano, la ciencia excelente, el liderazgo industrial y los retos sociales.

2.3. Área de Bioquímica y Biología Molecular y Celular

Objetivo: comprender y controlar sistemas biológicos que dependen de proteínas con interés para aplicaciones en los campos de la química, biotecnología, farmacología y biomedicina.

Responsable de Área: Milagros Medina.

Líneas de Investigación:

2.3.1. Células Madre y Apoptosis	IP. José Alberto Carrodeguas
2.3.2. Vehiculización de fármacos	IP. Olga Abián
2.3.3. Regulación Génica y Fisiología de	IP. María Fillat
Cianobacterias	
2.3.4. Microcistinas y su tecnología	IP. María Luisa Peleato
2.3.5. Flavoenzimas: mecanismos de acción y	IP. Milagros Medina
biotecnología	9
2.3.6. Plegamiento de proteínas y diseño	IP. Javier Sancho
molecular	

Descripción de las líneas y sus principales logros 2012

2.3.1. Células Madre y Apoptosis/Stem Cells and apoptosis. IP. José Alberto Carrodeguas

Objetivos y descripción

El objetivo general es, por un lado, caracterizar funcionalmente proteínas implicadas en muerte celular, posibles dianas terapéuticas en cáncer. Por otro lado, pretendemos identificar compuestos químicos que inducen muerte celular selectivamente en células tumorales y también en células madre vs células diferenciadas, así como otros que inducen diferenciación celular específica en células madre.

Utilizamos una gran variedad de técnicas bioquímicas y de biología molecular y celular, como la mutagénesis dirigida, expresión de proteínas en células procariotas y eucariotas, distintos tipos de electroforesis, cromatografía, fluorimetría, luminiscencia, cultivos celulares y microscopía óptica avanzada combinada con análisis automático de imagen. Estamos desarrollando una plataforma basada en supercomputación para el análisis multiparamétrico automatizado de imágenes de microscopía.

Utilizamos principalmente el laboratorio de biología molecular, el laboratorio de cultivos celulares, el lector multimodo (fluorescencia, luminiscencia y absorbancia) y el microscopio invertido de fluorescencia. Actualmente estamos comenzando a utilizar light *scattering*, dicroísmo circular y calorimetría.

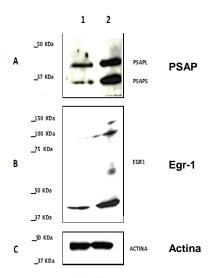
Proyectos relacionados:

Título proyecto	Entidad Financiadora
Identificación de moléculas bioactivas en células troncales mediante cribado funcional de quimiotecas: herramientas para terapias seguras.	Ibercaja/Universidad de Zaragoza
Análisis informático multiparamétrico de imágenes de microscopía: aplicaciones en diferenciación celular y citotoxicidad	BIFI
Análisis del efecto en la proliferación de células in-vivo e in-vitro de un nuevo producto.	OTRI

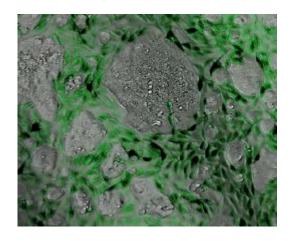
Equipo de investigación:

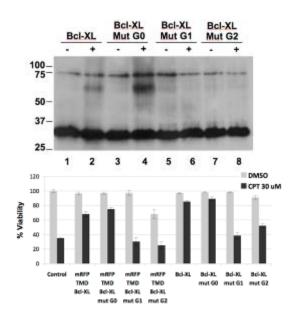
Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
José Alberto Carrodeguas Villar/Profesor Contratado Doctor Investigador	B89-Grupo Protein Targets
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Angélica Ospina Correa (Becaria predoctoral Banco Santander/Unizar	B89-Grupo Protein Targets
María Alejandra Nelo Bazán. Becaria predoctoral Fundación Ayacucho de Venezuela. Alan Eduardo Vigueras Ceballos. Becario predoctoral CONACYT, México.	B89-Grupo Protein Targets B89-Grupo Protein Targets

Resultados y conclusiones destacados en 2012



 Identificación de Egr-1 como activador transcripcional de PSAP/Mtch1. La gráfica muestra el aumento de expresión de Mtch1 al sobreexpresar Egr-1.





- Identificación de aminoácidos en el dominio transmembrana de Bcl-XL importantes para su dimerización y función antiapoptótica.
- Cocultivo de células madre embrionarias de ratón (gris) y fibroblastos (verde), tratadas con un compuesto que mata selectivamente a las células madre.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

Discovery of Novel Inhibitors of Amyloid β-Peptide 1-42 Aggregation. López LC, Dos-Reis S, Espargaró A, Carrodeguas JA, Maddelein ML, Ventura S, Sancho *J. J. Med Chem.* 2012

Early postmortem gene expression and its relationship to composition and quality traits in pig Longissimus dorsi muscle. Cánovas A, Varona L, Burgos C, Galve A, Carrodeguas JA, Ibáñez-Escriche N, Martín-Burriel I, López-Buesa P. J *Anim Sci.* 2012, 90:3325-36.

Patentes

Inventores (p.o. de firma): Javier Sancho, Laura C. López, José Alberto Carrodeguas, Salvador Ventura

Título: Compuestos para su uso en el tratamiento de la enfermedad de Alzheimer

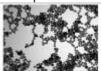
Nº de solicitud: P201231452 País de prioridad: España

Fecha de prioridad: 19/09/2012

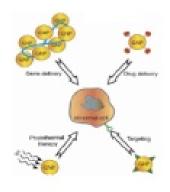
2.3.2. Vehiculización de fármacos/Drug Delivery. IP. Olga Abián

Objetivos y descripción

El proyecto actual de esta línea de investigación, pretende desarrollar una nueva estrategia para la inclusión de algunos compuestos antivirales activos contra el virus de hepatitis C (VHC), que se desarrollaron previamente en este grupo, utilizando nanopartículas de oro funcionalizadas



(AuNP). Estas AuNPs podían reconocer selectivamente a las



células hepáticas infectadas donde fármaco debe actuar preferentemente. Así, se reducirían los efectos adversos debido a

su distribución sistémica y sería de gran utilidad en caso de que se trate de compuestos activos con deficiente absorción o internalización celular.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Nanopartículas multifuncionales para el	
transporte y liberación selectiva de fármacos	INSTITUTO DE SALUD CARLOS III
frente al virus de la hepatitis C (VHC).	

Equipo de investigación

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Olga Abián Franco/Investigador SNS Programa Miguel Servet	B1-Patología Digestiva
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Marta Asencio Del Rio/ Estudiante Máster	No
Ana Belen Lasierra/ Investigador Sns Programa Rio	B1-Patología Digestiva
Hortega Carlos III	
Rafael Clavería/ Estudiante Máster	No
Maria Arruebo/ Becario Predoctoral Fis	B1-Patología Digestiva

Resultados y conclusiones destacadas 2012

- Caracterización de la unión de los complejos de OAV mediante ITC
- Estudios de biocompatibilidad celular de los complejos OAV
- Estudio celular de con anticuerpos específicos
- Microscopia electrónica con marcaje de anticuerpos y AuNPs

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Patente

Solicitantes (p.o. de firma): Abián, O., Velázquez, A., Sancho, J. and Vega, S.

Título: Allosteric inhibitors of ns3 protease from hepatitis C virus

N° de registro: 300062217 N° de solicitud: ep12382218.1

Fecha de presentación: 30 mayo 2012

Lugar de presenctación: European Patent Office

Entidad: Universidad de Zaragoza

Publicaciones

López-Gallego F, Abián O, Guisán JM. Altering the interfacial activation mechanism of a lipase by solid-phase selective-chemical modification. *Biochemistry*. 51(35):7028-36. 2012.

Romero O, Filice M, Ribas BD, Carrasco-Lopez C, Klett J, Morreale A, Hermoso AA, Guisán JM, Abián O, Palomo JM. Semisynthetic peptide-lipase conjugates for improve biotransformations. *Chem Commun (Comb)*. 48 (72) 9053-5. 2012.

Martínez-Julvez M, Abián O, Vega S, Medina M, Velázquez-Campoy A. Studying the allosteric energy cycle by isothermal titration calorimetry. *Methods Mol Biol.* 796:53-70. 2012.

2.3.3. Regulación Génica y Fisiología de Cianobacterias/Genetic regulation and physiology of cyanobacteria IP. Maria Fillat

Objetivos y descripción

Las cianobacterias son microorganismos ubicuos en la naturaleza, juegan un papel básico en los ciclos totales de carbono- nitrógeno, y constituyen la base de la cadena trófica oceánica. Estos microorganismos tienen un extraordinario potencial en biotecnológico en agricultura en el proceso de fijación de nitrógeno, como fuente de biodiesel o como productores de moléculas de interés terapeútico, entre otras aplicaciones. Además, algunas cepas de cianobacterias producen en determinadas condiciones ambientales metabolitos secundarios que pueden tener carácter tóxico en la salud humana y para otros organismos. Aunque en la actualidad los factores de desencadenamiento de la síntesis de cianotoxinas son desconocidos, la disponibilidad de hierro parece ser un factor determinante.

El objetivo general de esta línea de trabajo es conocer si está regulado el metabolismo del hierro en cianobacterias y su relación con el metabolismo de nitrógeno, estrés oxidativo y la producción de cianotoxinas. En cianobacterias, la homeostasis de hierro está controlada por FurA (ferric uptake regulator A), un regulador global que forma parte de la familia Fur, junto con los parálogos FurB y FurC. Anteriormente se ha llevado a cabo una completa caracterización funcional de FurA y de los mecanismos de regulación de esta proteína. En los últimos meses, se están investigando las funciones de los otros mientras de la familia Fur, FurB y FurC en la cianobacteria y a partir de la información obtenida de la caracterización de las tres proteínas se están diseñando diferentes estrategias para la mejora de organismos de interés biotecnológico que porten genes de cianobacterias. Por otra parte, trabajos previos del grupo encaminados a la detección de cianobacterias potencialmente tóxicas en agua, se han ampliado de cara a la detección de otros patógenos frecuentes.

Finalmente se ha iniciado un nuevo proyecto encaminado a la utilización de los ortólogos de FurA como dianas terapeúticas en patógenos. Concretamente se está trabajando con las proteínas de *Helicobacter pylori* y *Listeria monocytogenes*.

Objetivos específicos:

- 1.- Identificación de nuevas funciones de FurA en la cianobacteria. FurA es una proteína extraordinariamente abundante en la cianobacteria que realiza otras funciones ademas de la regulación transcripcional. Durante los últimos años se ha investigado el papel fisiológico de la interacción FurA-hemo y se está trabajando en la elucidación del mecanismo que hace que la sobreexpresión de esta proteína tenga efecto detoxificante en la cianobacteria. Tambien se está evaluando la posible función de FurA como transductor de señales redox a través de alguno de los dos motivos CXXC que presenta la proteína.
- 2.- Análisis funcional de FurB y FurC en las cianobacterias Anabaena PCC 7120 y Microcystis aeruginosa PCC 7806. Se están investigando las funciones que

desempeñan estos parálogos en las dos cianobacterias incluyendo su posible interactividad con FurA. Se está caracterizando el fenotipo tanto de mutantes de *Anabaena* PCC 7120 sobreexpresando cada una de estas proteínas, como de los mutantes de delección en los que se han inactivado cada uno de estos genes.

3.- Explorar el uso de FurA como diana farmacológica en patógenos. Se han purificado y caracterizado las proteínas Fur de *H. pilorii* y *L. monocitogenes*. Se ha clonado el gen fur de Clostridium difficile, responsable de un elevado número de muertes en hospitales por su difícil tratamiento y se está trabajando en su sobreexpresión y la caracterización de la proteína recombinante.

Metodología e infraestructura utilizada: Se utilizan las técnicas básicas en biología molecular: aislamiento de DNA y RNA, clonaje, PCR, sqRT-PCR y qRT-PCR, mutagénesis dirigida, determinación de sitios de inicio de la transcripción, sobreexpresión y purificación de proteínas recombinantes. Además se han llevado a cabo análisis de footpriting en colaboración con los Dres. Flores y Herrero (IBVF, CSIC-Universidad de Sevilla). Transformación de enterobacterias y conjugación en cianobacterias.

Para la caracterización de las proteínas, además de las técnicas bioquímicas clásicas se han realizado análisis de interacción mediante *pull-down* y del estado redox de las cisteínas mediante modificación química con ANS. La interacción DNA-proteína se evalúa mediante análisis de retardo en gel no radiactivo (EMSA). Las deteminaciones de potenciales redox se han realizado mediante titulación con DTTred/DTTox. Tambien se utilizan diversas medidas de actividad enzimatica como actividad diaforasa, actividad férrico reductas y disulfuro reductasa. La parte de la caracterización de la interacción FurA-hemo correspondiente al análisis de EPR se ha realizado en colaboración con el Dr. J.I. Martínez (Instituto de Ciencia de Materiales de Aragón (ICMA), CSIC-UZ, Universidad de Zaragoza)

Para la caracterización del fenotipo de los mutantes de determinan los parámetros de crecimiento, tasas de fotosíntesis y respiración, nivel de ROS y actividades nitrogenasa, catalasa y superóxido dismutasa, así como los niveles de clorofila, proteína total, carotenos y ficobiliproteinas. Se ha evaluado la ultraestructura de los mutantes mediante análisis de SEM y TEM (en colaboración con el Prof. F. Barja de la Universidad de Ginebra) y la distribución de pigmentos mediante microscopía de fluorescencia confocal.

Proyectos relacionados

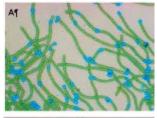
Título proyecto	Entidad Financiadora
Transducción de señales redox mediadas por FurA	Ministerio de Ciencia e Innovación
(ferric uptake regulator) en cianobacterias.	
Consecuencias en la fotosíntesis y la fijación de	
nitrógeno.	
Regulación de genes en cianobacterias	Instituto de Biocomputación y Física de
	Sistemas Complejos
Biotecnología de las Interaccioneses Beneficiosas Planta	VIII Red Temática. Subprograma de
Microorganismo.	Acciones Complementarias. MICINN
	(BIO20009-05735-E)
Royalties por la explotación comercial de la patente US-	Plant Bioscience Limited
6,781,034 "Stress resistant plants" y de su familia de	
patentes	

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
María Francisca Fillat Castejón/Catedrática de Universidad (CU)	B18-Biología Estructural
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
María Teresa Bes Fustero/TU Andrés González Rodríguez/ contratado Laura Botello Morte/ contratada Violeta Calvo Sein-Echaluce/becaria DGA	B18-Biología Estructural B18-Biología Estructural B18-Biología Estructural B18-Biología Estructural

Resultados y conclusiones destacadas 2012

Se demuestra la diversidad de funciones de FurA en *Anabaena*, así como su papel de regulador global. FurA no sólo controla la homeostais de hierro y el metabolismo



del hemo en cianobacterias, sino que puede actuar como un sensor de hemo, tiene efecto detoxificante en la cianobacteria, presenta actividad disulfuro-reductasa y participa en el control de la diferenciación del heterocisto en *Anabaena*.



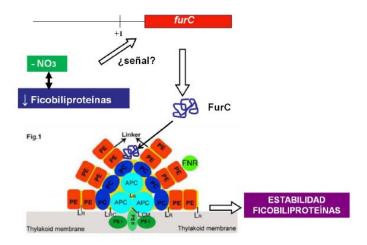
Inhibición de la diferenciación del heterocisto por la sobreexpresión de FurA. Las células se tiñeron con Alcian blue, específico de heterocistos. (A) Filamentos de la estirpe silvestre tras 24 horas de déficit nitrogenado. (B) Mutante de Anabaena que sobreexpresa FurA. Los filamentos muestran un patrón de diferenciación alterado con morfogénesis del heterocisto bloqueada en estadíos tempranos de la diferenciación (flachas rojas).

Se ha caracterizado el fenotipo de un mutante de delección de FurB en *Anabaena* que es mas sensible a daño oxidativo y posee menor contenido en clorofila y ficobiliproteinas que la estirpe silvestre. Este mutante presenta una unión mas débil entre células.



Imágenes de Microscopía electrónica de barrido mostrando que el mutante de delección de FurB presenta un septo mas estrecho entre las células. . A y C) *Anabaena* sp. PCC 7120. B y D) *Anabaena \Delta furB*. Las escala está indicada por las barras horizontales (1 μ m). Imágenes tomadas por el Dr. Francisco Barja (Laboratory of Bioenergetics and Microbiology, University of Geneva, Switzerland).

Se ha generado y caracterizado un mutante de sobrexpresión de FurC y se ha demostrado que esta proteína interacciona con el ficobilisoma y está relacionada con la integridad del mismo en función de la disponibilidad de nitrógeno combinado.



Modelo de actuación propuesto para FurC en relación con la estabilidad del ficobilisoma (Tomado del Proyecto fin de Máster de Esther Broset). En deficiencia de nitrógeno disminuye la síntesis de ficobiliproteínas y se activa la expresión de FurC, que se une al linker del ficobilisoma estabilizándolo.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones de relevancia

Botello-Morte L, González A, Bes MT, Peleato ML and Fillat MF. Functional genomics of metalloregulators in cyanobacteria. LIBRO: Genomics of Cyanobacteria. Advances in Botanical research (book series). F. Chauvat and C. Cassier-Chauvat eds. Elsevier Oxford. Capítulo de libro por invitación a MF Fillat, en prensa.

Pellicer S, González A, Peleato ML, Martínez JI, Fillat MF and Bes MT. Site-directed mutagenesis and spectral studies suggest a putative role of FurA from *Anabaena* sp. PCC 7120 as heme sensor protein. *The FEBS Journal*. 279(12):2231-46. 2012.

González, A., Bes, M.T., Valladares, A., Peleato, M.L. and Fillat M.F. FurA is the master regulator of iron homeostasis and modulates the expression of tetrapyrrole biosynthesis genes in *Anabaena* sp. PCC 7120. *Environ Microbiol*. 2012 Sep 20. doi: 10.1111/j.1462-2920.2012.02897.x.

Patentes:

Inventores (p.o. de firma): María F. Fillat, María Luisa Peleato, Antonio Clavel, Maria Pilar Goñi, Laura Calvo, Irene Gregorio, Alicia García Berna, María Teresa Fernández

Título: Método de detección de cianobacterias y bacterias patógenas presentes en agua o en amebas de vida libre.

N. de solicitud: 201131130

Entidad titular: Universidad de Zaragoza

2.3.4. Microcistinas y su tecnología/Studies on microcystin and its technology IP. Maria Luisa Peleato

Objetivo y descripción.

Las cianobacterias pueden dar lugar a una gran cantidad de metabolitos secundarios, algunos de los cuales pueden tener carácter tóxico para los organismos eucariotas. Estos compuestos se denominan cianotoxinas. Entre las cianotoxinas más ubicuas y abundantes están las microcistinas. Las microcistinas se producen bajo condiciones ambientales todavía no bien determinadas. Nuestro grupo está intesado en estudiar la regulación del operón responsable de la síntesis de microcistina, así como en algunos aspectos aplicados. Utilizamos como cepa modelo *Microcystis aeruginosa* PCC7806, sobre la que existe una gran cantidad de información disponible.

En años anteriores estudiamos los efectos de varios factores nutricionales, como la disponibilidad de hierro, nitrato, fosfato, y ambientales, luz, estrés oxidativo, en la expresión del operon *mcy*, resposable de la síntesis de microcistina. Nuestro objetivo actual es estudiar la regulación de este operon mediada por dos reguladores transcripcionales, NtcA (regulador global del metabolismo del nitrógeno en cianobacterias) y Fur (Ferric uptake regulator). La disponibilidad de hierro, y el balance entre el metabolismo del carbono y el nitrógeno parecen ser factores fundamentales en la regulación del operon.

En este año, hemos abordado el estudio de la interacción de NtcA con el promotor central bidireccional del operon mcy. Este estudio ha llevado a cabo utilizando diversas estrategias experimentales, entre ellas el uso de SPR (Surface Plasmon Resonance). Tras fragmentar el promotor en dos partes, cada una conteniendo secuencias identificadas de unión de NtcA, hemos estudiado la interacción de este regulador con el promotor. Así mismo, hemos estudiado la interacción en presencia de diversos metabolitos, como 2-oxoglutarato y aminoácidos diversos. Se han podido medir constantes cinéticas y constantes de equilibrio. Este trabajo se completa con estudios de retardo en gel, y hay un manuscrito en preparación.

También se ha estudiado el efecto de contaminantes en la síntesis de la microcistina. Además del lindano, se han estudiado contaminantes de los llamados "emergentes", entre los que se encuentran gran número de fármacos. El lindano provoca un ligero aumento de la síntesis de la toxina, mientras que ninguno de los fármacos afectó significativamente a los niveles de microcistina en las células

Proyectos relacionados

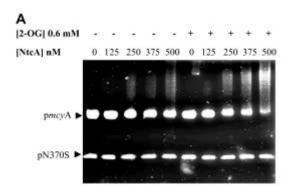
	Entidad Financiadora
Evaluación del riesgo asociado al impacto del cambio	Gobierno de Aragón, Obra Social La Caixa
climático en aguas: proliferación de patógenos	
oportunistas y cianobacterias potencialmente tóxicas	
y alteración de la fijación del CO2 atmosférico.	

Equipo investigador

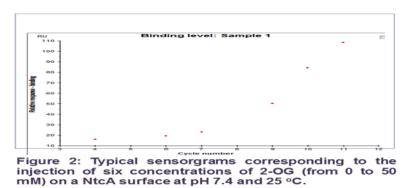
Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
María Luisa Peleato Sánchez/ Catedrático de Universidad	B18-Biología Estructural
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Laura Ceballos Laita/Contratado	B18-Biología Estructural
Laura Calvo Begueria/Contratado	B18-Biología Estructural
Noemí Bervis/Becaria predoctoral Fundación Carolina	B18-Biología Estructural

Resultados y conclusiones destacados 2012

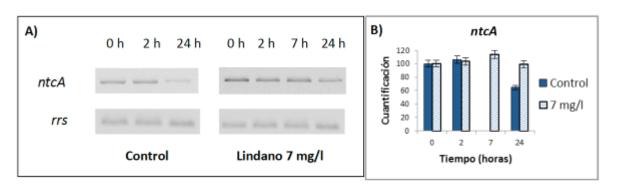
- El balance C/N regula la síntesis de microcistina



 La actividad de unión al DNA de NtcA, no solo esta regulada por 2oxoglutarato, sino que aminoacidos como glutamico y aspartico pueden modular su actividad.



- La presencia de lindano induce la expresión de los genes implicados en la síntesis de microcistina, y la expresión de *ntcA*



Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

Emma Sevilla, Beatriz Martin-Luna ,M. Teresa Bes, Maria F. Fillat and M. Luisa Peleato. An active photosynthetic electron transfer chain required for *mcyD* transcription and microcystin synthesis in *Microcystis aeruginosa* PCC7806. *Ecotoxicology*, 21, 811-819. 2012

Kuniyoshi T, Sevilla E, Bes MT, Fillat MF and Peleato ML. Phosphate deficiency in nitrogen replete conditions (N/P 40:1) induces *mcyD* transcription and microcystin synthesis in *Microcystis aeruginosa* PCC7806. Aceptado en *Journal Plant Physiology and Biochemistry*.

Laura Calvo, Ms; Irene Gregorio, Ms; Alicia García Berna, Ms; Maria Teresa Fernández, Dr; Maria Pilar Goñi, Dr; Antonio Clavel, Dr; María Luisa Peleato, Dr; María F. Fillat, Dr. A new pentaplex-nested PCR to detect five pathogenic bacteria in free living amoebae. *Water research in press* (doi:pii: S0043-1354(12)00682-3. 10.1016/j.watres.2012.09.039.)

2.3.5. Flavoenzimas: mecanismos de acción y biotecnología/Flavoenzymes: action mechanisms and biotechnology. IP. Milagros Medina

Objetivo y descripción

El objetivo es utilizar el potencial de flavoenzimas en aplicaciones biotecnológicas y terapéuticas.

Tópicos actuales:

- 1-Flavoenzimas bacterianas como potenciales dianas en el tratamiento de enfermedades causadas por microrganismos patógenos en plantas, ganado y humanos. Trabajamos con flavoenzimas implicadas en:
 - Biosíntesis de los cofactores flavínicos
 - Sistemas de transformación de energía dependientes de flavoreductasas
- 2-Flavoenzimas en mamíferos: el factor de inducción de apoptosis humano (hAIF) como potencial diana farmacológica. La comprensión de los mecanismos moleculares que subyacen detrás de patologías relacionadas con disfunciones metabólicas ha llevado a investigar nuevos enfoques terapéuticos que incluyen flavoenzimas como el factor de inducción de apoptosis.
- 3-Explorando otras flavoenzimas con interés biotecnológico.
 - La aril-alcohol oxidasa (AAO) y la degradación de lignina
 - Flavoreductasas que degradadan de compuestos tóxicos en bacterias
 - Dihidroorotato dehidrogenasa y fármacos contra tripanosomatidos

Empleamos métodos de Bioquímica, Biología Estructural y Biofísica tanto experimentales como computacionales: medidas de interacción proteína-proteína y proteína-ligando, de potenciales oxido-reducción, de la capacidad de transferir electrones en estado estacionario y resuelto en el tiempo, resolución de estructuras tridimensionales por difracción de Rayos X y métodos computacionales (docking, dinámica molecular MM y QM/MM)

Proyecto relacionado

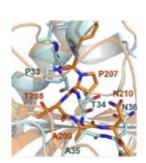
Título proyecto	Entidad Financiadora
Mecanismos catalíticos en flavoenzimas: clave para	Ministerio de Ciencia e
su utilización biotecnológica o terapéutica	Innovación

Equipo de investigación

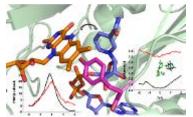
Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Sí/No Identificación Grupo
Milagros Medina Trullenque/ Catedrático	Si / B18-Biología Estructural
Investigadores implicados	
Marta Martínez Júlvez/Profesor Titular	Si / B18-Biología Estructural
Patricia Ferreira Neila/Profesor Ayudante Doctor	Si / B18-Biología Estructural
Ana Serrano Esteban/Técnico de Proyecto	Si / B18-Biología Estructural
Isaías Lans Vargas/Contratado Pre-doctoral JAE	Si / B18-Biología Estructural
Ana Sánchez Azqueta/Contratado Predoctoral FPU	Si / B18-Biología Estructural
Sonia Arilla Luna / Estudiante de Doctorado	Si / B18-Biología Estructural
Raquel Villanueva Llop / Contratado Predoctoral FPI	Si / B18-Biología Estructural

Resultados y conclusiones destacados 2012

 Identificación de tres puntos de acción para la inhibición selectiva de las FADS procariotas: i) diferencias estructurales en la actividad riboflavinquinasa, ii) formación del oligómero, y, principalmente, iii) diferente química para la actividad FMN: adenililtransferase.



Combinando métodos



experimentales y computacionales hemos propuesto un modelo a nivel atómico para el complejo catalíticamente competente en la transferencia de hidruro entre el FAD de la ferredoxina-NADP⁺ reductasa plastídica y el coenzima NADP⁺.

- Esta combinación de métodos también ha permitido concluir que AAO oxida alcoholes a aldehídos en un proceso concertado de transferencia de protón e hidruro de forma estéreoselectiva, reflejando la arquitectura del centro activo.

Difusión de logros científicos destacados

Serrano A, Frago S, Herguedas B, Martínez-Júlvez M, Velázquez-Campoy A, and Medina M. Role of key residues at the riboflavin kinase catalytic site of the bifunctional riboflavin kinase/FMN adenylyltransferase from *Corynebacterium ammoniagenes*. *Cell Biochem. Biophys.* DOI: 10.1007/s12013-012-9403-9. 2012. Impacto ISI: 3.747.

Lans I, Medina M, Rosta E, Hummer G, García-Viloca M, Lluch JM, and González-Lafont A. Theoretical study of the mechanism of the hydride transfer between Ferredoxin NADP⁺ reductase and NADP⁺. The role of Tyrosine 303. *J. Am. Chem. Soc.* 134, 20544-20553. 2012. Impacto ISI: 9.9

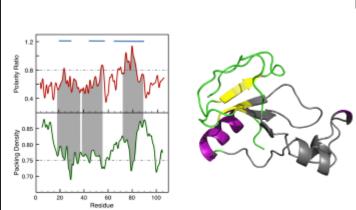
Floudas D, Binder M, Riley R, Barry K, Blanchette RA, Henrissat B, Martínez AT, Otillar R, Spatafora JW, Yadav JS, Aerts A, Benoit I, Boyd A, Carlson A, Copeland A, Coutinho PM, de Vries RP, Ferreira P, +52 autores más, Hibbett DS. The Paleozoic origin of enzymatic lignin decomposition reconstructed from 31 fungal genomes. *Science*. 336:1715-1719. 2012. Impacto ISI: 31.201.

2.3.6. Plegamiento de proteínas y diseño molecular/Protein folding and molecular design IP. Javier Sancho

G163 G162 N73 S45 A160 K108

Sitio activo de la enzima RdxA que activa el profármaco metronidazol. Se destacan los residuos de unión del cofactor FMN y un residuo de tirosina posíblemente implicado en la unión del profármaco.

En computación, hemos desarrollado un algoritmo de análisis que identifica, en estructuras de proteínas, las regiones inestables susceptibles de desacoplarse del resto de la proteína y constituir las regiones

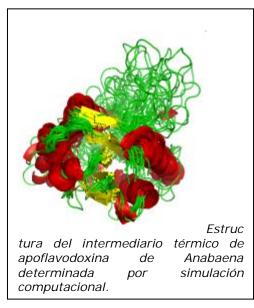


Identificación de las regiones no formadas en el estado de transición del plegamiento de la ribonucleasa barnasa. Regiones inestables reales (sombreado en gris). Regiones inestables predichas:LIPs, (barra azul).

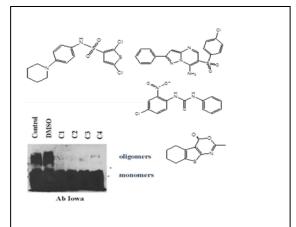
desestructuradas de los intermediarios de plegamiento de equilibrio y cinéticos. También hemos desarrollado, en colaboración con el grupo del Prof. Ventura (UAB) un algoritmo capaz de analizar proteomas completos e identificar proteínas priónicas mediante una función de puntuación de su potencial priónico. Además hemos avanzado en la implementación de un proceso de cálculo electrostático que predice el efecto

estabilizante o desestabilizante de mutaciones electrostáticas en proteínas. Finalmente, en cola-boración con el Prof. Orozco (BSC), hemos analizado computacionalmente la estructura de un intermediario de plegamiento de una proteína modelo.

En la parte biomédica, hemos descubierto compuestos que inducen selectivamente apoptosis en células madre y hemos resuelto la estructura tridimensional de una enzima implicada en la activación del profármaco metronidazol utilizado contra la bacteria Helicobacter pylori. Así mismo resuelto la estructura hemos tridimensional de una diana proteica clave de la fenilcetonuria unida a su chaperona farmacológica hemos descubierto nuevos inhibidores de la agregación del péptido beta amiloide humano con potencial uso en enfermedad Alzheimer. Finalmente realizado una nueva solicitud de patente para dichos compuestos.



En estabilidad y plegamiento de proteínas, hemos avanzado en la comprensión de la estructura de los intermediarios de equilibrio de las proteínas y en el análisis mutacional de otros intermediarios relevantes tales como el glóbulo fundido. En colaboración con el Prof. Ventura (UAB) hemos analizado el papel de



Nuevos inhibidores de la agregación del péptido amiloide beta humano.

los puentes disulfuro en la formación de fibras amiloides. Así mismo hemos determinado la velocidad de procesos de interacción proteína/ion metálico que están involucrados en el funcionamiento del receptor de lipoproteínas de baja densidad.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Convenio de colaboración	Genoma España
Estabilidad conformacional de proteínas: principios generales, análisis estabilidad función del r-LDL y búsquedad de nuevas chaperonas farmacológicas.	MICINN

Equipo de investigación

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Javier Sancho Sanz/ Catedrático	B89-Protein Targets
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Vladimir Espinosa/Contratado Laura C. López/Contratado Juan Martínez/Contratado técnico especialista Angela Rodríguez/Becario predoctoral Emilio Lamazares/Becario predoctoral Juan J. Galano/Becario Santander	B89-Protein Targets

Resultados y conclusiones destacados 2012

Se ha culminado el desarrollo del algoritmo de identificación de LIPs (light polar interfaces of proteins) que permite identificar las regiones localmente inestables de las proteínas y se han desarrollado nuevos compuestos con actividad antiagregatoria para el péptido beta amiloide humano.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

Graña-Montes R, de Groot N S, Castillo V, Sancho J, Velázquez-Campoy A, and Ventura S. Contribution of disulfide bonds to stability, folding and amyloid fibril formation: The PI3-SH3 domain case. *Antioxidant and redox signaling*. 16:1–15. 2012. Impacto ISI: 8.6

Patente

Título: Compuestos para su uso en el tratamiento de la enfermedad de Alzheimer

Autores: Sancho J, López L C, Carrodeguas J A, Ventura S.

Nº solicitud: P201231452 País de prioridad: España

Entidad titular: Universidad de Zaragoza

2.4. Área de Física

Objetivo: la investigación en Física en BIFI pretende superar las barreras que separan las disciplinas tradicionales, en un intento de abrir nuevas fronteras en campos donde la investigación de vanguardia y la innovación puedan emerger.

Responsable del Área de Física: Mario Floría

Líneas de investigación:

2.4.1. Vidrios de spín	IP Alfonso Tarancón
2.4.2. Modelos físicos de biomoléculas	IP Fernando Falo
2.4.3. Sistemas complejos y Redes	IP Yamir Moreno
2.4.4. Dinámica molecular y estructura electrónica	IP Pablo Echenique
2.4.5. Econofísica, modelos no-lineales y	IP Ricardo López-Ruíz
complejidad	

Objetivo y descripción

El objetivo de esta línea se centra en el estudio teórico de vidrios de espín, paradigma de los sistemas complejos. En particular, se hace uso del modelo de Edwards-Anderson, que de forma simple integra los dos componentes esenciales de estos materiales: frustración y aleatoriedad. El estudio se lleva a cabo mediante la aplicación de diversas técnicas computacionales, como algoritmos de Monte Carlo combinados con la técnica de Parallel Tempering, que facilitan la termalización a bajas temperaturas. Dado que las simulaciones numéricas requieren un gran número de muestras para el cálculo de los diversos observables la demanda de tiempo de computación resulta muy elevada. Sólo clusters de ordenadores o superordenadores como "Marenostrum" (Barcelona), "Caesaraugusta" (Zaragoza), "Terminus" (Zaragoza), "Memento" (Zaragoza) u ordenadores dedicados como "Janus" (Zaragoza) son capaces de satisfacer tales necesidades.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte, FIS2009-12648-C03-02, 2010-2012	MICINN
Computación avanzada en sistemas complejos y	Ministerio de Economía y
fenómenos de trasporte, FIS2012-35719-C02-02	Competitividad
SCC Computing, 2012-2013	VII Proyecto Marco UE
Extended curriculum for science infraestructure online, 2011-2014	VII Proyecto Marco UE
Scientific gateway based user, 2011-2014	VII Proyecto Marco UE

Equipo de investigación

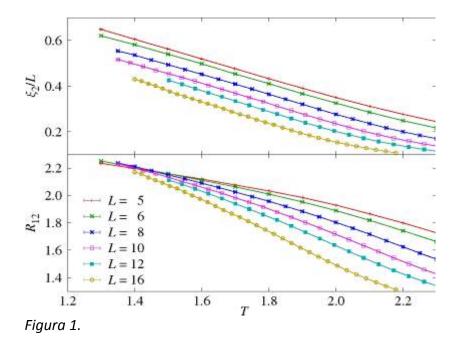
Investigador responsable/coordinador Alfonso Tarancón Lafita / Catedrático Universidad de Zaragoza	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Andrés Cruz Flor/Prof Emérito Luis Antonio Fernández Pérez/UCM Victor Martín Mayor/UCM Juan Jesús Ruiz Lorenzo/UNEX David Íñiguez / ARAID. UZ David Yllanes/UI di Roma Raquel Álvarez Baños/Predoctoral José Miguel Gil NaBe rvión/Predoctoral Antonio Gordillo Guerrero/UNEX Marco Guidetti/ U.di Ferrar Andrea Maiorano/U. di Roma Jorge Monforte García/UZ Sergio Pérez Gaviro/UZ Beatriz Seoane/UCM	NA NA NA NA NA E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos NA NA E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos NA NA NA E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos

Resultados y conclusiones destacados 2012

Los principales resultados de la linea de investigación se obtuvieron en el estudio del modelo de Edwards-Anderson en cuatro dimensiones en presencia de un campo magnético externo. El objetivo de este estudio consistió en determinar si el modelo presenta una transición de fase para una determinada temperatura, como predice la solución RSB ("replica symmetry breaking"), o si por el contrario, el campo magnético externo destruye tal transición (modelo "droplet"). Para ello se realizaron simulaciones de sistemas con distinto tamaño, hasta llegar a un retículo L=16 (simulado en el ordenador dedicado Janus), y a distintas temperaturas, haciendo uso del algoritmo de "Parallel Tempering", que además permite una termalización más rápida del sistema. La longitud de correlación, definida en términos de la transformada de Fourier de la función de correlación a los dos momentos más bajos:

$$\xi_2 = \frac{1}{2\sin(\pi/L)} \left(\frac{\widehat{G}(0)}{\widehat{G}(k_1)} - 1 \right)^{1/2}$$

debe presentar cortes entre los diferentes tamaños de sistema a la temperatura crítica. Sin embargo, estudios anteriores concluían que tal punto de corte no existía, como se muestra en el panel superior de la Figura 1. Algunos autores, trabajando en modelos unidimensionales con interacciones a largo alcance, han ofrecido una posible explicación, que argumenta que el el propagador o transformada de Fourier se comporta de modo anómalo para el modo k=0, resultando en fuertes correcciones de escala.



Dado que la longitud de correlación no ofrece una buena descripción, se utilizó una aproximación al problema diferente, en la que se consideró una nueva magnitud definida en términos de los propagadores a primer y segundo momento:

$$R_{12} = \frac{\widehat{G}(k_1)}{\widehat{G}(k_2)}$$

y representada en el panel inferior de la Figura 1. Como se evita el modo k=0, se espera que las correcciones de escala sean menores. En efecto, esta magnitud presenta puntos de corte entre los diferentes retículos, lo que permitió estimar la temperatura de transición para diferentes valores del campo magnético externo, y posteriormente trazar un esquema del espacio de fases (T,h), haciendo uso del scaling de Fisher-Sompolinsky.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

R. A. Baños, A. Cruz, L. A. Fernandez, J. M. Gil-Narvion, A. Gordillo-Guerrero, M. Guidetti, D. Iñiguez, A. Maiorano, E. Marinari, V. Martin-Mayor, J. Monforte-Garcia, A. Muñoz Sudupe, D. Navarro, G. Parisi, S. Perez-Gaviro, J. J. Ruiz-Lorenzo, S. F. Schifano, B. Seoane, A. Tarancon, P. Tellez, R. Tripiccione, D. Yllanes

Thermodynamic glass transition in a spin glass without time-reversal symmetry. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 109, 17, 6452-6456 (2012).

2.4.2. Modelos físicos de biomoléculas/Physical modelling of biomoleculas. IP Fernando Falo

Objetivo y descripción

El grupo de Modelado Físico de Biomoléculas se articula en torno a tres grupos de investigación que comparten el mismo enfoque en el estudio de la física de moléculas biológicas, así como en las técnicas de análisis mediante la mecánica estadística.

Grupo de Antonio Rey (UCM):

Utilizamos un método de simulación molecular y modelos de grano grueso (coarse- graining) para explorar el proceso de plegamiento de proteínas.

Diseñamos estos modelos para analizar los aspectos estructurales, termodinámicas y cinéticas del proceso. La parte más importante de este diseño es el potencial de interacción que produce la estructura plegada. En los últimos años, hemos estado utilizando principalmente potenciales basados en la estructura nativa. Se consideran los contactos presentes en la estructura nativa para definir interacciones atractivas a lo largo de la simulación. Hemos estudiado diferentes modelos que combinan los potenciales nativos con potenciales de campo medio para tener en cuenta la secuencia química de la proteína. Asimismo hemos introducido potenciales para describir los enlaces de puente de hidrógeno.

La técnica utilizada para estudiar la transición térmica entre los estados plegados y los estados desplegados es la simulación Montecarlo mediante el método denominado de "parallel tempering". Nuestro trabajo involucra un importante componente metodológico, mediante la disección de los diferentes aspectos físicos y matemáticos que intervienen en los modelos de simulación. Al hacer esto, hemos sido capaces de crear modelos que pueden ser usados para aprender acerca de los procesos de plegamiento de proteínas en diferentes sistemas interesantes: sistemas de dos estados y proteínas plegadoras "downhill", proteínas con intermedios termodinámicas, proteínas anudadas; proteínas bajo presión, o la competencia entre el plegamiento de proteínas y la agregación.

Grupo de Pierpaolo Bruscolini:

Se aplican modelos "coarse-graining" y métodos de la mecánica estadística para el problema de plegamiento de proteínas, el diseño de proteínas y la secuenciación, buscando el mejor equilibrio entre la precisión cuantitativa de las predicciones (que aumenta con la complejidad del modelo) y la viabilidad en términos de costos y tiempo de cálculo (creciente con la sencillez del enfoque).

- a) plegamiento de proteínas: utilizamos modelos gaussianos de red y modelos binarios como el propuesto por Finkelstein y colaboradores (PNAS, 96,11299, 1999) y sobre todo el propuesto por Wako y Saito y por Muñoz y Eaton (WSME, Wako, Saito, J. Phys. Soc. Japan, 44,1931,1978; Muñoz, Eaton PNAS, 96,11311,1999), para el que se puede dar una solución exacta (PRL, 88, 258101, 2002).
- b) Diseño de proteínas: nos ocupamos de diseño de proteínas como un proceso de optimización, en determinada de la columna, sobre la elección de los aminoácidos y sus rotámeros a ser dispuestos en la secuencia de la proteína. Nuestros resultados sugieren que es importante para dar cuenta de la entropía para diseñar secuencias óptimas, y que las secuencias optimizadas con respecto a la energía libre no se puede predecir fácilmente consultando la lista clasificada de las secuencias optimizadas de acuerdo con la energía. Estamos interesados en desarrollar el método más, utilizando los diferentes campos de fuerza de la energía de los rotámeros.
- c) Proteínas Secuenciación: estamos interesados en la secuenciación "de novo" por espectrometría de masas, y se ha propuesto un nuevo algoritmo, T-NovoMS, que se basa en el mapeo de la secuencia de un péptido en la termodinámica de un sistema unidimensional.

Grupo de Fernando Falo:

Usamos modelos mesoscópicos a diferentes escalas para resolver problemas en diferentes sistemas biológicos:

a) Transporte por motores moleculares. Investigamos el transporte de cargos en el interior celular mediante motores procesivos direccionales (kinesina y dineína). Nuestro trabajo se ha centrado en el estudio de la influencia de las interacciones de motor a motor en el transporte

multimotor. También hemos analizado estos efectos en la competencia entre los motores de polaridad diferente ("tug of war").

- b) Translocación de polímeros. El paso a través de membranas de polímeros es un fenómeno importante tanto desde el punto de vista de los procesos biológicos y tecnológicos. Estamos desarrollando modelos de translocación impulsados por fuerzas dependientes del tiempo (determinística o estocástica) para simular un motor molecular. Se propone aplicar estos modelos para el problema de empaquetamiento del ADN en bacteriófagos.
- c) interacción proteína-DNA. Hemos desarrollado un modelo mesoscópico de desnaturalización del ADN (Phys. Rev. E, 82, 031 916 (2010)) basados en el modelo de Bishop-Dauxois-Peyrard. A partir de este modelo, hemos propuesto un potencial para la interacción proteína-ADN para la localización de sitios de unión en los promotores.

El estudio de estos modelos se realiza mediante exhaustivas simulaciones numéricas, principalmente por Langevin dinámica molecular.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Modelos físicos para la simulación de	Ministerio de Ciencia e Innovación. Proyecto
tránsitos conformacionales en proteínas.	FIS2009-13364-C02-02
Redes, Biofísica y Ciencia No Lineal.	Ministerio de Ciencia e Innovación. (FIS2011-25167)
Química a alta presión, QUIMAPRES	Comunidad de Madrid. Proyecto S2009/PPQ- 1551
Grupo de Investigación: Física Estadística y No Lineal.	Gobierno de Aragón E19
Acercamiento computacional a la complejidad en redes, proteínas, y sistemas de muchos agentes.	Ministerio de Ciencia e Innovación, FIS2009- 13364-C02-01
Grupo de Investigación : Biocomputación y Física de Sistemas Complejos	Gobierno de Aragón E24/3

Equipo de investigación

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Fernando Falo Forniés, Profesor Titular	E17-Grupo de Física Estadística y no lineal
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Pierpaolo Bruscolini Profesor Contratado Doctor. Antonio Rey Gayo, Profesor Titular, Universidad Complutense de Madrid (UCM) Ramiro Perezzan, Estudiante de Doctorado (UCM) Vicente Charro, Estudiante de Máster (UCM)	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Rafael Tapia Rojo, Estudiante de Doctorado, Becario DGA	E17-Grupo de Física Estadística y no lineal

Resultados y conclusiones destacados 2012

1.- Hemos sido capaces de utilizar estos modelos para obtener diagramas esquemáticos de fase que muestra el comportamiento de los péptidos con secuencias diferentes en función tanto de la temperatura y la concentración. Hemos calculado también el diagrama de fases de una proteína globular como una función de una presión efectiva y la temperatura, que muestra el aspecto a altas presiones de un estado hinchado.

Perezzan, R., Rey, A.. "Simulating protein unfolding under pressure with a coarse-grained model". *J. Chem. Phys.* **137**, 185102-1 – 185102-10.

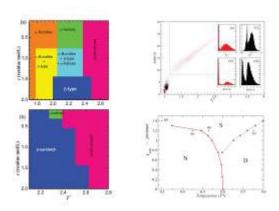
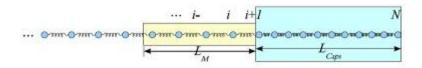


Diagrama de fases del modelo propuesto en el artículo.

2.- Hemos modelado la translocación forzada de un polímero a través de un poro mediante simulación de dinámica molecular de Langevin. Con este modelo somos capaces de entender algunas de las propiedades del motor de empaquetamiento del DNA en el bacteriófago φ 29.

Fiasconaro A, Mazo JJ, Falo F. Michaelis-Menten dynamics of a polymer chain out of a dichotomous ATP-based motor. *New Journal of Physics*, **14** 023004 [12 pp]. 2012 . Impacto ISI: 4.177



Esquema del modelo de motor molecular y cápside propuesto en el artículo.

3.- Demostramos la existencia una selección evolutiva para el plegamiento rápido de proteínas, aunque es un efecto pequeño, comparado con la necesidad de estabilidad frente a la desnaturalización y el plegamiento en estructuras equivocadas.

Bastolla U., Bruscolini P., Velasco J. L., Sequence determinants of protein folding rates: Positive correlation between contact energy and contact range indicates selection for fast folding. *Proteins: Structure, Function and Bioinformatics.* 80 (9), 2287-2304 (2012)

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

Fiasconaro A, Mazo JJ, Falo F. Michaelis-Menten dynamics of a polymer chain out of a dichotomous ATP-based motor. *New Journal of Physics*, **14** 023004 [12 pp]. 2012 . Impacto ISI: 4.177

Perezzan, R., Rey, A.. "Simulating protein unfolding under pressure with a coarse-grained model". *J. Chem. Phys.* **137**, 185102-1 – 185102-10. IF = 3.333

Bastolla U., Bruscolini P., Velasco J. L., Sequence determinants of protein folding rates: Positive correlation between contact energy and contact range indicates selection for fast folding. *Proteins: Structure, Function and Bioinformatics.* 80 (9), 2287-2304 (2012)

2.4.3. Sistemas complejos y Redes/Complex Systems and networks IP Yamir Moreno

Objetivo y descripción

El objetivo de esta línea es estudiar la dinámica y estructura de redes y sistemas complejos en sistemas naturales, biológicos, tecnológicos y sociales.

La metodología que se usa es aquella de la Física Estadística, la Teoría de Redes Complejas, Dinámica No lineal y Teoría de la Complejidad. El método de trabajo incluye aproximaciones analíticas y en la mayoría de los casos simulaciones numéricas extensivas.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
REDES, BIOFISICA Y CIENCIA NO LINEAL	Ministerio de Economía y
	Competitividad. FIS2011-25167
Mathematical framework for multiplex networks (PLEXMATH)	European Union. Project 317614.
Foundational Research on multilevel complex networks and systems (MULTIPLEX).	European Union. Project 317532.

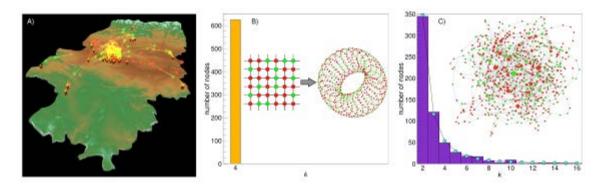
Equipo de investigación

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Yamir Moreno	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Luis Mario Floría Jesús Gómez Gardeñes	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL) E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Joaquín Sanz Remón	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Emanuele Cozzo Javier Borge Holthoefer	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL) E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Sandro Meloni	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Pablo Piedrahita Alessio Cardillo	E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL) E19. Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)

Resultados y conclusiones destacadas 2012

En la Línea de Redes y Sistemas Complejos, se ha trabajado tanto en modelos generales como en sus aplicaciones en diferentes áreas. A continuación se resumen las actividades principales realizadas en esta línea, divididas por subtemas.

Sociofísica: En el marco del modelo de Axelrod de transmisión cultural, se ha introducido una variable, la tolerancia, cuyos efectos sobre la tensión globalización-multiculturalidad se han estudiado en dos escenarios diferentes de plasticidad de la red de contactos culturales: En el primero de ellos, se ha encontrado que los rasgos culturales tolerantes poseen ventaja selectiva, de modo que predominan en la cultura global resultante. En el segundo, mientras valores intermedios de la tolerancia favorecen el multiculturalismo, tanto las sociedades muy tolerantes como las muy intolerantes favorecen la globalización cultural.

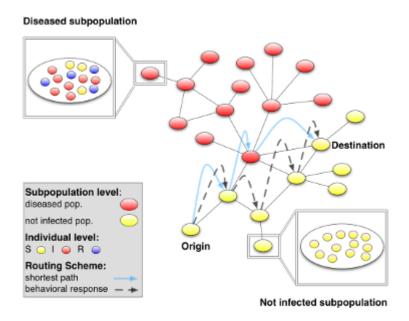


Teoría Evolutiva de Juegos: Se han proseguido los estudios sobre evolución de la cooperación en redes de grado heterogéneo, incluyendo limitación al número de juegos permitidos para los agentes por unidad de tiempo. Asimismo, estos estudios se han generalizado a juegos grupales como el juego de los bienes públicos. En este ámbito se ha estudiado la influencia que la correlación entre la estructura de los grupos donde los individuos juegan y los patrones de contactos de la red subyacente tiene en el desarrollo y la emergencia de la cooperación. Es de destacar que hemos realizado con éxito el mayor experimento sobre dilemas sociales hecho hasta la fecha (ver Figura adjunta). Para ello diseñamos una plataforma computacional que ha permitido que 1300 estudiantes de Bachiller realizaran el experimento simultáneamente. Los resultados ya han sido publicados en una de las revistas científicas más importantes del mundo (PNAS USA), y es de espera que tengan gran impacto por la novedad de los mismos (por ejemplo, el experimento en redes heterogéneas es único en el mundo). Finalmente, recientemente se ha iniciado el estudio de la dinámica evolutiva de la cooperación en redes multicapas, encontrando un importante incremento de la cooperación, debido al desarrollo de correlaciones no triviales entre la estrategias que un individuo desarrolla simultáneamente en diferentes capas de la red.

Sincronización: En este apartado hemos avanzado considerablemente en la comprensión de la relación entre la estructura de interacciones de una red compleja y la emergencia de estados sincronizados en ella. Para ello hemos tomado como marco teórico el modelo de osciladores de fase acoplados de Kuramoto. En primer lugar hemos llevado acabo un estudio exhaustivo de los patrones microscópicos que permiten la formación de clústeres sincronizados

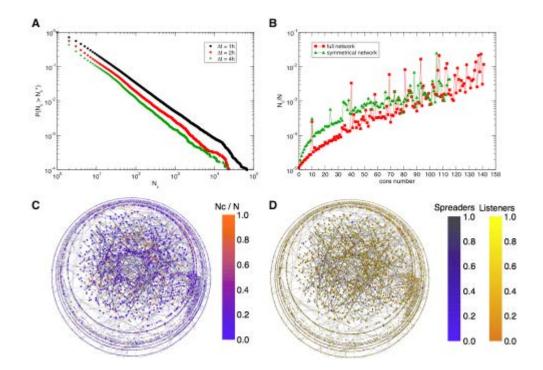
justo antes del punto crítico de sincronización. Esto nos ha permitido corroborar resultados previos con una precisión y estadística mucho mayor que los estudios llevados a cabo hasta la fecha. Seguidamente, estudiamos como modificar las propiedades críticas de la transición al estado de sincronización. Para ello, acoplamos las propiedades estructurales y dinámicas de cada oscilador, creando una correlación positiva entre el número de interacciones y la frecuencia interna de cada oscilador. En este estudio demostramos numérica y analíticamente que la transición de fase se convierte en explosiva (primer orden) mostrando regímenes de bi-estabilidad y fenómenos de histéresis. Este estudio ha supuesto la generalización del fenómeno de percolación explosiva en el ámbito de sincronización abriendo la puerta a su exploración experimental. En este ámbito hemos podido llevar a cabo un estudio sobre sincronización explosiva de cáoticos (Rössler) donde demuestra ٧ experimentalmente la existencia de ese fenómeno.

Redes Adaptativas: En este ámbito hemos estudiado la emergencia de patrones estructurales en sistemas complejos adaptativos. En primer lugar, hemos caracterizado al formación en redes de osciladores de Kuramoto donde el grado de sincronización entre osciladores regula la intensidad de su acoplo. Para ello hemos incorporados dos mecanismos ampliamente estudiados en redes neuronales: refuerzo Hebbiano (los nodos sincronizados tienden a aumentar su acoplo) y el principio homeo-estático (la intensidad del acoplo total de un oscilador con su entorno permanece constante). La competición de estos dos mecanismos adaptativos da lugar a la emergencia de patrones libres de escala y modularidad, que de manera recurrente se encuentran en redes de interacciones cortico-corticales. En segundo lugar hemos explorado la incorporación de redes adaptativas en sistemas de tráfico. De esta manera hemos conseguido aumentar, de manera auto-organizada, el punto crítico de congestión del sistema sin necesidad de establecer un tipo concreto de protocolo de transporte de información entre los nodos de una red.



Modelos epidemiológicos: Durante este año se ha continuado prestando especial atención al estudio de procesos de propagación de epidemias en sistemas de transporte. Como recientemente se ha demostrado con la epidemia de gripe A (H1N1), la globalización de los sistemas de transporte modernos hace

posible que hoy en día una enfermedad se propaque en pocos días, algo que sólo unas decenas de años atrás hubiera tardado mucho más tiempo. El resultado es que la sociedad moderna está expuesta como nunca a este tipo de amenazas, por lo que su estudio es de vital importancia. En particular, nuestro grupo ha desarrollado un modelo matemático novedoso (ver figura) que tiene en cuenta más detalles sobre los mecanismos de propagación de la enfermedad y cómo influyen los cambios de comportamiento de la población en la evolución de la misma. Actualmente se continúa trabajando en esta línea para refinar aún más nuestros modelos implementando, además, nuevos mecanismos que tengan en cuenta la posibilidad de que diferentes enfermedades interaccionen entre si. En este apartado, cabe destacar el reciente lanzamiento de la plataforma computacional Gripenet.es, que tiene como objetivo monitorizar en tiempo real la incidencia de la gripe estacional en España a través de la participación desinteresada y anónima de ciudadanos voluntarios. Esta plataforma es parte de un consorcio europeo (Influenzanet.eu) que incluye países como Portugal, Reino Unido, Francia, Italia y Holanda, entre otros.



Estructura y Dinámica de Redes Sociales on-line: En un contexto internacional de desasosiego económico, social y político, nuestro grupo ha iniciado una línea de investigación que pretende comprender cómo las herramientas de la Web 2.0, y en especial las redes sociales, facilitan el intercambio y la formación de opiniones entre individuos. Los eventos ocurridos desde mayo de 2011 en España, vertebrados alrededor de la red de Twitter, han permitido al grupo no sólo estudiar un sistema social complejo real --lo cual ya es en sí mismo un avance-- sino un sistema sometido a tensiones y cambios bruscos, como consecuencia de los sucesos acaecidos en esas semanas. Fruto de esta oportunidad se han establecido nuevas colaboraciones interdisciplinares con universidades de primer nivel internacional (Oxford, M.I.T.). Así, hemos podido determinar cómo operan los mecanismos de "reclutamiento" –mediante usuarios políticamente concienciados repartidos en toda la topología-- y los mecanismos de centralización y difusión de la información --mediante usuarios "clave"

ubicados en el núcleo mejor conectado de la red, capaces de distribuir información que alcance a todo el sistema de forma eficiente y rápida (ver Figura). El acceso a datos reales multiplica los temas de investigación relevantes, que el grupo pretende continuar abordando en el futuro.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Como resultado del trabajo realizado, se han publicado 23 artículos científicos este año, lo cual constituye por una parte un logro importante y por otra una medida objetiva de la importancia y actualidad de la investigación en esta línea no sólo en el BIFI, sino a nivel Nacional e Internacional, siendo nuestro grupo una referencia indudable. De hecho, este año uno de los artículos publicados por el grupo continúa siendo *el artículo científico más citado de la Universidad de Zaragoza* en toda su historia (más de 2000 citaciones).

Otro logro destacable es la obtención de dos proyectos europeos, un STREP y un IP, ambos en la misma Call (se otorgaron sólo 9) del programa FP7, ICT Fet Proactive.

A continuación se enumeran algunas de las publicaciones en esta línea:

- E. Cozzo, A. Arenas, and Y. Moreno. Stability of Boolean Multilevel Networks. *Physical Review E*, 86, 036115. 2012.
- C. Gracia-Lázaro, A. Ferrer, G. Ruíz, A. Tarancón, J. A. Cuesta, A. Sánchez, and Y. Moreno. Heterogeneous networks do not promote cooperation when humans play a Prisoner's Dilemma. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 109, 12922-12926. 2012.
- J. Borge-Holthoefer, A. Rivero, and Y. Moreno. Locating privileged information spreaders during political protests on an Online Social Network. *Physical Review E* 85, 066123. 2012.

2.4.4. Dinámica molecular y estructura electrónica/Molecular dynamics and electronic structure IP Pablo Echenique

Objetivo y descripción

En el grupo de "Molecular Dynamics and Electronic Structure" se estudian desde un gran número de ángulos las teorías físicas y químicas, así como los métodos numéricos asociados, que permiten el estudio teórico de sistemas moleculares con poder predictivo y alta precisión. Entre la gran multitud de líneas perseguidas por los miembros del grupo, cabe destacar las siguientes: Análisis teóricos y cálculo numérico con DFT de sistemas moleculares de interés en ciencia de materiales y catálisis. Fundamentos y aplicación a moléculas y nanoestructuras de métodos basados en TDDFT, con especial interés en la respuesta a irradiación por láseres de gran intensidad. Combinación de TDDFT con la teoría cuántica de control óptimo para preparar estados de la materia con valores concretos de ciertas propiedades. Estudio y diseño de nuevos métodos de dinámica molecular mixta clásico-cuántica, con especial énfasis en sistemas moleculares abiertos, y sus propiedades de equilibrio, así como su

comportamiento dinámico y el uso de las herramientas de la mecánica cuántica geométrica para el análisis de este tipo de problemas. Estudio de anomalías en mecánica cuántica no relativista en los teoremas del virial, de Hellmann-Feynman, y otras identidades entre valores esperados. Cálculos de química cuántica de alta precisión en péptidos y su difusión mediante principios de datos abiertos, en formatos comunes y semánticamente enriquecidos. Estudio de la imposición de ligaduras en sistemas moleculares y su influencia en las propiedades de equilibrio de los mismos. Análisis de transporte electrónico en circuitos mesoscópicos y nanoscópicos utilizando métodos de mecánica cuántica y teoría de matrices aleatorias.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Bases de datos de resultados	Fundación ARAID
computacionales en química y biología	
molecular	
Time dynamics and ContROI in	European Unión - FP7
naNOStructures for magnetic recording	
and energy applications (CRONOS)	
Computación avanzada en materiales	MICINN
y fenómenos de transporte	

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Pablo Echenique/Científico Titular del CSIC	E24/3- Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Alberto Castro/Científico contratado por la Fundación ARAID Jesús Clemente Gallardo/Profesor Contratado Doctor (UZ) Víctor A. Gopar/ Profesor Titular Víctor Polo Ortiz / Profesor Titular de Universidad (UZ) Fernando Falceto/Profesor Titular de Universidad (UZ)	E24/3- Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos E24/1-Física matemática y Teoría de campos E24/3- Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos E07-Catalisis homogenea por Compuestos Organometalicos

Resultados y conclusiones destacadas 2012

 Resultado 1. Se llevó a cabo un trabajo en el que se definió un potencial efectivo para los núcleos que contiene la información correspondiente a los estados excitados electrónicos, cada uno con su correcto peso de Boltzmann.

El modelo resultante, consistente en los núcleos evolucionando en la superficie clásica definida por dicho potencial efectivo, produce la correcta mecánica estadística esperable de un sistema mixto clásico-cuántico y presenta modificaciones tanto en las barreras entre estados como en los correspondientes tiempos de transición con respecto a la habitual aproximación de Born-Oppenheimer del estado fundamental.

Se demostró que las correcciones introducidas por dicho potencial a temperatura distinta de cero modifican magnitudes medibles en moléculas pequeñas, como su expansión térmica o las tasas de reacción.

En otro trabajo, se ha probado que la dinámica de sistemas mixtos clásicocuánticos permite considerar, cuando se considera desde un punto de vista estadístico, efectos sobre los subsistemas cuánticos que tienen los mismos efectos que la decoherencia.

- Resultado 2. La teoría de control óptimo cuántico (QOCT) proporciona las herramientas necesarias para, desde un punto de vista teórico, diseñar campos externos capaces de controlar sistemas cuánticos, y dirigirlos hacia objetivos prefijados, o dirigirlos por una determinada ruta en el espacio de Hilbert. Esta teoría debe complementarse con un modelo adecuado al sistema físico concreto. En el caso concreto de sistemas multi-electrónicos irradiados con pulsos láser, la solución completa de la ecuación de Schrödinger dependiente del tiempo no puede obtenerse en general. Si queremos trabajar desde primeros principios, una opción adecuada para el modelado es la teoría del funcional de la densidad dependiente del tiempo (TDDFT). Hemos establecido las ecuaciones que combinan la QOCT con la TDDFT, y hemos implementado estas ecuaciones en una plataforma computacional (octopus), demostrando su practicidad numérica.
- Resultado 3. En cuanto a la línea de investigación sobre transporte electrónico, se han estudiado el efecto del desorden tipo Lévy en la conductancia a través de hilos cuánticos, así como efectos de delocalización electrónica en el transporte.
- Resultado 4. Estudios teóricos sobre estructura electrónica y reactividad química en catálisis homogénea: activación y funcionalización de amoníaco. La activación del amoníaco es un proceso de gran interés en la química moderna debido a su fácil obtención mediante procesos industriales de tipo Haber-Bosch y su posible uso para funcionalizar moléculas orgánicas y sintetizar derivados nitrogenados de alto valor añadido mediante reactivos de bajo coste. Utilizando métodos teóricos basados en la teoría del funcional de la densidad (DFT) y en colaboración con grupos experimentales se ha diseñado un catalizador organometálico capaz de activar la molécula de amoníaco en condiciones suaves.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

A continuación se citan los logros más destacados de los 4 resultados comentados en el punto anterior.

- J. L. Alonso, A. Castro, J. Clemente-Gallardo, P. Echenique, J. J. Mazo, V. Polo, A. Rubio, y D. Zueco, Non-adiabatic effects within a single thermally-averaged potential energy surface: Thermal expansion and reaction rates of small molecules, J. Chem. Phys. 137 (2012) 22A533.
- A. Castro, J. Werschnik, and E. K. U. Gross, Controlling the Dynamics of Many-Electron Systems from First Principles: A Marriage of Optimal Control and Time-

Dependent Density-Functional Theory, Physical Review Letters 109, 153603 (2012).

Fernando Falceto and Victor A. Gopar, Conductance through quantum wires with Levy-type disorder: universal statistics in anomalous quantum transport, EPL 92, 57014 (2010).

2.4.5. Econofísica, modelos no-lineales y complejidad/Econophysics, nonlinear models and complexity IP Ricardo López-Ruíz

Objetivo y descripción

El objetivo general de esta línea de investigación es el estudio de Sistemas complejos en su más amplio sentido y los objetivos específicos:

- Análisis de los regímenes dinámicos que aparecen en diferentes modelos estadísticos que hemos propuesto en los últimos años y que se enmarcan dentro de la econofísica, bien sean de tipo determinista o bien sean de tipo aleatorio, y otros caen dentro de la física estadística clásica tal como puede ser un nuevo modelo de gas ideal que acabamos de publicar.
- Continuación del estudio y posibles aplicaciones de diferentes modelos discretos construidos con mappings caóticos, algunos de los cuales han sido propuestos en un contexto de dinámica de poblaciones, otros en un contexto de neuro-computación y otros en un contexto de criptografía caótica.
- Estudio de la complejidad en diferentes sistemas físicos, desde sistemas fuera del equilibrio hasta sistemas cuánticos. Preveemos además en este apartado poder abordar el problema de aplicar estos indicadores de complejidad a otros sistemas multicomponente tal como pueden ser las proteínas.

Por su parte, dentro de esta línea, Ricardo López-Ruiz lleva adelante su investigación sobre Complejidad Estadística y Econofísica en colaboración con diversos investigadores: Jaime Sañudo de la Univ. de Extremadura, José Luis López de la Univ. Pública de Navarra, Carmen Pellicer-Lostao de la Univ. de Zaragoza, Elvira Romera de la Univ. de Granada, Danièle Fournier-Prunaret del INSA de Toulouse (Francia), Mario Cosenza de la Univ. de los Andes (Mérida, Venezuela) y Javier González-Estévez de la UNET (Táchira, Venezuela).

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Acercamiento computacional a la complejidad en	MICINN - 2010-2013
redes, proteínas, y sistemas de muchos agentes	

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Ricardo López-Ruiz	E24/3- Biocomputación y Física de Sistemas Complejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Jaime Sañudo/Catedrático Univ. Extremadura	NO
José-Luis López/Catedrático Univ. Pub. Navarra	NO
Carmen Pellicer-Lostao/ Dr. Univ. Zaragoza	NO

Resultados y conclusiones destacados 2012

- Nuevo modelo en econofísica.
- Nuevo modelo en gases ideales.
- Cálculo complejidad en un modelo de sólidos

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Además, hay que mencionar que una de nuestras publicaciones en Open Access (R. López-Ruiz and J.R. Sánchez, Complexity and Stochastic Synchronization in Coupled Map Lattices and Cellular Automata, STOCHASTIC CONTROL, C. Myers (Ed.), Ch. 4, pp. 59-79, Sciyo Books, 2010) ha recibido hasta la fecha más de 6000 descargas, que otra publicación (R. López-Ruiz, J. Sañudo, E. Romera and X. Calbet, Statistical Complexity and Fisher-Shannon Information: Applications, STATISTICAL COMPLEXITY, K.D. Sen (Ed.), Ch. 4, pp. 65-127, Springer Books, 2011) forma parte de un monográfico de la editorial Springer sobre el tema Complejidad Estadística, lo cual es una prueba objetiva de que la visibilidad de nuestros resultados está ya consolidada y directamente ya son parte del cuerpo del conocimiento y una referencia en nuestro campo de trabajo, y que otra nueva publicación en Open Access (C. Pellicer-Lostao and R. López-Ruiz, Notions of Chaotic Cryptography: Sketch of a Chaos based Cryptosystem, APPLIED CRYPTOGRAPHY AND NETWORK SECURITY, J. Sen (Ed.), Ch. 12, pp. 267-294, Sciyo Books, 2012) ha recibido hasta la fecha cerca de 2000 descargas, en una temática novedosa que ha dado lugar a la lectura de una tesis doctoral.

Publicaciones

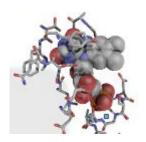
J.L. López, R. López-Ruiz and X. Calbet. Exponential Wealth Distribution in a Random Market. A Rigorous Explanation. *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 386, 195-204. 2012.

Shivanian and R. López-Ruiz. A New Model for Ideal Gases. Decay to the Maxwellian Distribution. *Physica A* 391, 2600-2607. 2012.

J. Sañudo and R. López-Ruiz. Calculation of Statistical Entropic Measures in a Model of Solids. *Physcis Letters A.* 376, 2288-2291 2012.

2.5. Área de Biofísica

Objetivo: utilización de herramientas y metodologías computacionales y experimentales en un entorno multidisciplinar para comprender el comportamiento de sistemas biológicos, desde moléculas (proteínas, ácidos nucleicos, ...) hasta organismos y ecosistemas, desde una perspectiva cuantitativa, con aplicación en biología, biotecnología y biomedicina.



Responsable del Área de Biofísica: Adrián Velázquez Campoy

Líneas de investigación:

2.5.1. Plegamiento de proteínas y diseño molecular	IP Javier Sancho
2.5.2. Flavoenzimas: mecanismos de acción y	IP Milagros Medina
biotecnología	
2.5.3. Glicosiltransferasas e hidrolasas implicadas	IP Ramón Hurtado
en enfermedades humanas	
2.5.4. Redes y sistemas complejos	IP Yamir Moreno
2.5.5. Modelos físicos de biomoléculas	IP Fernando Falo
2.5.6. Dinámica molecular y estructura electrónica	IP Pablo Echenique
2.5.7. Interacciones biomoleculares	IP Adrián Velázquez

Descripción de las líneas de investigación y sus logros en 2012

2.5.1. Plegamiento de proteínas y diseño molecular/Protein folding and molecular design IP Javier Sancho

Ver en área de Bioquímica

2.5.2. Flavoenzimas: mecanismos de acción y biotecnología/Flavoenzymes: action mechanisms and biotechnology IP Milagros Medina

Ver en área de Bioquímica

2.5.3. Glicosiltransferasas e hidrolasas implicadas en enfermedades humanas/Glycosyltransferases and hydrolases involved in human diseases IP Ramón Hurtado

Objetivo y descripción

Esta línea de investigación se centra en el estudio de enzimología estructural de enzimas involucradas en enfermedades humanas que procesan carbohidratos y desarrollo de inhibidores para tratar las patologías en las que están involucradas

Nuestro grupo está interesado en el estudio de glicosiltransferasas, hidrolasas y proteínas de unión a carbohidratos que están involucradas en enfermedades humanas. Usamos la cristalografía de rayos-X como herramienta principal y la complementamos con estudios de enzimología, de inhibición, etc, para dilucidar los mecanismos catalíticos de las enzimas que están involucradas en la síntesis y degradación de glicoconjugados, oligo y polisacáridos (Hurtado-Guerrero R et al, Biochemical Journal, 2010; Hurtado-Guerrero R et al, Current Opinion in Chemical Biology, 2012; Hurtado-Guerrero R et al, EMBO J, 2008).

Actualmente trabajamos en glicosiltransferasas tan dispares como PoFUT1, PoFUT2, B3GALTL o ppGalNAc transferasa. También somos activos en otras áreas no relacionadas con la Glicobiología y recientemente hemos descrito la primera estructura de la fenilalanina hidroxilasa en complejo con una chaperona farmacológica. Las implicaciones de nuestros estudios son y serán muy importantes para el desarrollo de nuevos tratamientos para enfermedades humanas.

Por último también estamos interesados en elucidar las coordenadas de reacción y los mecanismos moleculares mediante el uso de análogos del estado de transición o por la obtención de complejos de Michaelis.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
O-fucosilación de proteínas: buscando	MICINN-MEC
inhibidores para la leucemia linfática celular	
aguda y para la esclerosis múltiple. BFU2010-	
19504 (subprograma BMC)	

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Ramón Hurtado-Guerrero/Investigador ARAID	B89-Protein Targets
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Erandi Lira-Navarrete/Becario Jessika Valero-Gónzalez/Becario Ainoa Figureola-Conchas/Becario	B89-Protein Targets B89-Protein Targets B89-Protein Targets

47

Resultados y conclusiones destacadas 2012

Lo más destacado de este año por parte de nuestro grupo son las siguientes resultados:

- Hemos descrito la primera estructura de la fenilalanina hidroxilasa humana en complejo con una chaperona farmacológica. Además demostramos que la chaperona no solamente estabiliza a mutantes inestables de fenilanina hidroxilasa (descrito anteriormente, ver Pey AL, Journal of Clinical Investigation, 2008) sino que además la ayuda a replegar más rápidamente una vez desplegada. Estos estudios contribuirán al diseño racional de compuestos más potentes para tratar la Fenilcetonuria.
- En colaboración con Prof. van Aalten hemos contribuido a la caracterización de GBPA de V. cholerae. Esta proteína es un factor de virulencia esencial para colonizar este patógeno. En este trabajo hemos demostrado la función de los 4 dominios que constituyen GBPA y que la hacen ser un factor de virulencia muy importante para desembocar en la enfermedad.
- Por último, he escrito un "Review" junto con Prof. Davies, científico mundialmente reconocido por sus trabajos en el campo de la Glicobiología, sobre la glicosilación de proteínas, una modificación postraduccional muy importante en un gran número de procesos biológicos.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Publicaciones

Edmond Wong, Gustav Vaaje-Kolstad, Avishek Ghosh, Ramon Hurtado-Guerrero, Peter V. Konarev, Adel F. M. Ibrahim, Dmitri I. Svergun, Vincent G. H. Eijsink, Nabendu S. Chatterjee and Daan M. F. van Aalten. The *Vibrio cholerae* colonization 1 factor GbpA possesses a 2 modular structure that governs binding to different host 3 surfaces. *PLoS Pathogens, in press* . 2012. IF: 9.079

Torreblanca R, Lira-Navarrete E, Sancho J, Hurtado-Guerrero R. Structural and mechanistic basis of the interaction between a pharmacological chaperone and human phenylalanine hydroxylase. *Chembiochem* . 2012. IF: 3.944

Hurtado-Guerrero R, Davies GJ. Recent structural and mechanistic insights into post-translational enzymatic glycosylation. *Curr Opin Chem Biol.* 2012. IF: 9.723

2.5.4. Redes y sistemas complejos/Complex systems and networks IP Yamir Moreno

Objetivo y descripción

Biología de Sistemas es el tema de la línea de investigación Redes y Sistemas complejos que se incluye en el Área de Biofísica, el resto como se ha comentado en el punto 2.3., donde se define el área de Física.

El objetivo general de esta línea, centrada en la temática concreta, es estudiar la dinámica y estructura de redes biológicas y los objetivos específicos: estudiar la estructura y la dinámica de redes de regulación, redes de proteínas y redes metabólicas de diferentes organismos biológicos con el objetivo de identificar mecanismos bioquímicos relevantes en estos sistemas.

La metodología que se usa es aquella de la Física Estadística, la Teoría de Redes Complejas, Dinámica No lineal y Teoría de la Complejidad. El método de trabajo incluye aproximaciones analíticas y en la mayoría de los casos las simulaciones numéricas extensivas.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
REDES, BIOFISICA Y CIENCIA NO LINEAL	Ministerio de Economía y
	Competitividad. FIS2011-25167

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Yamir Moreno/ PCD Investigador	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Joaquín Sanz Remón/Becario predoctoral	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Emanuele Cozzo/Becario predoctoral	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)
Javier Borge/Contratado investigador UZ	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)

Resultados y conclusiones destacados 2012

Respecto a los objetivos, las tareas desarrolladas tienen que ver con la caracterización topológica y dinámica de la red de transcripción de *Mycobacterium tuberculosis (Mtb)*. El objetivo fundamental fue compilar la información necesaria para construir una versión de la red de regulación de transcripción del *Mtb* lo más grande posible. La compilación de semejante red de transcripción -de tamaño comparable, por primera vez, a redes de regulación de organismos modelo como la bacteria *E. coli*- cuenta con una extraordinaria utilidad como base de datos bioquímica que la dota de un potencial de impacto. El volumen de información experimental integrada en nuestra red multiplica casi por diez las bases de datos compiladas previamente como MtbRegList, y dobla el tamaño de la última versión de la red publicada en 2008.

Además, hemos indexado a un mayor nivel de detalle la metodología experimental en la que se basa cada enlace de la red. Posteriormente se desarrollaron modelos dinámicos capaces de reproducir los comportamientos coordinados de estas redes de interacciones moleculares que definen, en última instancia, la fisiología celular. En este punto, nuestro análisis comenzó por el estudio de la dinámica asociada a los subgrafos más simples (módulos o motivos) para posteriormente explorar las dinámicas de subgrafos de mayor entidad.

Asimismo, hemos comenzado a desarrollar modelos de redes que permitan, a partir de la información topológica, inferir clasificaciones funcionales de proteínas y genes. También se está trabajando en el desarrollo de un modelo "in silico" de

circuito genético que sea capaz de reproducir los resultados experimentales existentes para diferentes condiciones "in vitro" con el objetivo final de encontrar nuevos mecanismos de regulación y/o soluciones para el knock-out selectivo de genes. Como resultado del trabajo realizado, se han publicado 2 artículos científicos este año, un capítulo de libro y actualmente hay otro artículo en revisión.

Difusión de logros científicos en 2012

- E. Cozzo, A. Arenas, and Y. Moreno. Stability of Boolean Multilevel Networks. *Physical Review E.* 86, 036115. 2012.
- J. Sanz, E. Cozzo, J. Borge-Holthoefer, and Y. Moreno, Topological effects of data incompleteness of gene regulatory networks. *BMC Systems Biology*. 6:110 2012.
- E. Cozzo, J. Sanz, and Y. Moreno. Dynamics of Biomolecular Networks. Chapter 11, pp 349-379, in *Systems Biology: Current Topics from the Encyclopedia of Molecular Cell Biology and Molecular Medicine* (Edited by Robert A. Meyers), ISBN: 978-3-527-32607-5 (Wiley-VCH, Weinheim, 2012).

2.5.5. Modelos físicos de biomoléculas/Physical modelling of biomolecules IP Fernando Falo

Ver área de Física

2.5.6. Dinámica molecular y estructura electrónica/Molecular dynamics and electronic struture IP Pablo Echenique

Ver área de Física

2.5.7. Interacciones biomoleculares/Biomolecular interactions IP Adrián Velázquez

Objetivo y descripción

Todos los procesos biológicos se pueden descomponer en subprocesos de interacción y cambios conformacionales en biomoléculas. Empleamos técnicas experimentales biofísicas (principalmente, calorimetría y espectroscopía) y computacionales para:

- Caracterizar estructural y energéticamente el paisaje conformacional, las interacciones con otras biomoléculas y los cambios conformacionales en proteínas con relevancia biomédica y/o biotecnológica
- Desarrollar metodologías experimentales para el estudio de interacciones biomoleculares y fenómenos cooperativos alostéricos en sistemas biológicos

 Desarrollar e implementar métodos de cribado para la identificación de compuestos bioactivos capaces de modular la función de dianas farmacológicas

Proyectos relacionados.

Título proyecto	Entidad Financiadora
Bioavailability of amphiphilic ligands – Drugs	Ministerio de Ciencia e Innovación
and metabolites	(Acción Integrada España-Portugal)
Proteasa NS3 del virus de la hepatitis C:	Ministerio de Ciencia e Innovación
Identificación y caracterización de inhibidores	
competitivos y alostéricos	

Equipo de investigación

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Adrián Velázquez Campoy/Investigador ARAID	B89-Protein Targets
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
José Luis Neira Faleiro/Catedrático Universidad Miguel Hernández (Elche)	NO
Isidro Cortés Ciriano/Estudiante Máster	NO

Resultados y conclusiones destacadas 2012

Velázquez-Campoy A, Abián O, Vega S, Sancho J. Allosteric inhibitors of NS3 protease from hepatitis C virus. Patente N° solicitud: EP12382218.1. Fecha de prioridad: 2012/05/30. Entidades titulares: Universidad de Zaragoza, ARAID, IACS

Martínez-Julvez M, Abián O, Vega S, Medina M, and Velázquez-Campoy A. Studying the allosteric energy cycle by isothermal titration calorimetry. In Allostery: Methods and protocols. *Methods in Molecular Biology*. 796:53-70. 2012

Domenech R, Martínez-Rodriguez S, Velázquez-Campoy A, and Neira JL. Peptides as inhibitors of the first phosphorylation step of the *Streptomyces coelicolor* phosphoenolpyruvate: sugar phosphotransferase system. *Biochemistry*. 51:7393-7402. 2012

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Graña-Montes R, de Groot NS, Castillo V, Sancho J, Velázquez-Campoy A, and S. Ventura. Contribution of disulfide bonds to stability, folding and amyloid fibril formation: The PI3-SH3 domain case. *Antioxidants & Redox Signaling*. 16:1-15. 2012

En colaboración con investigadores de la Universidad Autónoma de Barcelona se presenta un estudio de la influencia de los enlaces disulfuro sobre la estabilidad y la propensión a la agregación fibrilar en proteínas.

Martins PT, Velázquez-Campoy A, Vaz WL, Cardoso RM, Valerio J, and Moreno MJ. Kinetics and thermodynamics of chlorpromazine interaction with lipid

bilayers: Effect of charge and cholesterol. *Journal of the American Chemical Society*. 134:4184-4195. 2012

En colaboración con investigadores de la Universidad de Coimbra se presenta una novedosa metodología para la caracterización cinética de la interacción de moléculas pequeñas con membranas biológicas.

2.6.Área Computación

Objetivo: Esta área, además de proporcionar infraestructuras de computación a

grupos investigadores y empresas, realiza investigación en distintas tecnologías las punteras de computación, tanto en la vertiente software (middleware para un acceso más eficiente a las infraestructuras) como hardware (diseño de arquitecturas optimizadas para la resolución de problemas específicos). Asimismo dedica una especial atención a la colaboración ciudadana con la ciencia y al análisis de grandes volúmenes de información.



Responsable del Área de Computación: David Iñiguez

Líneas de investigación:

2.6.1. High Performance Computing	IP Guillermo Losilla
2.6.2. Grid&Cloud Computing	IP Rubén Vallés
2.6.3. Ciencia Ciudadana	IP Fermín Serrano
2.6.4. Ordenadores dedicados	IP David Iñiguez
2.6.5. Visualización avanzada y transferencia	IP Gonzalo Ruiz
tecnológica	
2.6.6. Análisis de Información en Internet y	IP Alejandro Rivero
Grandes Redes. Inteligencia Colectiva	

Descripción de las líneas y sus logros 2012

2.6.1. High Performance Computing IP. Guillermo Losilla

Objetivo y descripción

El grupo HPC ("High Performance Computing") del BIFI cuenta principalmente con las siguientes líneas de trabajo:

- Investigación en Computación de Altas Prestaciones. El grupo participa en proyectos de investigación nacionales y europeos que estudian las nuevas tendencias y tecnologías alrededor del mundo de la supercomputación.
- Mantenimiento y soporte de las infraestructuras de supercomputación del BIFI. El personal del grupo cuenta con una larga experiencia en la gestión

(operación, monitorización, contabilidad...) y soporte a usuarios de grandes sistemas de cálculo, así como en el diseño y mantenimiento de CPDs. Actualmente gestionamos 2 CPDs (200m2 en total) y 3 grandes sistemas de cálculo: MEMENTO, TERMINUS y CAESARAUGUSTA.

- Ofrecer un servicio de cálculo y almacenamiento para investigadores del Instituto y externos. Los sistemas de cálculo que gestionamos ofrecen anualmente varios millones de horas de cálculo y cientos de terabytes de almacenamiento, tanto a los investigadores del BIFI y sus colaboradores, como a usuarios externos a través de la Red Española de Supercomputación y del programa Hosted Clusters.
- Otros servicios: porting, optimización y paralelización de aplicaciones. Como servicio adicional al soporte básico ofrecido en el uso de nuestros supercomputadores, colaboramos con nuestros usuarios para ayudarles a migrar y hacer más eficientes sus códigos en el entorno HPC.
- Formación y divulgación. El grupo participa activamente en este tipo de actividades, impartiendo cursos y tutoriales, dirigiendo PFCs, tutorando prácticas en empresa, gestionando visitas guiadas a nuestras instalaciones...

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
SCC-Computing	Comisión Europea (FP7)
Supercomputador de memoria compartida BIFI-ZCAM	FEDER
Equipamiento del Centro de Supercomputación de Aragón (CeSAr)	FEDER
Convenio CAESARAUGUSTA	Gobierno de Aragón

Equipo investigador

Investigador	Pertenece a Grupo DGA
responsable/coordinador	Identificación Grupo
Guillermo Losilla Anadón / contratado	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
I mysostima danos imenticados	Pertenece a Grupo DGA
Investigadores implicados	Identificación Grupo
Arturo Giner Gracia / PTA MINECO	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos

Resultados y conclusiones destacados 2012



Durante 2012, además de seguir prestando un servicio de cálculo y almacenamiento estable para los investigadores del Instituto y sus colaboradores, se ha culminado con éxito la recepción, instalación y puesta en marcha de Memento. Este nuevo sistema, compartido entre el BIFI y el ZCAM, supone incorporar una máquina de memoria compartida de 12TB de memoria RAM y 3072 cores de cálculo al abanico de recursos computacionales a disposición de los investigadores del Instituto.

Memento está ubicado en el Laboratorio de Supercomputación del BIFI

La exitosa organización a finales de noviembre en nuestras instalaciones del "International Workshop EU-China on Scientific Computing" (http://www.scc-computing.eu/zaragoza), con más de 90 investigadores registrados, nos ha abierto nuevas posibilidades de colaboración con China en materia de computación.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Los días 27 y 28 de Marzo, acogimos el seminario técnico de la Red Española de Supercomputación "Migración de cluster Slurm+Moab a Slurm 2.3", que reunió en el BIFI a todos los administradores de sistemas de los distintos nodos de la RES. En el seminario se realizó un taller para actualizar y homogeneizar los batch schedulers de todos los nodos a la última versión de Slurm utilizando CAESARAUGUSTA como ejemplo.

2.6.2. Grid&Cloud Computing IP. Rubén Vallés

Objetivo y descripción

La línea Grid & Cloud computing se dedica principalmente a la investigación con infraestructuras de computación distribuidas.

Participación en proyectos nacionales e internacionales relacionados con la computación distribuida (grid y cloud) y foros de discusión e integración de dichas tecnologías en las empresas.

En el aspecto técnico se realiza configuración, administración y soporte a usuarios de las infraestrucuturas de AraGrid y PireGrid, las cuales suman en conjunto más de 2000 cores de cálculo y alrededor de 100TB de almacenamiento.

Dichas infrastructuras proveen recursos computacionales no sólo a investigadores de Aragón, sino que además sirven como plataforma de pruebas a la PYMES para la mejora de su modelo de negocios mediante éstas nuevas tecnologías.

Además, dichas infraestructuras forman parte de la iniciativa Ibergrid (España y Portugal), así como de EGI (European Grid Infrastructure), que es la más grande de las infraestructuras distribuidas a nivel mundial.

Nuestro principal trabajo dentro del proyecto EGI-InSPIRE es proveer los servicios centrales y el soporte técnico de la VO internacional de fusión en colaboración con el Laboratorio Nacional de Fusión (CIEMAT).

Debido a la especial arquitectura del Grid, también trabajamos en el soporte para la migración y adaptación de aplicaciones para su correcto funcionamiento en este tipo de infraestructuras distribuidas.

Como último punto, la difusión y la enseñanza de estos conceptos en talleres técnicos es muy importante, por lo que organizamos workshops, cursos, charlas

y meetings con empresas, del mismo modo que realizamos difusión de todos aquellos proyectos en los que participamos.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
PireGrid	INTERREG IV A
SCI-BUS	FPVII
EGI-InSPIRE	FPVII
AraGrid	FEDER

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Rubén Vallés Pérez/ contratado"	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Jaime Ibar Yubero/contratado"	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos

Resultados y conclusiones destacados 2012

- Acercamiento de tecnologías grid y cloud a las PYMES a través del proyecto PireGrid el cual hemos liderado (ww.piregrid.eu)
- Gestión y administración computacional de la infraestructura grid regional AraGrid distribuida en Zaragoza, Huesca y Teruel.
- Desarrollo de interfaces web de usuario para facilitar el uso de las infrastructuras distribuidas, mediante nuestra participación en SCI-BUS (www.sci-bus.eu)

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Ibar J, Ruiz G, Tarancón A, Vallés R. Optiweb: An optimization application for steel cut industries ported to the grid in the framework of PireGrid project. *Computing and Informatics* 31(1):161-171. 2012.

2.6.3. Ciencia Ciudadana/Citizen science IP.Fermín Serrano

Objetivo y descripción

En esta línea queremos integrar a la ciudadanía en el proceso científico. Desde el BIFI y la Fundación Ibercivis queremos aprovechar la sociedad actual como herramienta útil para hacer investigaciones en campos como las TIC o ciencias naturales y sociales. Los ciudadanos pueden participar activamente con su propio conocimiento y conformar una red de trabajo colectivo que genere nuevas fuentes de datos o que resuelva problemas complejos; y también pueden aportar sus dispositivos físicos, tales como ordenadores o teléfonos personales, para crear una infraestructura de captación y cálculo distribuida. Ofrecemos soluciones hardware y software necesarias para aprovechar nuestra comunidad

de usuarios, así como un equipo de comunicación para llegar a la ciudadanía en general.

Proyectos relacionados

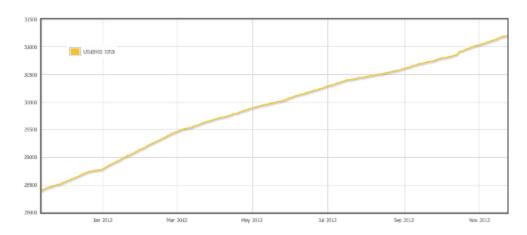
Título proyecto	Entidad Financiadora
Global Excursion	FP7
SOCIETIC	FP7
EDGI	FP7
DEGISCO	FP7
Acciones Complementarias	MICINN
e-Ciencia España-Portugal	MICINN

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Fermín Serrano/Contratado	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Francisco Sanz/Contratado Carlos Val/Contratado Eduardo Lostal/Contratado Erik Gracia/Colaborador Becario Mari Carmen Ibañez/Contratada Fundación Ibercivis	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos NO NO NO

Resultados y conclusiones destacados 2012

- Ibercivis sigue creciendo en número de usuarios conectados con BOINC hasta contar actualmente con más de 31.000 personas.



- Se ha incorporado a Ibercivis una nueva aplicación BOINC en producción, Biosoft, cuyos resultados iniciales se presentan en una tesis doctoral de Gaizka Erkizia el 12 de diciembre de 2012.
- Se ha desarrollado y liberado el código de una herramienta software para gestionar proyectos de ciencia ciudadana, Furnivall.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

- La Comisión Europea ha apostado por el BIFI, que coordina el proyecto SOCIETIC, como referente de la ciencia ciudadana para fijar las directivas y políticas del Horizonte2020 e integrar a los ciudadanos en los procesos científicos.
- Con fecha de 1/10/2012 se constituyó la Fundación Ibercivis lo que supuso el punto de partida a pleno rendimiento de esta fundación privada sin ánimo de lucro de promoción y soporte de ciencia ciudadana. Tras los primeros tres meses, ya se han desarrollado actuaciones como la Jornada de Comunicar la Neurociencia en Zaragoza, la plataforma Gripenet.es a nivel nacional y se cuenta con 6 experimentos en fase de desarrollo para ser lanzados a nivel europeo en el primer semestre de 2013. El patronato de la Fundación está compuesto por la Universidad de Zaragoza, el CSIC, el CIEMAT, Red.es, la Fundación Zaragoza Ciudadad del Conocimiento, el Gobierno de Aragón y la Fundación Ikerbasque.

2.6.4. Ordenadores dedicados/Special purpose computers IP. David Iñiguez

Objetivo y descripción

El objetivo general del area de investigación en ordenadores dedicados es diseñar nuevos supercomputadores teniendo especialmente en cuenta las aplicaciones o el rango de aplicaciones que se van a ejecutar en él. Al adaptar la arquitectura a las particularidades de los problemas a ejecutar permite en algunos casos simular a velocidades entre 1000 y 100.000 veces superiores a las de procesadores convencionales, consiguiendo saltos cualitativos en los resultados que se pueden obtener.

Como objetivos específicos del area, nos hemos propuesto ampliar el rango de aplicaciones que pueden ejecutar los supercomputadores dedicados del BIFI, para incluir problemas tales como Dinámica Molecular, reconocimiento de secuencias en polipéptidos, acelerador numérico para problemas con fuerzas a largo alcance (como por ejemplo potenciales tipo Coulomb), redes neuronales y problemas similares.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora
Janus 2	FEDER
Computación avanzada en sistemas complejos y fenómenos de trasporte, FIS2012-35719	Ministerio de Economía y Competitividad
Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte, FIS2009-12648-C03-02, 2010-2012	MICINN

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
David Iñiguez Dieste / ARAID	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Andrés Cruz Flor/Prof Emérito	NA
Luis Antonio Fernández Pérez/UCM	NA
Victor Martín Mayor/UCM	NA
Juan Jesús Ruiz Lorenzo/UNEX	NA
Alfonso Tarancón Lafita / Catedrático UZ	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
David Yllanes/Ul di Roma	NA
Raquel Álvarez Baños/Predoctoral	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
José Miguel Gil NaBe rvión/Predoctoral	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Antonio Gordillo Guerrero/UNEX	NA
Marco Guidetti/ U.di Ferrar	NA
Andrea Maiorano/U. di Roma	NA
Jorge Monforte García/UZ	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Sergio Pérez Gaviro/UZ	E24/3-Biocomputación y Física de Sistemas comlejos
Beatriz Seoane/UCM	NA

Resultados y conclusiones destacados 2012

Durante el año 2012 se han cumplido 3 años de explotación científica del supercomputador dedicado Janus, explotado por el grupo de investigación en Spin Glasses del BIFI y herramienta clave para la elaboración de diversas publicaciones científicas en ese ámbito.

También, se ha concluido el diseño de una nueva generación del supercomputador dedicado, al que se le ha llamado Janus 2, financiado con una convocatoria de fondos FEDER para infraestructuras.

Durante este año se han identificado grupos de investigación con aplicaciones susceptibles de ejecución eficiente en Janus II y se ha fijado el rango de problemas potencialmente portables a la nueva infraestructura.

Contando con la colaboración de varios investigadores del panorama internacional, se han realizado estudios de eficiencia sobre algunas aplicaciones candidatas a ser portadas a la nueva generación, con el objeto de facilitar la toma de decisiones respecto a la arquitectura.

Posteriormente, se ha diseñado la arquitectura de la máquina en función de las aplicaciones previamente fijadas, decidiendo tanto el tipo de procesador específico a utilizar (en este caso una FPGA de la familia Virtex 7) como la topología de las conexiones o el tipo y la cantidad de memoria.

Durante este año se ha adjudicado el fabricante de todas las distintas partes que componen Janus 2, Link Engineering, y se ha participado tanto en la elaboración de requerimientos técnicos para el diseño de la placa base y los módulos de diseño básico, como en el diseño de la alimentación, la ventilación, o el sistema de Input / Output general para la máquina.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

M.Baity-Jesi et al. (2012). An FPGA-based supercomputer for Statistical Physics: the weird case of Janus. In W. Wanderbauwhede & K. Benkrid (Eds.), High-Performance Computing Using FPGAs (in press). Springer

2.6.5. Visualización avanzada y transferencia tecnológica IP. Gonzalo Ruíz Manzanares

Objetivo y descripción

Se trata de un grupo joven del área de computación del BIFI, formado principalmente también por jóvenes ingenieros en informática. En él se desarrollan tres tareas bien diferenciadas.

- Dar soporte a la investigación realizada en el instituto participando en proyectos que requieren desarrollo de software. También se da soporte en cuanto a la mejora y optimización de programas ya realizados, así como consultoría para la recomendación de tecnologías, técnicas, etc. para el desarrollo de los mismos.
- Desarrollo de proyectos de colaboración con empresas en temáticas o líneas en las que el BIFI trabaja con el fin de aportar a sus productos y procesos un valor añadido y diferencial a través de la transferencia de los resultados de investigaciones obtenidos en el instituto.
- Investigación en sus propias líneas de trabajo, como son el laboratorio de visualización 3D, el laboratorio de Realidad aumentada, y el uso de tecnologías móviles con distintos fines que van desde la mejora de la educación hasta la optimización de procesos productivos.

Proyectos relacionados

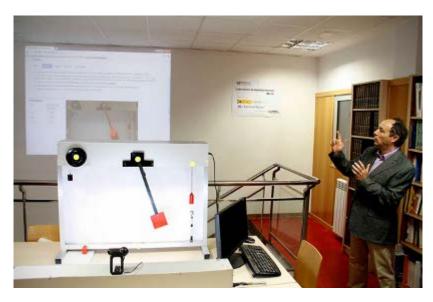
Título proyecto	Entidad Financiadora
PireGrid	Interreg IV A
Sistema experto de previsión y severidad de incidentes en redes eléctricas	MINECO - INNPACTO
Realidad Aumentada	FECYT
SCI-BUS	FPVII
SOCIETIC	FPVII
Global Excursion	FPVII
Análisis informático multiparamétrico de imágenes de microscopía: aplicaciones en diferenciación celular y citotoxicidad	BIFI

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Gonzalo Ruiz Manzanares / Contratado	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Investigadores implicados	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo
Alfredo Ferrer Marco / Contratado Grupo	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
Cristina Viñas Viñuales / Contratado	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos
David Iñiguez Dieste/ARAID	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos

Resultados y conclusiones destacados 2012

 Implantación de un sistema de realidad aumentada para el estudio de problemas de física en educación secundaria y bachillerato: http://rrlab.bifi.es/



- Difusión de la ciencia a través de la participación en distintos eventos, realización de visitas, demostraciones y presentaciones públicas
- Participación en el desarrollo de diferentes proyectos europeos en colaboración con otras áreas del BIFI

Difusión de logros científicos destacados en 2012

- Carlos Gracia-Lázaro, Alfredo Ferrer, Gonzalo Ruiz, Alfonso Tarancón, José A. Cuesta, Angel Sánchez, Yamir Moreno. Heterogeneous networks do not promote cooperation when humans play a Prisoner's Dilemma. PNAS August 7, 2012 vol. 109 no. 32 12922-12926.
- Ibar J, Ruiz G, Tarancón A, Vallés R. Optiweb: An optimization application for steel cut industries ported to the grid in the framework of PireGrid project. COMPUTING AND INFORMATICS 31(1):161-171. 2012.

2.6.6 Análisis de Información en Internet y Grandes Redes. Inteligencia Colectiva IP. Alejandro Rivero

Objetivo y descripción

Análisis de Información en Internet y Grandes Redes

Esta línea apoya las investigaciones de otros grupos del instituto a la vez que desarrolla técnicas específicas para la búsqueda y organización de grandes cantidades de información. Entran en ella los algoritmos para realizar minería de datos de fuentes disponibles en internet, tanto de redes sociales como de otras fuentes que pueden presentarse en forma de red, por ejemplo empresas con cuadros directivos comunes o investigadores con proyectos y publicaciones en común. Para las redes sociales, se tienen establecidos canales de almacenamiento sistemático de mensajes con datos de geoposición o con hashtags de interés para determinadas investigaciones.

Asimismo, se incluyen los algoritmos y métodos necesarios para el tratamiento de grandes redes, tanto obtenidas mediante la minería anterior como provenientes de otras fuentes. Por ejemplo durante el 2012 se ejecutó un estudio sobre las redes de llamadas entre tres millones de usuarios de una compañía de telecomunicación.

Se colabora con los servicios de la Universidad de Zaragoza en la recogida y análisis de datos de publicaciones científicas, con vistas a la elaboración de un mapa de colaboraciones del que ya se han hecho diversos prototipos este año y que aparecerá finalmente como un sistema accesible vía web para examinar la evolución dinámica de esta red.

Inteligencia Colectiva

En esta línea, se estudia si una colectividad presenta rasgos de inteligencia, sea por combinación de habilidades o por otras sinergias, vayan mas allá de la mera suma de individualidades, e incluso si pueda realizar algún tipo de tareas que sean imposibles para individuos aislados. Es una extensión en cierto modo de los trabajos del instituto sobre ciencia ciudadana y colaboración.

Proyectos relacionados

Título proyecto	Entidad Financiadora	
Global Excursion	VII FP	
Modelos de centralidad y comunidades en redes de clientes	ARAID/Ibercaja - Trustserver	
Modelo de identificación de clientes únicos en compañía de telefonía	Applied Advanced Analytics	

61

Equipo investigador

Investigador responsable/coordinador	Pertenece a Grupo DGA Identificación Grupo		
Alejandro Rivero/Contratado Investigador	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		
I my action dorse implies des	Pertenece a Grupo DGA		
Investigadores implicados	Identificación Grupo		
Alfonso Tarancón/Profesor Titular UZ	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		
Yamir Moreno/contratado doctor	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)		
Gonzalo Ruíz/Contratado	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		
Sandro Meloni/contratado	E19- Fisica Estadistica y No Lineal (GEFENOL)		
Javier López Lorente/Profesor Titular UZ	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		
Raquel Álvarez/Predoctoral	E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		
David Iñiguez Dieste/ARAID	ste/ARAID E24/3-Biocomputacion y Fisica de Sistemas Complejos		

Resultados y conclusiones destacados 2012

Durante el año 2012 se han aislado problemas y tareas que se pueden plantear a pequeños grupos de estudiantes y escalarse a colaboración masiva en internet. Se ha diseñado un método, y el correspondiente software, en el cual cada persona tiene la oportunidad de colaborar con varios vecinos de forma controlada, los cuales a su vez pueden colaborar con otros. Sobre este sistema será posible estudiar situaciones de propagación, mutación y supervivencia de ideas y soluciones.

Se ha suministrado a otros grupos el know-how necesario para organizar capturas geoposicionadas en twitter y apoyado el desarrollo del software necesario para ello.

Se han realizado colaboraciones con empresas que requieren el análisis de grandes volúmenes de información, como es el caso de las compañías de telecomunicaciones, desarrollando modelos útiles para la toma de decisiones en la gestión y captación de clientes.

Difusión de logros científicos destacados en 2012

Borge-Holthoefer, S. González-Bailón, A. Rivero, and Y. Moreno, "The Spanish Indignados Movement: Time dynamics, geographical distribution, and recruitment mechanisms", Chapter contribution to Online Collective Action, in press, 2012.

2.7. Infraestructuras del BIFI.

Una gran parte de las infraestructuras del Instituto BIFI están localizadas en el Edificio I+D, situado en el Campus Río ebro de la Universidad de Zaragoza. En este edificio se ubican otros Institutos Universitarios de Investigación de la Universidad de Zaragoza. El BIFI cuenta con 20 laboratorios, 22 despachos y algunas otras salas comunes y están distribuidos en las 3 plantas de edificio. Por otra parte también se pueden utilizar zonas comunes que se comparten con otros institutos.

Se van a describir a continuación las infraestructuras singulares que dan a los investigadores unas prestaciones específicas y especializadas. Estos servicios dan servicio a la propia investigación del instituto, aunque también a otros investigadores externos. Los investigadores y técnicos coordinadores y los técnicos responsables de cada uno de los equipos están excelentemente preparados para la puesta en marcha, manejo y mantenimiento de los mismos.

Se han catalogado como Infraestructuras de Física y Computación e Infraestructuras de Bioquímica y Biofísica.

2.7.1. Infraestructuras de Física y Computación

En lo que respecta a Computación, en los últimos años, gracias al programa FEDER y otros proyectos de infraestructura, el Instituto se ha dotado de unos recursos de primer nivel. Esto permite afirmar que por infraestructura computacional, el BIFI está entre el "top 5" de centros de computación y e-Ciencia en España y se encuentra muy bien posicionado a nivel europeo.

El rango de sistemas de cálculo disponible cubre todo el espectro de la computación actual, abarcando supercomputadores de memoria distribuida (Caesaraugusta, Terminus) y compartida (Memento), sistemas más "desacoplados" de computación distribuida (AraGrid, Ibercivis, recursos en cloud) y ordenadores dedicados o de propósito específico diseñados por nosotros mismos (JANUS).

Adicionalmente, como complemento y divulgación a sus investigaciones, el BIFI cuenta con sus propios laboratorios de visualización y de realidad aumentada.

CAESARAUGUSTA

Descripción. Caesaraugusta es el nodo de la Red Española de Supercomputación en Aragón. Se trata de un supercomputador de memoria distribuida formado por 512 procesadores PPC64, 1 TeraByte de memoria RAM, 24 TeraBytes de almacenamiento y red de interconexión Myrinet. Su potencia de cálculo pico (R_{peak}) es de 4,5 TeraFLOPS.



Investigador/Técnico responsable/coordinador. Guillermo Losilla Anadón

Investigadores/Técnicos implicados. Arturo Giner Gracia

Metodología y técnicas disponibles. El tiempo de CPU de Caesaraugusta se distribuye en periodos cuatrimestrales (Marzo-Junio, Julio-Octubre, Noviembre-Febrero) entre los proyectos científicos que solicitan su acceso. El 80% de dicho tiempo se asigna a través del Comité de Acceso global de la Red Española de Supercomputación. El 20% restante se asigna a través del Comité de Acceso local de Caesaraugusta. El listado de software disponible se puede consultar en: http://www.bsc.es/marenostrum-support-services/available-software.

Comentarios de interés. Durante 2012, el BIFI ha seguido gestionando CAESARAUGUSTA, nodo en Aragón de la Red Española de Supercomputación (RES). Esta red, con núcleo en Marenostrum (Barcelona Supercomputing Center), fue creada en 2007 por el MICINN para dar respuesta a las crecientes necesidades de computación de la investigación en España. A fecha de hoy, CAESARAUGUSTA mantiene su configuración original formada por 512 procesadores PPC64, 24 TeraBytes de almacenamiento y red de interconexión Myrinet.

Durante 2012, en CAESARAUGUSTA se han computado 3.006.000 horas de CPU; 2.640.000 horas correspondientes a usuarios asignados por el Comité de Acceso de la Red Española de Supercomputación (al que corresponde asignar el 80% de uso del sistema) y 366.000 horas correspondientes a usuarios asignados por el Comité local (20% de tiempo restante).

El número de proyectos que hicieron uso de esta infraestructura a lo largo de este año fue de 26; 13 fueron asignados por el Comité de Acceso de la Red Española de Supercomputación y otros 13 fueron asignados por el Comité local. En concreto, en el área de "biomedicina y ciencias de la salud" se solicitaron 7, en "química, ciencia de materiales y tecnología" 6, en "matemáticas, física e ingeniería" 10 y en "astronomía, espacio y ciencias de la tierra" 3.

Además se han realizado varias reuniones (presenciales y por videoconferencia) de coordinación con el resto de integrantes de la RES. Del mismo modo, este año hemos colaborado en la organización de dos eventos celebrados en Zaragoza: "Migración de cluster Slurm + Moab a Slurm 2.3", 27 y 28 Marzo 2012, BIFI (Edificio I+D); "Presentación BSC, RES y PRACE", 15 Marzo 2012, BIFI (Edificio I+D).

TERMINUS

Descripción. Terminus es un supercomputador de memoria distribuida, compuesto por 950 cores de cálculo, 3 TeraBytes de memoria RAM, red Gigabit+Infiniband y 12 TeraBytes de almacenamiento.



Investigador/Técnico responsable/coordinador. Guillermo Losilla Anadón

Investigadores/Técnicos implicados. Arturo Giner Gracia

Metodología y técnicas disponibles. Actualmente, todos los miembros del BIFI y sus colaboradores, tienen derecho de acceso a Terminus. El listado actual de software disponible se puede consultar en: http://bifi.es/en/infrastructures/scientific-equipment/terminus/available-software.

Comentarios de interés. Terminus es una de las plataformas de cálculo más potentes que se encuentran alojadas en el Laboratorio de Supercomputación del BIFI en el Edificio I+D. Se trata de un cluster de memoria distribuida bajo OpenSUSE GNU/Linux con 3 TB de memoria RAM (distribuida), 12 TB de almacenamiento sobre Lustre y redes Infiniband y Gigabit Ethernet, que en estos momentos cuenta ya con más de 950 procesadores, todos de arquitectura de doble precisión ("em64t" = 64-bit). En total se cuenta con una potencia de cálculo superior a los 8 TeraFLOPs.

Más de 100 investigadores del BIFI o colaboradores suyos poseen cuenta en Terminus. Además, este año hemos continuado impulsando el programa "Hosted Clusters", un servicio del BIFI que permite a los grupos de investigación con financiación para infraestructura pero sin personal dedicado ni unas instalaciones apropiadas, gozar de una solución completa de hosting para sus recursos de supercomputación.

A continuación se muestra una tabla resumen de los hosted clusters que actualmente se encuentran alojados en Terminus:

Nombre	Investigador Principal	Departamento-Centro	# Cores	# RAM (Gbs)
DTM	A17 - /	E/ : / :	404	101
RTN4	Alfonso Tarancón	Física teórica-UNIZAR	124	124
BIFI		BIFI-UNIZAR	190	294
		Bioquímica y Biología Molecular y Celular-		
MMT	Milagros Medina	UNIZAR	68	68
		Física de la Materia Condensada-		
CONMAT	Luis Martin Moreno	UNIZAR	418	2229
BIOCOMPLEX	Pierpaolo Bruscolini	Física teórica-UNIZAR	40	40
PLATON	Carlos Lafuente	Química-Física-UNIZAR	24	48
EEAD	Javier Burguete	Estación Experimental Aula Dei-CSIC Bioquímica y Biología Molecular y Celular-	16	16
JSS	Javier Sancho	UNIZAR	72	144
HECTOR	Jesús Santamaría	INA	24	96

MEMENTO

Descripción. Memento es un supercomputador de memoria compartida híbrida de 3072 cores de cálculo, 12 TeraBytes de memoria RAM y red de interconexión Infiniband QDR. La máquina se comparte entre el BIFI y el ZCAM.

Investigador/Técnico responsable/coordinador. Guillermo Losilla Anadón Investigadores/Técnicos implicados. Arturo Giner Gracia



Metodología y técnicas disponibles. Memento es una máquina de memoria compartida híbrida con una potencia pico (R_{peak}) de 25,8 TeraFLOPS. El sistema cuenta con un total de 3072 cores de cálculo (AMD Opteron Interlagos 6272 2,1GHz), 12 TeraBytes de memoria RAM y red de interconexión Infiniband QDR

(40 Gbps). Todo este hardware se encuentra agrupado en 48 servidores, cada uno conteniendo 64 cores de cálculo y 256 GB de memoria RAM.

Comentarios de interés. El sistema entró en operación en Abril de 2012. Además de dar servicio a usuarios del BIFI y del ZCAM, a corto plazo se prevé dar también acceso a investigadores del CECAM. En el uso de este sistema tienen preferencia aplicaciones con necesidades especiales de memoria y/o de red.

ARAGRID

Descripción. AraGrid es una infraestructura científico-tecnológica financiada con fondos FEDER que, a través de la tecnología grid, ofrece una plataforma de cálculo de 2000 cores, 200 TB de almacenamiento y 4 TB de memoria RAM.







Investigador/Técnico responsable/coordinador. Rubén Vallés Pérez

Investigadores/Técnicos implicados. Jaime Ibar Yubero

Metodología y técnicas disponibles. AraGrid es una infraestructura de cálculo distribuida y accesible mediante tecnologías grid, que consta de 2000 cores de cálculo, 120TB de almacenamiento y 4 TB de memoria RAM. Información de acceso a la plataforma: http://www.aragrid.es.

Cada uno de sus 4 nodos cuenta con aproximadamente 480 cores de cálculo para un total de unos 2000 en toda la infraestructura. Del mismo modo, se cuenta con 40 Terabytes de almacenamiento por site.

Gracias a su arquitectura distribuida geograficamente, permite la ejecución tanto de trabajos de forma local como distribuida en el resto de los nodos, de una forma transparente al usuario dotando de redundancia ante fallos y alto grado de disponibilidad.

Comentarios de interés. AraGrid consta de 4 nodos: un nodo central de gestión global situado en el BIFI (Zaragoza-Campus Río Ebro) y otros tres nodos de cálculo con servicios de respaldo, localizados en Facultad de Ciencias (Zaragoza-Campus San Francisco), la Escuela Politécnica Superior de Huesca (EPSH) en Huesca y la Escuela Universitaria Politécnica de Teruel (EUPT) en Teruel.

AraGrid a su vez, se encuentra integrado en la red grid nacional (NGI-Ibergrid) y europea (EGI: "European Grid Initiative").

Durante el último año se han ejecutado más de un millón de trabajos de computación pertenecientes principalmente a las áreas de Fusión, Física Computacional e Ingeniería como puede verse en:

https://accounting.egi.eu/egi.php?ExecutingSite=ARAGRID-CIENCIAS

https://accounting.egi.eu/egi.php?ExecutingSite=BIFI

https://accounting.eqi.eu/eqi.php?ExecutingSite=BIFI-IBERGRID

RECURSOS CLOUD

Descripción. El BIFI cuenta con una plataforma cloud de 256 cores de cálculo.



Investigador/Técnico responsable/coordinador. Rubén Vallés Pérez

Investigadores/Técnicos implicados. Jaime Ibar Yubero

Metodología y técnicas disponibles. Cloud privada de 256 cores accesible a través del middleware OpenStack: http://www.openstack.org.

Esta infrastructura cloud es la evolución de la infraestructura PireGrid que da soporte tanto a investigadores, proyectos y PYMES. Estas últimas especialmente requieren unos tipos de aplicaciones que muchas veces son difíciles de encajar en clusters o grids de propósito más general.

Por ello, la flexibilidad que permite el cloud a la hora de desplegar diferentes versiones de sistemas operativos, con bibliotecas específicas y control total sobre el sistema le da un grado extra de funcionalidad. Éste modo descrito de utilización se denomina IaaS (Infraestructura como Servicio), que en muchos casos sólo se ajusta a perfiles avanzados de administradores de sistemas, por lo que también se trabaja en el desarrollo y adaptación de portales web de acceso directo a Software, abstrayendo la capa inferior de infraestructura, pero ofreciendo todas las características necesarias de sistema para cada aplicación y servicio.

Comentarios de interés. Estos recursos se utilizan en proyectos europeos participados por el Instituto (SCI-BUS) y además se ofrecen a empresas a través de proyectos de innovación.

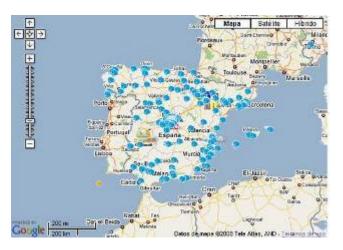
Actualmente, la parte computacional del cloud está sirviendo como base de pruebas para empresas dentro del proyecto SCI-BUS, que la utilizan como testbed de integración de OpenStack en sus plataformas de gestión de cloud heterogéneos. Del mismo modo, se ha realizado un desarrollo software sobre el portal WS-PGRADE, para la ejecución de simulaciones del tipo MapReduce utilizando la implementación Hadoop, muy utilizada actualmente para la gestión de grandes cantidades de datos de forma no relacional.

Además dicha infrastructura sirve como banco de pruebas a los desarrolladores de software, permitiendo acelerar el uso de sistemas ya preconfigurados para sus implementaciones de software.

Actualmente se trabaja en añadir la parte de almacenamiento de objetos mediante el componente SWIFT, que es compatible con el almacenamiento S3 de Amazon.

IBERCIVIS

Descripción. Ibercivis es un proyecto de computación ciudadana cuya infraestructura se encuentra distribuida en distintos centros de investigación en España, y Portugal. Actualmente, Ibercivis cuenta con más de 30.000 usuarios registrados que diariamente aportan el equivalente a un supercomputador equipado con 10.000 cores de cálculo.



Investigador/Técnico responsable/coordinador. Fermín Serrano

Investigadores/Técnicos implicados. Francisco Sanz, Carlos Val, Eduardo Lostal, Mari Carmen Ibáñez

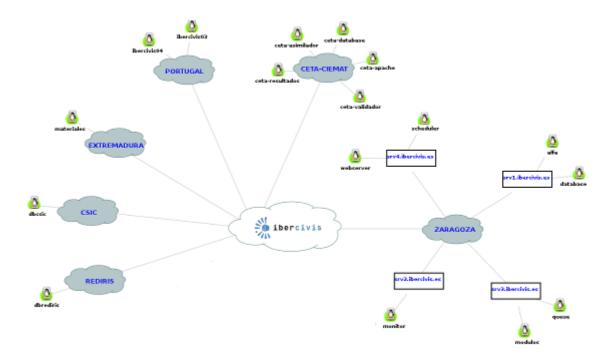
Metodología y técnicas disponibles. Ibercivis es una plataforma de computación voluntaria dirigida a investigadores de diferentes áreas cuyas necesidades de cálculo son elevadas.

Las aplicaciones apropiadas para ser ejecutadas en Ibercivis deben reunir las siguientes caracteristicas:

- Interés científico-tecnológico
- Runs segmentables en periodos de hasta 4 horas cada uno
- Uso de RAM inferior a 1 Gbtyes
- Paralelismo nulo
- Input/output bajo para cada job (del orden 1 Mbyte máximo) para no saturar el ancho de banda comercial.
- No necesitar licencias
- Necesidad de ejecutar del orden de millones de jobs.

Desde Ibercivis analizaremos los proyectos que se propongan para su ejecución. Aquéllos que cumplan los requisitos, serán aprobados y se colabrará con el grupo de investigadores para realizar los cambios necesarios en el código para que pueda ser ejecutado eficientemente en la arquitectura de Ibercivis. Más info: http://www.ibercivis.es

Comentarios de interés. Infraestructura de Ibercivis:



JANUS

Descripción. Janus es un supercomputador de propósito específico u ordenador dedicado. Está compuesto por 16 placas y 8 hosts internos, que controlan 2 de estas placas cada uno. Cada placa contiene 16 FPGA dedicadas a simulaciones (Simulation Processors SP) y 1 FPGA dedicada a comunicación (Input-Output Processor IOP).

Además, para el correcto uso de la infraestructura se dispone de 5 hosts externos para gestionar, almacenar y analizar las ingentes cantidades de datos generados que es usado por todos los grupos de investigación. De estos hosts

externos, 3 son máquinas de login con almacenamiento secundario, 1 host (jdata) es un sistema de almacenamiento masivo con redundancia (RAID 1+0 por hardware) y 1 último host (jana) pensado especialmente para analizar los



datos generados.

Investigador/Técnico responsable/coordinador. David Iñiguez Dieste

Investigadores/Técnicos implicados. Jorge Monforte, Raquel Alvarez, José Miguel Gil

Metodología y técnicas disponibles. Janus es un ordenador dedicado, construido y optimizado para obtener muy altos rendimientos en simulaciones de Monte Carlo de Vidrios de Spin. El ordenador presenta cierta flexibilidad lo que permite simular diferentes modelos, como el modelo de Edwards-Anderson, los modelos de Potts con diferentes estados, cambiar la dimensión espacial del sistema e incluyendo o no la presencia de campos magnéticos, constantes o variables. Al adaptar su arquitectura al problema concreto permite simular a velocidades entre 1000 y 100.000 procesadores convencionales en el momento de su construcción. Esto ha supuesto un salto cualitativo en los resultados obtenidos.

Se ha conseguido desarrollar implementaciones de algoritmos de Parallel Tempering dentro de la lógica reconfigurable de Janus, utilizando microprocesadores embebidos en hardware que solamente se utilizaba para comunicación y no para cálculo. Se ha desarrollado una versión que permite la paralelización de hasta 16 FPGA para poder realizar simulaciones de retículos de tamaños hasta ahora inalcanzables para Janus. Esto nos ha permitido durante este último año pasar a simular retículos de tamaños tan grandes como 256.. Más info: http://www.janus-computer.com

Comentarios de interés. Dentro de la convocatoria de Fondos FEDER para infraestructuras, se dispone financiación para la la segunda generación de Janus, que llamaremos Janus II. Esta nueva máquina tiene como objetivo fundamental ampliar el rango de aplicaciones que puede ejecutar, para incluir problemas tales como Dinámica Molecular, reconocimiento de secuencias en polipéptidos, acelerador numérico para problemas con fuerzas a largo alcance (potenciales tipo Coulomb, por ejemplo), Redes Neuronales, y problemas similares. Además el objetivo es aumentar la potencia de cálculo de Janus en un factor 100.

Esta nueva máquina estará construida por SP (basados de nuevo en FPGA) conectados en una malla 3D, con conexión directa entre primeros vecinos, formando una interconexión toroidal en 3D. Cada placa de Janus II tendrá 16 SP conectados de la forma 8x8x1 en la malla 3D. Cada placa tendrá 16 conectores de entrada y otros 16 conectores de salida que conectarán sus SP con los de otras placas para conformar la malla 3D. Además el IOP será capaz de reconfigurar los SP. Entrará en producción en la primavera de 2013.

LABORATORIO DE VISUALIZACIÓN

Descripción. El laboratorio de visualización se encuentra en la Sala Multimedia del instituto, y contiene:

- Infraestructura de visualización estéreo pasivo (proyectores, filtros polarizados, pantalla que mantiene la polarización y gafas)
- Infraestructura de visualización estéreo activo (TV LED 46" 3D Samsung mas gafas activas)
- Infraestructura de inmersión e interacción (cámaras infrarrojos, indicadores, altavoces, mando bluetooth wilmote y dispositivo Kinect)

El sistema completo permite visualizar en estéreo y posicionarse dentro diversas escenas, en tiempo real o mediante un vídeo. En el ordenador se generan dos imágenes equivalentes, una para el ojo izquierdo y otra para el ojo derecho. Cada imagen se muestra con un proyector y se visualizan en la misma pantalla. La luz de la imagen izquierda pasa por un filtro polarizador, y la luz de la imagen derecha pasa por otro filtro polarizado ópticamente ortogonal al primero. Este sistema utiliza gafas con cristales de polarización circular: el ojo derecho ve la imagen creada para el ojo derecho y el ojo izquierdo su correspondiente. El sistema de posicionamiento óptico con 12 cámaras infrarrojas permite ubicar al usuario en la escena y junto a un mando bluetooth permite interactuar con la aplicación. También hay 6 altavoces situados alrededor del sistema que permiten un sonido envolvente.

Investigador/Técnico responsable/coordinador. Gonzalo Ruiz

Investigadores/Técnicos implicados. Cristina Viñas



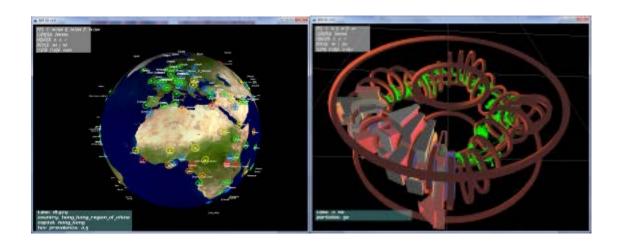


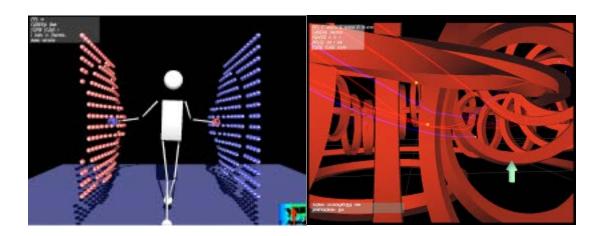
Metodología y técnicas disponibles. El BIFI ha desarrollado su propio entorno de desarrollo software que permite la creación de aplicaciones gráficas de manera sencilla. Durante finales del 2010 se crearon dos que integraban conceptos físicos básicos (una de gravitación universal, y otra de campo eléctrico y magnético). Este año el abanico de aplicaciones se ha ampliado siguiendo diferentes líneas de investigación del bifi. Así, se han desarrollado:

- Aplicación de Docking de proteínas: Se muestra la proteína NS3 causante de la enfermedad de la Hepatitis C, la misma proteína con el fármaco, y una visualización del estado de la enfermedad en la Tierra entre los años 1997 y 1999.
- Aplicación de Fusión: integración de las antiguas aplicaciones de fusión (TJ-II e ITER) en el entorno actual. Permite visualizar el modelo del reactor completo y sus diferentes partes, así como lanzar interactivamente una partícula, o hacer una simulación de miles de partículas.

- Aplicación de Realidad Aumentada: se ha integrado una librería de reconocimiento de fiducials y con ello se pretende que, a través de una webcam un alumno pueda visualizar diferentes modelos en 3d, como pueden ser una proteína o un modelo de un reactor.
- Aplicación de 15M: simulación de redes complejas. Esta aplicación permite la visualización de los mensajes intercambiados entre usuarios de twitter sobre el movimiento del 15 de Mayo aquí en España.
- Aplicación del Dilema del Prisionero: permite la visualización en tiempo real de las colaboraciones o no de los estudiantes en torno al juego del Dilema del prisionero, experimento realizado en diciembre del 2011.
- Aplicación del Sistema Solar: consiste en una recreación en 3D estéreo del sistema solar completo junto con su comportamiento, con un modelo de física lo más fiel a la realidad que nos permiten las tecnologías que usamos. Además, este modelo puede ser modificado en tiempo real para estudiar cómo afectarían variaciones en los elementos del sistema (como la masa) a su comportamiento.
- Aplicación de campo eléctrico: representa diferentes escenarios en los que interactúan protones y electrones con diferentes elementos como puede ser un conductor por el que circula una corriente eléctrica. Este sistema también es interactivo y permite modificar los escenarios para su mejor estudio a través de modelos que se adecúan al comportamiento real.
- Aplicaciones específicas para la Kinect:
- Creación de moléculas complejas de agua, dióxido de carbono y ácido sulfúrico a través de elementos básicos de oxígeno, hidrógeno, carbono y sulfuro. Se basa en realidad aumentada.
- Interacción del usuario con dos mallas de átomos, una positiva y otra negativa, y reacción de la malla (atracción o repulsión) según los movimientos del usuario.

Comentarios de interés. Como novedad se ha introducido un sistema de visualización estéreo activo (una tele 3D y gafas activas) y el sistema de posicionamiento Kinect, de menores dimensiones que las 12 cámarás infrarrojas. Este nuevo sistema permite su transporte de manera fácil y cómoda sin tener que desmontar la sala si se realiza a algún acto fuera del instituto.





LABORATORIO DE REALIDAD AUMENTADA

Descripción. Realidad Aumentada (RA) es el término usado para definir la aplicación de elementos virtuales superpuestos en imágenes reales obtenidas por una cámara. La diferencia sobre la realidad virtual, es que no se sustituye el mundo real, sino que se le añade información de interés al mismo.

Como una ampliación del laboratorio de visualización, se ha creado otro laboratorio de realidad aumentada que permite la simulación de diferentes escenarios físicos sencillos (actualmente un péndulo, un muelle con una carga y una caída libre). Dichos experimentos son realizados de forma totalmente automática gracias a una serie de motores, controladores y sensores eléctricos, y gracias a una cámara web, se captan imágenes de ellos que permiten el análisis de los movimientos de los agentes que intervienen así como la superposición de resultados calculados teóricamente para comprobar su corrección. Este laboratorio está pensado con fines educativos principalmente, ya que este tipo de sistemas pueden ayudar mucho a la comprensión de estos problemas a estudiantes desde secundaria hasta licenciaturas.

Investigador/Técnico responsable/coordinador. Gonzalo Ruiz

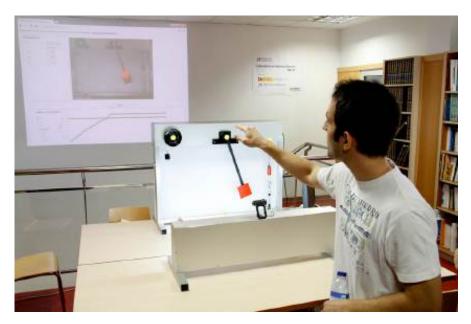
Investigadores/Técnicos implicados. Alfredo Ferrer



Metodología y técnicas disponibles. El laboratorio está compuesto por dos elementos, el dispositivo físico, y el servidor con nuestra aplicación, que permite el acceso remoto al mismo.

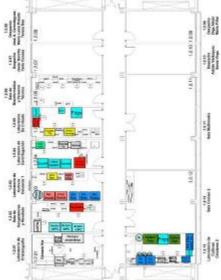
- En el dispositivo físico, que consiste en una estructura de aluminio, se reproducen los tres experimentos físicos de caída libre, péndulo, y muelle con carga. Los elementos están robotizados mediante una serie de motores y placas de manera que pueden ser controlados electrónicamente a través del servidor, al que están conectados a través de USB. Además, se dispone de una cámara web de alta definición con iluminación que captura lo que está pasando en el sistema y se lo transmite al servidor para ser analizado. La iluminación se enciende sólo cuando el sistema está siendo usado para ahorrar energía.
- Nuestra aplicación se encuentra instalada en un servidor suficientemente potente para soportar la carga de usuarios que accedan al sistema. La aplicación consiste en una plataforma web accesible para los alumnos desde cualquier parte del mundo a través de un navegador, que permite el control de la infraestructura para el estudio de los problemas previamente mencionados. Las imágenes que la cámara web captura son analizadas mediante una técnica llamada colorimetría que, gracias a que los elementos están pintados de ciertos colores y a la aplicación de diversos filtros para mejorar la precisión, permiten recoger la posición de los mismos en todo momento, con la que posteriormente se pueden calcular otros parámetros como son velocidad, aceleración, energías, etc. Cuando el alumno entre en el sistema, se le pide realizar una serie prácticas en la que tiene que calcular ciertos parámetros basándose en la teoría que ve en clase. Estos cálculos se utilizan para dibujar elementos virtuales que se comportan conforme a lo que el alumno ha calculado sobre las imágenes que capta la cámara de los elementos reales en movimiento, de manera que pueden comprobar la corrección de las fórmulas y de sus cálculos. El alumno también puede estudiar cómo afectan dichos parámetros al comportamiento de los elementos gracias a unas gráficas comparativas dibujadas en tiempo real.

Comentarios de interés. Como se trata de un sistema real, sólo puede haber 3 alumnos utilizándolo simultáneamente, uno por cada experimento, con intervalos de 10 minutos para que hagan las pruebas que necesiten, y cuando su turno termine, pasará a manejarlo el siguiente que haya accedido a la plataforma en orden cronológico. Por ello, hemos desarrollado también un sistema de reservas que permite utilizar la plataforma más tiempo indicándolo con antelación, pero siempre con un máximo 4 horas a la semana y de 1 hora consecutiva. En mayo, el sistema fue presentado públicamente en IES La Azucarera, y desde entonces ha estado disponible al público un prototipo que ha recibido 3000 visitas. Desde entonces se ha mejorado el diseño del dispositivo físico y se han realizado 3 réplicas, una de ellas estará instalada en el BIFI, y las otras dos en dos colegios de Zaragoza, permitiendo que el sistema sea utilizado por 9 alumnos al mismo tiempo. La dirección de acceso al laboratorio es http://rrlab.bifi.es.



2.7.2. Infraestructuras Bioquímica y Biofísica

Los laboratorios en el Edificio I+D se distribuyen según técnicas y equipos. De esta forma se pretende que todos los investigadores puedan hacer uso cómodamente de las instalaciones y que la distribución del espacio sea más eficaz.



La sección de Biofísica, Bioquímica y Biología molecular y Celular del BIFI está organizada en laboratorios dedicados a aplicaciones específicas, distribuidos en la planta baja del bloque 2 y en la planta segunda del bloque 1.

En la planta baja se localizan los siguientes laboratorios:

LABORATORIO GENERAL 1

Dos laboratorios generales. El mayor de ellos, Laboratorio General 1 (2.0.01) admite 12 puestos de trabajo, incluyendo en cada puesto una mesa de oficina y una poyata alta para experimentación. Incluye puestos informáticos para varios usuarios e instrumentación de laboratorio como microcentrífugas, frigoríficos/congeladores y cabina de seguridad química. En este laboratorio trabajan principalmente estudiantes predoctorales.

LABORATORIA DE ESPECTROSCOPÍA

El Laboratorio de Espectroscopía vanguardia, algunos de ellos adquiridos durante 2010. Aquí se localizan:

(2.0.02) incluye diversos equipos de

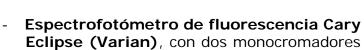
Espectropolarímetro У espectrofotómetro de fluorescencia Chirascan (Applied Photophysics) con control preciso temperatura mediante módulo Peltier y que permite caracterizar la estructura de proteínas У estudiar estabilidad estructural y sus interacciones con otras biomoléculas. tanto en ensayos de equilibrio como (mediante un



módulo de stopped-flow) mediante dicroísmo circular y fluorescencia.

- Espectrofotómetro UV/visible Cary 100 BIO (Varian) con módulo para 6 muestras, permitiendo un control preciso de la temperatura en el formato de cuatro muestras mediante un módulo Peltier.

- Espectrofotómetro NanoVue (GE Healthcare), que permite la medida de muestras en volúmenes pequeños.





(excitación y emisión), polarizador y módulos intercambiables para una muestra, cuatro o placas multipocillo de hasta 384 muestras, permitiendo un control preciso de la temperatura en el formato de cuatro muestras mediante un módulo Peltier. Permite caracterizar la estructura de proteínas y estudiar la estabilidad estructural y sus interacciones con otras biomoléculas, tanto en ensayos de equilibrio como cinéticos. Este aparato permite también análisis de alta capacidad utilizando marcadores fluorescentes en células vivas, permitiendo, por ejemplo, el cribado de

colecciones de compuestos químicos para la identificación de aquellos que inducen muerte celular, diferenciación, etc.

- Equipo de light scattering Dynapro Nanostar (Wyatt) que permite determinar el radio hidrodinámico y la masa molecular de proteínas en disolución y su aplicación en ensayos de desnaturalización de proteínas y su interacción con otras biomoléculas, así como en ensayos de oligomerización/agregación.
- Sistemas automáticos dispensación líquidos de de para de macromoléculas y sistema cristalización de gestión visualización de placas, los cuales permiten hacer cribados de cientos a miles de condiciones de cristalización de proteínas en distintos formatos (gotas sentadas, colgantes, etc) de forma automática y rápida, y posteriormente el mantenimiento de dichas condiciones con la proteína y/o complejos a temperatura constante.

En concreto se dispone de los siguientes equipos:

A/ Sistema de dispensación de volúmenes en el rango de mililitros a modelo PERKIN microlitros, **ELMER** JANUS MINI 8 puntas. Adaptable a diferentes modelos de placas cristalización.



B/ Sistema de dispensación de líquidos en el rango de mililitros a nanolitros, modelo INNOVADYNE NANODROP II. Este sistema se adapta a los formatos de placas tipo "deep well", "linbro" y también a las de 96, 384 y 1536 pocillos

C/ Sistema de almacenamiento de placas y análisis de imagen de las gotas de cristalización, modelo FORMULATRIX ROCK IMAGER 182. Esta unidad almacena hasta 182 placas de diferentes formatos y dispone de un sistema antivibración y de un sistema de enfriamiento Peltier que mantiene la temperatura interior constante respecto de la temperatura ambiental. Su sistema de visionado de las gotas puede programarse para recoger imágenes cada cierto tiempo y así observar la evolución de las mismas y eventualmente la aparición de cristales en alguna de ellas.

D/ Dos estereomicroscopios, modelo LEICA. Con estas lupas se consigue ampliar las gotas de cristalización 80 veces. Una de ellas dispone además de una cámara de fotos y de un ordenador con programa de gestión de imágenes.

LABORATORIO DE CALORIMETRÍA Y SPR

El Laboratorio de Calorimetría y SPR (2.0.03) incluye:

- Calorímetros isotérmicos de titulación VP-ITC (MicroCal, GE Healthcare) que permiten estudiar la energética de interacción entre biomoléculas. Ésta es la única técnica biofísica



que proporciona un estudio termodinámico completo (afinidad, entalpía y entropía de unión) de la interacción entre moléculas biológicas.

Calorímetro automatizado de titulación AUTO-ITC200 (MicroCal, GE Healthcare) que permite realizar ensayos de interacción entre biomoléculas de forma programada sin intervención del usuario. Además, permite reducir considerablemente la cantidad de muestra necesaria y el tiempo experimental. Ésta es la única técnica biofísica que proporciona un

estudio termodinámico completo (afinidad, entalpía y entropía de unión) de la interacción entre moléculas biológicas.

diferencial Calorímetro de barrido VP-DSC (MicroCal, GE Healthcare) que permite estudiar energética de estabilidad estructural de proteínas mediante ensayos de desnaturalización térmica. Esta es la única técnica biofísica proporciona que estudio termodinámico completo de Gibbs. entalpía (energía entropía de



desplegamiento) de la estabilidad estructural de macromoléculas biológicas.

- Equipo de resonancia de plasmones superficiales Biacore T200 (GE Healthcare) que permite estudiar cinéticamente y en equilibrio interacciones entre biomoléculas mediante inmovilización en chips funcionalizados y sin necesidad de marcaje, mediante la determinación de constantes cinéticas de asociación y disociación.
- Cabina de seguridad química.

CÁMARAS FRÍAS

Las cámaras frías (2.0.04) permiten, además de almacenar muestras a 4°C o a -20°C, la realización de experimentos que deben realizarse en frío, como la purificación de proteínas o su separación y análisis mediante algunas técnicas electroforéticas cromatográficas.



LABORATORIO DE BIOLOGÍA MOLECULAR



En el Laboratorio de Biología Molecular (2.0.05) se

- Dos termocicladores para PCR.
- **Equipos** electroforesis de para proteínas y ácidos nucleicos.

- Equipos para inmunoblot.
- **Sistema de electroforesis 2D**, con isoelectroenfoque y electroforesis desnaturalizante.
- Estas técnicas permiten el estudio de proteínas y ácidos nucleicos basándose en su tamaño/forma y carga eléctrica. El sistema de electroforesis 2D permite la realización de experimentos en el campo de la proteómica.
- **Un electroporador.** Permite la transfección de células eucariotas y la tranformación de procariotas con ácidos nucleicos.
- Un sistema de purificación de agua Elix 3 (Millipore) y un sistema de ultra-purificación de agua MilliQ Reference (Millipore).
- Máquina de hielo
- Cabina para manipulación de levaduras
- Cabina de seguridad química.

LABORATORIO GENERAL 2

En el Laboratorio General 2 (2.0.06) se localizan:

- Agitador orbital.
- pHmetro.
- Horno microondas.
- Centrífuga de sobremesa refrigerada.
- Estufa termostatizada.
- Bloque térmico.
- Incubador de rodillos.
- Cabina de seguridad química.

En este laboratorio realizan parte de su trabajo algunos investigadores senior del BIFI.

Laboratorio de Cromatografía y Microscopía

En el Laboratorio de Cromatografía y Microscopía (2.0.07) se localizan:

 Equipos de cromatografía líquida de alta resolución, un HPLC y dos FPLC, que permiten el análisis y la separación de diversas moléculas basándose en parámetros

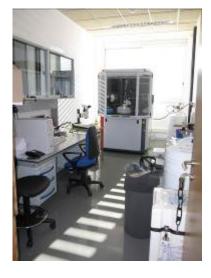




físico-químicos como el tamaño, la forma, la carga o la interacción con distintos tipos de moléculas.

- Microscopio invertido de fluorescencia automatizado Leica DMI 6000B, con sistema de célula viva. Este equipo permite análisis multidimensional 6D (tres dimensiones espaciales, tiempo, distintas posiciones en la muestra y distintos tipos de iluminación, con luz visible o fluorescencia). Incluye un sistema de células viva para time lapse microscopy y un sistema de luz estructurada que permite semiconfocalidad (planos focales más limpios, permitiendo la reconstrucción 3D a partir de distintos planos focales). También incluye un sistema de cambio de filtros de alta velocidad y el sistema dual view para realizar estudios de interacciones moleculares in situ mediante FRET. Incluye el software Metamorph, que permite una gran variedad de análisis, incluyendo identificación y seguimiento de partículas, contaje, medidas de intensidad, etc.
- Dos balanzas electrónicas de precisión
- pHmetro

LABORATORIO DE DIFRACCIÓN DE RAYOS X



En el Laboratorio de Difracción de Rayos X (2.0.08) se localizan:

- Difractómetro de Rayos X modelo **X8** Prospector (Bruker), dotado de una microfuente y un detector Axiom. Desde su instalación en Junio de 2010, se ha utilizado ya resolver una nueva estructura cristalográfica y se están analizando cristales de otras proteínas.
- Lupa binocular.
- Contenedores de nitrógeno líquido, con pieza de autollenado.

En la planta segunda se localizan los siguientes laboratorios:

LABORATORIO DE CRISTALOGRAFÍA

En el Laboratorio de Cristalografía (1.2.01) se lleva a cabo cristalización de proteínas, disponiendo de:

- **Cámara termostatizada** para cristalizaciones a distintas temperaturas (generalmente a 18° C).
- **Cámara anaeróbica,** instalada en 2010, que permite trabajar con proteínas en ambientes



la

reductores e incluso cristalizarlas en distintos estados de reducción.

 Cámara fría, para almacenar reactivos y realizar ensayos de cristalización a 4° C.

Sala de Congeladores y Revelado

La Sala de Congeladores y Revelado (1.2.02). En esta sala se localizan:

- Dos congeladores de -80°C para almacenaje de muestras.



- Arcón congelador de -20°C.
- Liofilizador.
- Sistema de revelado fotográfico. Esta sala se puede mantener en oscuridad total para usarse también como sala de revelado fotográfico.

LABORATORIO DE CULTIVOS CELULARES 1

El Laboratorio de Cultivos Celulares 1 (1.2.03) está dedicado al cultivo de bacterias, levaduras y células de insecto (para ______

expresión de proteínas usando baculovirus). En esta se localizan:

sala

- Cuatro incubadores orbitales termostatizados.
- Incubador orbital de sobremesa.
- Dos estufas de incubación termostatizadas.
- **Autoclave**, para esterilizar por calor medios de cultivo y el material de vidrio y plástico utilizado en experimentación.
- Espectrofotómetro visible/ultravioleta Ultrospec 6300 (GE Healthcare) para medidas espectrofotométricas relacionadas con el cultivo celular.

LABORATORIO DE CENTRIFUGACIÓN

El Laboratorio de Centrifugación (1.2.04) incluye:

- Centrífuga Avanti J-E (Beckman).
- Centrífuga Avanti J-26XP (Beckman), que permiten la centrifugación de volúmenes grandes de muestras.



- **Ultracentrífuga Optima L-100 XP (Beckman)**, que alcanza más de 800000 g, e incluye un rotor de ángulo fijo y uno basculante.
- Balanza de brazos para equilibrado de muestras para centrifugación.
- Balanza electrónica.
- **Sonicador**, para disrupción de células mediante ultrasonidos.

LABORATORIO DE CRIBADO

El Laboratorio de Cribado (1.2.04) incluye:

- PCR REAL TIME, con la que se pueden llevar a cabo experimentos de amplificación de DNA/RNA en tiempo real mediante fluorescencia, cribado de alto rendimiento, etc.
- Lector multimodo para placas multipocillo Synergy HT (Biotek), que funciona como espectrofotómetro, fluorímetro y luminómetro y admite placas de distinto número de pocillos.
- Fluorímetro FluoDia T70 (PTI), con sistema de control de temperatura, para placas multipocillo. Ambos equipos se usan intensivamente en cribados de quimiotecas para identificar compuestos bioactivos.
- Centrífuga para placas multipocillo

SALA DE BIOINFORMÁTICA Y PERSONAL TÉCNICO

En la Sala de Bioinformática y Personal Técnico (1.2.01) se localizan estaciones de trabajo para resolución y análisis de estructuras de proteínas, entre otras técnicas, y se localiza también personal técnico de los laboratorios de biofísica, bioquímica y biología molecular y celular.

LABORATORIO DE CULTIVOS CELULARES 2

El Laboratorio de Cultivos Celulares 2 (1.2.13) se dedica al cultivo de células eucariotas, principalmente de mamíferos (humanos y ratón). Incluye:

- Dos cabinas de flujo laminar.
- Dos incubadores con control de la temperatura y concentración de CO₂.
- Dos microscopios invertidos.
- Centrífuga de sobremesa.
- Baño termostatizado.
- Estufa termostatizada para células de insecto (baculovirus).



- **Incubador para roller-bottles** (crecimiento a gran escala de células eucariotas).
- Cuatro contenedores de nitrógeno líquido para almacenaje de células eucariotas.

Investigador/Técnico responsable/coordinador. Olga Abián y Ramón Hurtado.

Investigadores/Técnicos implicados. Sonia Vega y Miriam Alias

Metodología y técnicas disponibles.

Las técnicas y metodologías disponibles específicas de carácter bioquímico y bifísico se enumeran a continuación:

- **Biología Molecular:** Ingeniería genética y proteínas recombinantes (clonación, mutagénesis, expresión de proteínas recombinantes de interés biotecnológico o biomédico).
- Bioquímica: Purificación de proteínas, ácidos nucleicos y pequeñas moléculas orgánicas mediante cromatografía líquida utilizando columnas de intercambio iónico, afinidad, exclusión molecular y de fase reversa. Ensayos enzimáticos, estructurales y funcionales con proteínas y ácidos nucleicos.
- **Biofísica de moléculas biológicas:** Caracterización de la estabilidad de proteínas, de la interacción proteína-proteína y proteína-ligando y de la función de proteínas.
- **Biología Celular:** Cultivos de células procariotas y eucariotas para expresión de proteínas recombinantes, determinación de eficacia y toxicidad de compuestos bioactivos, y estudios sobre apoptosis. Cultivos de células madre para estudios de diferenciación celular y muerte celular.
- **High-Throughput Screening (HTS):** Métodos de cribado experimental para la búsqueda e identificación de compuestos bioactivos frente a dianas farmacológicas o proteínas de interés tecnológico.
- **Cristalografía:** Obtención de estructuras cristalográficas de proteínas: generación de cristales, análisis de los mismos mediante difracción de rayos X, procesado de los datos obtenidos y resolución de estructuras moleculares.

Apartado 3. Estructura de financiación: captación de recursos y destino de los mismos

La financiación del Instituto BIFI incluye distintas vías de obtención de recursos económicos.

Por una parte, existe una partida de ingreso directa del Gobierno de Aragón y que está destinada directamente al instituto como apoyo a su actividad. La Universidad de Zaragoza aporta también una importante fuente de financiación y que incluye principalmente la financiación de nóminas de una parte de los miembros del BIFI que son Personal Docente Investigador (PDI) o Personal Investigador.

El Gobierno de Aragón también aporta otras fuentes de financiación al BIFI que son de varios tipos: convenios, grupos de investigación reconocidos por el Gobierno de Aragón, proyectos financiados por la Universidad de Zaragoza y por el Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud (IACS) y proyectos que han obtenido financiación a través de una convocatoria de concurrencia competitiva.

Otras fuentes de financiación importantes para el desarrollo de la actividad investigadora del BIFI son sin duda las ayudas recibidas a través de concurrencia competitiva a nivel nacional y europeo para el desarrollo de proyectos individuales y en colaboración.

Durante el año 2012 en el BIFI se han desarrollado con éxito como se ha podido comprobar en el apartado 2 un buen número de proyectos con implicación autonómica, nacional e internacional.

También en 2012 se han incrementado las acciones de transferencia de conocimiento hacia el sector empresarial, a través del desarrollo de proyectos en colaboración entre grupos de investigación con empresas, tendencia que va a dirigir el esquema de investigación global a nivel autonómico, nacional y europeo en los próximos 8 años.

Uno de los proyectos destacados en 2012 en los que ha investigado el BIFI, de esta colaboración público-privada *Sistema experto de probabilidad y severidad de incidentes en red*, liderado por la empresa UNION FENOSA DISTRIBUCION SA ha sido el proyecto que ha conseguido financiación a través del Programa INNPACTO 2012. Este proyecto ayuda a potenciar la actividad innovadora, moviliza la inversión privada, genera empleo y se espera aporte mejora en la balanza tecnológica del país, así como fomentar la participación de las entidades beneficiarias privadas, en especial las PYMEs en proyectos y programas europeos e internacionales.

En el esquema siguiente se recoge la estructura de financiación del BIFI en el año 2012, donde puede observarse los volúmenes económicos aportados por las distintas vías de financiación:

TIPO DE FINANCIACIÓN	Importe ayuda 2012 (€)
APOYO A IUI	116.000
NÓMINAS PERSONAL UZ	1.767.495
PROYECTOS AUTONÓMICOS*	158.230
BIFI Intramurales	15.500
GOBIERNO DE ARAGÓN	142.730
CONVENIOS	20.000
GRUPOS RECONOCIDOS	71.110
CONCURRENCIA COMPETITIVA	23.000
UZ	23.620
IACS	5.000
PROYECTOS NACIONALES*	2.779.872
PROYECTOS EUROPEOS*	1.365.037
PROYECTOS EMPRESAS**	137.871
TOTAL financiación BIFI 2012	6.074.505

*Los tipos de proyectos se designan según su financiación

A continuación se presenta la financiación desglosada por tipos de financiación, identificando los proyectos por su título (puede consultarse información más detallada el apartado 4 de la memoria).

3.1. Financiación basal proporcionada por el Gobierno de Aragón de apoyo al BIFI

La financiación de apoyo del Gobierno de Aragón que proviene de la ayuda que concede a los instituto anualmente supone para el BIFI un 1.9% de la financiación total.

APOYO GOBIERNO DE ARAGÓN AL BIFI	Importe ayuda 2012 (€
Instituto BIFI	116.000

3.2. Financiación basal proporcionada por la Universidad de Zaragoza

La Universidad de Zaragoza aporta indirectamente a la financiación del BIFI las nóminas de las personas que forman parte de la plantilla del propio centro. Se estima que esta financiación es deL 29.1% de la global del instituto.

AYUDA UNIZAR	Importe ayuda 2012 (€
NÓMINAS PERSONAL BIFI DE LA UZ*	1.767.495

^{*}Estimación con salarios medios

^{**}Se incluye la financión del proyecto SEPS a través del programa INNPACTO 2012

3.3. Financiación obtenida en convocatorias de carácter público y concurrencia competitiva: europeos, nacionales y europeos

Ya se ha comentado en la introducción de este apartado que la principal fuente de financiación de la investigación en el Instituto BIFI procede de las ayudas obtenidas en convocatorias, tanto públicas como privadas y en la mayoría de los casos de concurrencia competitiva. Se detallan a continuación la financiación según la tipología de los proyectos. Se ha estimado una financiación semejante para todos los años de duración de proyecto.

3.3.1. Proyectos de carácter europeo

Los proyectos financiados a través de convocatorias europeas durante el 2012 y el importe de la ayuda para este año ha sido el que aparece en la tabla siguiente:

PROYECTOS EUROPEOS	Importe ayuda 2012 (€
SCI-BUS	71.410
SOCIETIC	355.000
PIREGRID	122.733
GLOBAL EXCURSION	46.280
CRONOS	79.027
PLEXMATH	88.044
MULTIPLEX	77.327
SCC COMPUTING	47.824
EGI-InSPIRE	67.092
EDGI	125.800
DEGISCO	34.500
TOTAL	1.115.037

El importe de la ayuda de estos proyectos asciende a 1.115.037 euros, que ronda el 20% de la financiación total del instituto.

3.3.2. Proyectos de convocatorias nacionales

Los proyectos financiados a través de convocatorias nacionales durante el 2012 suponen la mayor de los porcentajes de financiación (45.8%) total del BIFI.

Los proyectos y el importe de la ayuda para este año ha sido el que aparece en la tabla siguiente:

PROYECTOS NACIONALES	Importe ayuda 2012 (€
MICINN/MINECO	Importe ayuda (€) 2012
Mecanismos catalíticos en flavoenzimas: clave para su utilización biotecnológica o terapéutica	110.000
Red Temática de Biotecnología de materiales lignocelulósicos: retos enzimáticos, químicos y moleculares para su aplicación industrial, energética y medioambiental	20.000
Acercamiento computacional a la complejidad en redes, proteínas, y sistemas de muchos agentes	43.000
Procesos dinámicos evolutivos: virus, ecosistemas y comportamientos sociales. PRODIEVO	39.930
O-fucosilación de proteínas: buscando inhibidores para la leucemia linfática celular aguda y para la esclerosis múltiple. BFU2010-19504 (subprograma BMC)	60.000
Estabilidad conformacional de proteínas: principios generales, análisis estabilidad función del r-LDL y búsqueda de nuevas chaperonas farmacológicas.	157.300
BIFI2012 - Protein Targets: Discovery of Bioactive Compound	7.000
Bioavailability of amphiphilic ligands - Drugs and metabolites	6.000
Proteasa NS3 del virus de la hepatitis C: Identificación y caracterización de inhibidores competitivos y alostéricos	45.000
Simulación y modelización de materiales complejos	30.667
Redes, Biofísica y Ciencia No Lineal	156.695
Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte	87.500
Estructuraciones matemáticas en sistemas cuánticos y sus aplicaciones.	3.000
Realidad aumentada	15.000
Identificación de moléculas bioactivas en células troncales mediante cribado funcional de quimiotecas: herramientas para terapias seguras.	19.000
Computación avanzada en sistemas complejos y fenomenos de transporte FIS2012-35719-C02-02 Proyecto coordinado por con las Universidades Complutense y Zaragoza	46.500
Ibercivis, computación voluntaria y ciencia ciudadana	60.000
Ibercivis, Cooperación Hispano Portuguesa en computación voluntaria y ciencia ciudadana	2.500
Equipamiento del Centro de Supercomputación de Aragón (CeSAr)	666.667
Ibercivis: Plataforma de investigación basada en la computación voluntaria	50.000
Acuerdo Ciemat y UZ para el mantenimiento de la organización virtual de fusión. Computación en Grid para Fusión	20.425
Ordenador dedicado de nueva generación (II)	389.940
Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte	55.667
AragrI+D: Creación de una Grid en Aragón (FONDOS FEDER)	327.083
Realidad aumentada	42.000
Subtotal	2.460.872

CIEMAT	Importe ayuda (€) 2012
Cálculos de inducción de corriente y de momento por inyección de partículas neutras energéticas en plasmas de fusión por confinamiento magnético.	20.500
Subtotal	20.500
GENOMA ESPAÑA	Importe ayuda (€) 2012
Convenio colaboración Genoma España	295.000
International Conference BIFI 2012 – Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds	3.500
Subtotal	298.500
TOTAL	2.779.872

3.3.3. Proyectos de convocatorias autonómicas

Los proyectos financiados a través de convocatorias autonómicas suponen un 2.6% de la financiación del BIFI durante el 2012.

Los proyectos y el importe de la ayuda para este año ha sido el que aparece en la tabla siguiente:

AUTONÓMICOS	
BIFI Intramurales	15.500
GOBIERNO DE ARAGÓN	142.730
CONVENIOS	20.000
GRUPOS RECONOCIDOS	71.110
CONCURRENCIA COMPETITIVA	23.000
PROYECTOS UZ	23.620
IACS	5.000
TOTAL	158.230

Según el tipo de proyecto se agrupan en la siguiente tabla:

PROYECTOS AUTONÓMICOS	
BIFI Intramurales	Importe ayuda (€) 2012
Interacciones proteína-proteína implicadas en cáncer pancreático	2.730
Desarrollo de un modelo de mecánica estadística para la predicción de estabilidad y cinética de proteínas	2.260
Análisis informático multiparamétrico de imágenes de microscopía: aplicaciones en diferenciación celular y citotoxicidad	5.450
Movilidad	5.060
TOTAL	15.500

Convenio	Importe ayuda (€) 2012
CeSar	20.000
GRUPOS RECONOCIDOS	Importe ayuda (€) 2012
Grupo Consolidado de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos	26.172
Grupo Consolidado Protein Targets	9.867
Grupo Consolidado Biología Estructural (B18)	18.430
Grupo de Investigación: Física Estadística y No Lineal	12.288
Física Matemática y Teoría de Campos	4.353
	71.110
UNIZAR	Importe ayuda (€) 2012
Producción de métodos audiovisuales para la comprensión del proceso de aislamiento y caracterización de proteínas	1.200
Coordinación de la metodología y actividad de aprendizaje del programa de seminarios, diseñado para homogeneizar la prueba de evaluación de asignaturas del Master de Biología Molecular y Celular.	600
Estructuras matemáticas en sistemas cuánticos y sus aplicaciones	1.500
Identificación de moléculas bioactivas en células troncales mediante cribado funcional de quimiotecas: herramientas para terapias seguras	19.000
International Conference BIFI 2012 – Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds	1.320
,	23.620
Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud IACS	Importe ayuda (€) 2012
Ayuda para utilización de unidades de apoyo de la investigación del Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud	5.000
	5.000
Concurrencia competitiva	Importe ayuda (€) 2012
Bases de datos de resultados computacionales en química y biología molecular, Línea "Jóvenes Investigadores 2010"	15.000
Implantación de un modelo de identificación de generadores de opinión y predicción de tendencias	8.000
	23.000
TOTAL PROYECTOS AUTONÓMICOS	473.067

3.3.4. Financiación obtenida de empresas

Los proyectos en colaboración con empresas durante el 2012 y el importe de la ayuda para el 2012 ha sido el que aparece en la tabla siguiente:

PROYECTOS CON EMPRESAS	Importe ayuda (€) 2012
Expresión y purificación de la proteína de la cápside VP1 de Norovirus genotipo GI.1 y GII.4 variante 2002, que se ensamblan formando partículas pseudovíricas (virus-like particles, VLPs) a partir de la cepa de baculovirus recombinante (producido mediante el sistema de vectores Bac-to-bac de Invitrogen)	2.726
Análisis del efecto en la proliferación de células in-vivo e in- vitro de un nuevo producto	2.726
Expresión y purificación de la proteína de la cápside VP1 de Norovirus genotipo GII.4. Variante 2006.B.	1.796
Modelos de centralidad y comunidades en redes de clientes de operadoras de telecomunicaciones	8.000
Proyecto SEPS(INNPACTO 2012)	117.624
Sistema de visualización con interacción gestual humana (Proyecto de transferencia tecnológica para "Colegio Juan de Lanuza")	5.000
TOTAL	137.871

3.4. Estructura de gastos durante el año 2012

Durante el año 2012 el instituto BIFI ha llevado una gran actividad investigadora y de difusión que ha podido ser llevada a cabo gracias a la financiación descrita en los anteriores puntos de este apartado.

El gasto principal del instituto es el personal que supone aproximadamente un 50% del gasto total. En cuanto a la partida de material fungible de laboratorio supone un 25 % y entre otros costes directos y viajes y dietas se completa el gasto del instituto, siendo la partida de viajes y dietas la menor de todas, que supone un 5%.

Apartado 4. Actividad Científica, Innovadora y Tecnológica

Desde BIFI, en 2012 se han potenciado las líneas de colaboración entre los sectores público y privado y la mayor participación en convocatorias nacionales y sobre todo europeas.

Un desafío para el BIFI es ser motor de arranque para la colaboración con otros agentes, como empresas o centros tecnológicos, que aunque el comienzo de esta colaboraciones es complicado, pero deben tender a instaurarse de una forma estable.

En BIFI su actividad científica se puede incluir en 2 desafíos que consideramos prioritarios que redundan en la participación y beneficio de la sociedad en cuanto al bienestar del ciudadano. Por una parte, Ciencia de Datos y Ciencia Ciudadana y, por otra, Ciencias de la Vida y Biotecnología, dirigidas a la identificación y

desarrollo de nuevas alternativas para la mejora de la salud humana, sanidad ambiental y seguridad alimentaria.

4.1. Proyectos de investigación

En este apartado se van a enumerar todos los proyectos de investigación desarrollados por el instituto BIFI durante el año 2012, incluidos los concedidos anteriormente, pero que durante este año han estado en vigor.

4.1.1. Proyectos de investigación de financiación pública y de concurrencia competitiva

Proyectos Financiados por entidades europeas en 2012

Durante el año 2012, 11 proyectos de investigación financiados por entidades europeas han sido concedidos o han estado en vigor. Los proyectos se incluyen en varios programas de ayudas europeos para el desarrollo de proyectos de investigación, tales como FP7 e Interreg IV Muchos de ellos son proyectos en colaboración prueba fehaciente del buen hacer del instituto BIFI en cuanto a la forma de trabajo en dichos proyectos. Esta financiación europea ha supuesto en 2012 casi un 20% de la total del Intituto.

Título: SCI-BUS. SCIentific gateway Based User Support

Entidad financiadora: Comisión Europea. VII FP

Duración: 2011-2014 Importe total 214.230 €

Investigador principal: Alfonso Taracón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: SOCIETIC

Entidad financiadora: Comisión Europea. VII FP

Duración:

Importe total: 710.000€

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: PIREGRID

Entidad financiadora: INTERREG IV

Duración: 2009-2012 *Importe total*: 368.200 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Global Excursion

Entidad financiadora: Comisión Europea. VII FP

Duración: 2010-2012 Importe total: 92.560 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: SCC COMPUTING: Strategic collaboration with China on supercomputing

bases Tianhe - 1A

Entidad financiadora: VII Programa Marco

Duración: 2012-2013 Importe total: 47.824 € €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: EGI-InSPIRE

Entidad financiadora: Unión Europea

Duración: 2010-2014 *Importe total*: 134.184 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: European Desktop Grid Initiative EDGI

Entidad financiadora: UE FP7 - Infraestructures - 2012 - 2

Duración: 2010 - 2012 *Importe total*: 251.600 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Desktop Grids For International Scientific Colaboration. DEGISCO

Entidad financiadora: UE FP7 - Infraestructures 2010 - 2

Duración: 2010 – 2012 Importe total: 69.000 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Time dynamics and control in nanostructures for magnetic recording and

energy applications. CRONOS

Entidad financiadora: Seventh Framework Programme

Duración: 3 años

Importe total: 310.080 €. *Subvención*: 237.080 €.

Investigador principal: Alberto Castro Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Mathematical framework for multiplex networks (PLEXMATH)

Entidad financiadora: European Union. Project 317614.

Duración: 2012-2015 *Importe total*: 352.176 €

Investigador principal: Yamir Moreno Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Foundational Research on multilevel complex networks and systems

(MULTIPLEX)

Entidad financiadora: European Union. Project 317532

Duración: 2012-2016 Importe total: 309.306 €

Investigador principal: Yamir Moreno Tipo de participación en el proyecto: Líder

Financiados por entidades nacionales en 2012

En cuanto a los proyectos de investigación del BIFI que han sido financiados por entidades nacionales puede decirse que la gran mayoría, excepto 3 de ellos corresponde a la resolución de aprobación de las convocatorias del antiguo Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN) y el actual Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO), en diferentes programas de financiación.

Título: Mecanismos catalíticos en flavoenzimas: clave para su utilización biotecnológica o terapéutica.

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación (actual MINECO).

BIO2010-14983

Duración: Enero 2011-Diciembre 2013

Importe total: 266.000 €. Subvención: 220.000 €

Investigador principal: Milagros Medina Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Realidad aumentada.

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación y Fundación Caixa.

FCT-11-1909

Duración: Enero 2011-Mayo 2012

Subvención: 42.000 €

Investigador principal: Milagros Medina Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Red Temática de Biotecnología de materiales lignocelulósicos: retos enzimáticos, químicos y moleculares para su aplicación industrial, energética y medioambiental.

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO).

BIO2011-15394-E

Duración: 2012

Subvención: 20.000 €

Investigador principal: Susana Camero Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Acercamiento computacional a la complejidad en redes, proteínas, y

sistemas de muchos agentes.

Entidad financiadora: FIS2009-13364-C02-01 (MICINN)

Duración: 01/01/2010-31/12/2012

Subvención: 86000€

Investigador principal: Pierpaolo Bruscolini *Tipo de participación en el proyecto*: líder

Título: Acercamiento computacional a la complejidad en redes, proteínas, y

sistemas de muchos agentes

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación

Duración: 2010-2012 Importe total: 340.911

Investigador principal: Pierpaolo Bruscolini Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Inhibición de la agregación de proteínas por polielectrolitos de alta

densidad de carga. IPD

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad. CTQ2011-24393.

Duración: 2012-2014 Importe total: 92.000 €

Investigador principal: Javier Gómez Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Spanish Ion Channel initiative. SICI

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad. CSD2008-00005.

Duración: 2009-2013 *Importe total*: 180.000 €

Investigador principal: José Luis Neira Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Procesos dinámicos evolutivos: virus, ecosistemas y comportamientos

sociales. PRODIEVO.

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad

Duración: 2012-2014

Importe total: 39.930 €. *Subvención*: 39.930 € *Investigador principal*: José Antonio Cuesta Ruiz

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: O-fucosilación de proteínas: buscando inhibidores para la leucemia linfática celular aguda y para la esclerosis múltiple. BFU2010-19504 (subprograma BMC)

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación

Duración: enero 2011-diciembre 2013

Subvención: 120000 €

Investigador principal: Ramón Hurtado-Guerrero

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Modelos físicos para la simulación de tránsitos conformacionales en proteínas

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación. Proyecto FIS2009-

13364-C02-02

Duración: 2010 – 2012

Importe total: 35.000 €. Subvención: 35.000 €

Investigador principal: Antonio Rey Gayo Tipo de participación en el proyecto: IP

Título: Convenio de colaboración Entidad financiadora: Genoma España

Duración: 2008-2012

Importe total: 295.000 €. Subvención: 295.000 €

Investigador principal: Javier Sancho Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Estabilidad conformacional de proteínas: principios generales, análisis estabilidad función del r-LDL y búsqueda de nuevas chaperonas farmacológicas.

Entidad financiadora: MICINN

Duración: 2011-2013

Importe total: 260.000 €. Subvención:260.000 €

Investigador principal: Javier Sancho Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Técnicas avanzadas de resonancia paramagnética electrónica (EPR) para el diseño de materiales funcionales bioinspirados con aplicaciones energéticas.

Entidad financiadora: Plan Nacional I+D+i. Ref: MAT2011-23861.

Duración: 2012-2014 Importe total: 61.983 €

Investigador principal: Jesús Ignacio Martínez Martínez

Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: BIFI2012 - Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad (SAF2011-15732-

E)

Duración: 2012

Importe total: 7.000 €. Subvención: 7.000 € Investigador principal: Adrián Velázquez Campoy

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: International Conference BIFI 2012 - Protein Targets: Discovery of

Bioactive Compounds

Entidad financiadora: Fundación Genoma España

Duración: 2012

Importe total: 3.500 €. *Subvención*: 3.500 € *Investigador principal*: José Alberto Carrodeguas

Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Bioavailability of amphiphilic ligands - Drugs and metabolites

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación (Proyectos de Movilidad

- Acciones Integradas, PRI-AIBPT-2011-1025)

Duración: 2012-2013

Importe total: 6.000 €. Subvención: 6.000 € Investigador principal: Adrián Velázquez Campoy

Tipo de participación en el proyecto: Líder (Grupo español)

Título: Proteasa NS3 del virus de la hepatitis C: Identificación y caracterización

de inhibidores competitivos y alostéricos

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación (BFU2010-19451)

Duración: 2010-2013

Importe total: 90.000 €. Subvención: 90.000 € Investigador principal: Adrián Velázquez Campoy

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Simulación y modelización de materiales complejos (FIS2009-12648-

C03-01)

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación

Duración: del 1/1/2009 al 31/12/2012

Importe total: 101.850,00 €. *Subvención*: 92000,00€

Investigador principal: Víctor Martín Mayor

Tipo de participación en el proyecto: Se trata de un proyecto coordinado UCM/UZ. Los miembros de la UZ pertenecen al BIFI. Los de la UCM son

miembros correspondientes del BIFI. El coordinador del proyecto pertenece a la UCM.

Título: Redes, Biofísica y Ciencia No Lineal

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación. (FIS2011-25167)

Duración: 1-1-2012 hasta 31-12-2014

Importe total: 313390 €.

Investigador principal: Juan José Mazo Torres

Título: Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte

Entidad financiadora: MICINN

Duración: 2010-2012

Importe total: 174999.99 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Investigador

Título: Estructuraciones matemáticas en sistemas cuánticos y sus aplicaciones.

Entidad financiadora: MICINN

Duración: 2012

Importe total: 3000

Investigador principal: Jesús Clemente Gallardo

Tipo de participación en el proyecto: Investigador Principal

Título: Realidad aumentada Entidad financiadora: FECYT

Duración: 2011-2012

Importe total: 62.022,10 €. Subvención: 30.000€ Investigador principal: Alfonso Tarancón Lafita Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Modificación de cápsidas víricas por ingeniería de proteínas, como una etapa en el desarrollo de nanocontenedores para la administración dirigida de fármacos. BIO2009-10092

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación

Duración: 3 años

Importe total: 314.600 €. *Subvención*: 314.600 € *Investigador principal*: Mauricio García Mateu

Tipo de participación en el proyecto:

Título: Plasmónica en grafeno y supercies metálicas.

Entidad financiadora: Proyecto del Plan Nacional de I+D+I. (MAT2011-28581-

C02-02)

Duración: 2012 hasta: 2014

Importe total: 90000

Investigador principal: Luis Martín Moreno Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Consolider NanoLight.es

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia e Innovación (CSD2007-046)

Duración: 2008 hasta: 2012 Importe total: 367884€.

Investigador principal: Niek Van Hulst

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Sistema experto de probabilidad y severidad de incidentes en redes

eléctricas

Entidad financiadora: MINECO

Duración: 2012-2014

Investigador Principal: David Iñiguez Dieste

Importe total del Proyecto (para la BIFI): 149995,06

Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Computación avanzada en sistemas complejos y fenómenos de transporte

FIS2012-35719-C02-02 Entidad financiadora: MINECO

Duración: 2012-2014

Investigador Principal: David Iñiguez Dieste Importe total del subproyecto: 93.000 €

Tipo de participación en el proyecto: Proyecto coordinado UCM/UZ

Título: Ibercivis, computación voluntaria y ciencia ciudadana

Entidad Financiadora: MICINN

Duración: 2012

Investigador Principal: Alfonso Tarancón *Importe Total* del Proyecto: 60.000 €

Título: Ibercivis, Cooperación Hispano Portuguesa en computación voluntaria y

ciencia ciudadana

Entidad financiadora: MINECO

Duración: 2012

Investigador Principal: A. Tarancón Importe Total del Proyecto: .2.500 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Cálculos de inducción de corriente y de momento por inyección de partículas neutras energéticas en plasmas de fusión por confinamiento

magnético.

Entidad financiadora: CIEMAT:

Duración: 2011-2012

Investigador Principal: A. Tarancón Importe Total del Proyecto: 41.000 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Equipamiento del Centro de Supercomputación de Aragón (CeSAr)

Administración Financiadora: MICINN

Duración: 2011-2014

Investigador Principal: A. Tarancón Importe Total del Proyecto: 2. 000.000 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Ibercivis: Plataforma de investigación basada en la computación

voluntaria

Entidad financiadora: MICINN

Duración: 2011-2012

Investigador Principal: A. Tarancón

Importe total del Proyecto: 100.000 € *Tipo de participación en el proyecto: Líder*

Título: Acuerdo Ciemat y UZ para el mantenimiento de la organización virtual de

fusión. Computación en Grid para Fusión

Entidad Financiadora: CIEMAT

Duración: 2010-2012

Investigador Principal: A. Tarancón Importe Total del Proyecto: 40.850 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Ordenador dedicado de nueva generación (II)

Entidad financiadora: FEDER-MEC

Duración: 2010-2012

Investigador Principal: José Félix Sáenz Lorenzo

Responsable Científico: A. Tarancón Importe total del proyecto: 779.879 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Computación avanzada en materiales y fenómenos de transporte

Entidad financiadora: MEC FIS 2009-12648-C03-02. Proyecto coordinado

Universidad de Zaragoza y Universidad Complutense de Madrid

Duración: 2009-2012

Investigador Principal en Aragón: A. Tarancón

Importe concedida Universidad de Zaragoza: 167.000 € + 1 Beca predoctoral

Importe total del proyecto: 167.000 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: AragrI+D: Creación de una Grid en Aragón (FONDOS FEDER)

Entidad financiadora: FEDER-MEC

Duración: 2010-2012

Responsable Científico: A. Tarancón Importe total del proyecto: 654.165 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Física Estadística, Teoría y Simulación de Sistemas Complejos, y sus

Aplicaciones Multi-disciplinarias

Entidad financiadora: MICINN-FEDER, FIS2009-08451

Duración: 2009-2013

Responsable Científico: Joaquín Marro Importe total del proyecto: 654.165 € Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Evolucion multigenomica de las gramineas templadas (Pooideae, Poaceae). Biogeografia y filogeografia de especies modelo de pooideas (Festuca,

Anthoxanthum s.l, Brachypodium, Bromus) en el viejo mundo

Entidad financiadora: Ministerio de Ciencia y Tecnología - CICYT. Proyecto

CGL2009-12955-C02-01 Duración: 2012-2012

Importe total: €. Subvención: € Investigador principal: Pilar Catalán Entidades participantes: Universidad de Zaragoza, Universidade da Coruña, Universidad de Leon, Indiana University, Natural History Museum (Oslo)

Título: Genética y ecología del paisaje de pastos subalpinos pirenaico-cantábricos (Festuca, Gramineae): Conservación de la biodiversidad y restauración vegetal. Entidad financiadora: Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino.

Organismo Autónomo de Parques Nacionales. Proyecto 059/2009

Duración: 2012-2012

Importe total: 83.547 €. Subvención: 83.547 €

Investigador principal: Pilar Catalán

Entidades participantes: Universidad de Zaragoza, Instituto Pirenaico de

Ecología, Universidade da Coruña, Universidad de León

Financiados por entidades autonómicas en 2012

La financiación por entidades autonómicas en 2012 para el desarrollo de proyectos de investigación ha sido de varios tipos. Ha habido colaboraciones enmarcadas en convenios de colaboración, como el que se firma con el Gobierno de Aragón para soporte de CeSAr.

Por otro lado, los investigadores pertenecen en un elevado porcentaje a grupos de investigación reconocidos por el Gobierno de Aragón, que reciben subvención anual.

CONVENIOS

Título: Convenio con el Gobierno de Aragón para soporte del nodo de la RES,

CAESARAUGUSTA

Entidad financiadora: Gobierno de Aragón

Duración: 2012

Importe total: 20.000

Investigador principal: A. Tarancón

Tipo de participación en el proyecto: líder

GRUPOS RECONOCIDOS POR EL GOBIERNO DE ARAGÓN

Título Grupo Consolidado de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos

Entidad financiadora: Diputación General de Aragón

Duración: 2012

Importe total: 26.172 €. Subvención: 26.172 €

Investigador principal: Alfonso Tarancón Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título Grupo Consolidado Protein Targets

Entidad financiadora: Diputación General de Aragón

Duración: 2012

Importe total: 9.867 €. Subvención: 9.867 € Investigador principal: Javier Sancho Sanz Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Grupo Consolidado Biología Estructural (B18) *Entidad financiadora:* Diputación General de Aragón

Duración: 2012

Subvención: 18.430 €

Investigador principal: Carlos Gómez-Moreno Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Grupo de Investigación: Física Estadística y No Lineal.

Entidad financiadora: Diputación General de Aragón.

Duración: 2012

Importe total: 12.288 €. Subvención: 12.288 € Investigador principal: Dr. Luis Mario Floría Peralta.

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Física Matemática y Teoría de Campos

Entidad financiadora: DGA Duración: 2011-2012

Importe total: 4.353 €. Subvención: 4.353€ Investigador principal: Manuel Fernández Rañada Tipo de participación en el proyecto: Investigador

UNIVERSIDAD DE ZARAGOZA

Título: Producción de métodos audiovisuales para la comprensión del proceso de aislamiento y caracterización de proteínas.

Entidad financiadora: Universidad de Zaragoza. PIECyT_11_1_184

Duración: Año Académico, 2011-2012

Importe total: 1.200 €

Investigador principal: Alberto Anel

Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Coordinación de la metodología y actividad de aprendizaje del programa de seminarios, diseñado para homogeneizar la prueba de evaluación de asignaturas del Master de Biología Molecular y Celular.

Entidad financiadora: Universidad de Zaragoza. PIECyT_11_1_315

Duración: Año Académico, 2011-2012

Importe total: 600 €

Investigador principal: María Iturralde Navarro Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Estructuras matemáticas en sistemas cuánticos y sus aplicaciones

Entidad financiadora: Universidad de Zaragoza

Duración: 2012

Importe total: 1.500 €

Investigador principal: Jesús Clemente Gallardo

Tipo de participación en el proyecto: Investigador Principal

Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud IACS

Título del proyecto: Ayuda para utilización de unidades de apoyo de la investigación del Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud.

Entidad financiadora: Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud.

Entidades participantes: Universidad de Zaragoza. Instituto Aragonés de Ciencias

de la Salud.

Duración, desde: 2012 hasta: 2012 Cuantía de la subvención: 5.000 €

Investigador responsable: José A. Carrodeguas.

Tipo de participación en el proyecto: Investigador principal

CONCURRENCIA COMPETITIVA

Título: Bases de datos de resultados computacionales en química y biología

molecular, Línea "Jóvenes Investigadores 2010"

Entidad financiadora: Aragón I+D (ARAID) e IberCaja)

Duración: 27/12/2010-01/11/2012 Investigador principal: Pablo Echenique

Importe total: 30.000€

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Implantación de un modelo de identificación de generadores de opinión y

predicción de tendencias

Entidad financiadora: Gobierno de Aragón

Duración: 2012

Investigador principal: Importe total: 8.000€

Tipo de participación en el proyecto: Líder

PROYECTOS INTRAMURALES BIFI

Título: Interacciones proteína-proteína implicadas en cáncer pancreático

Entidad financiadora: Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas

Complejos (Proyectos Intramurales 2011)

Duración: 2011-2012

Importe total: 2.730 €. Subvención: 2.730 € Investigador principal: Adrián Velázquez Campoy

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Desarrollo de un modelo de mecánica estadística para la predicción de estabilidad y cinética de proteínas

Entidad financiadora: Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas

Complejos (Proyectos Intramurales 2011)

Duración: 2011-2012

Importe total: 2.260 €. Subvención: 2.260 € Investigador principal: Pierpaolo Bruscolini Tipo de participación en el proyecto: Socio

Título: Análisis informático multiparamétrico de imágenes de microscopía:

aplicaciones en diferenciación celular y citotoxicidad

Entidad financiadora: BIFI

Duración: 2012

Importe total: 5.450 €

Investigador principal: José Alberto Carrodeguas y David Íñiguez

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Movilidad

Entidad financiadora: BIFI

Duración: 2012

Importe total: 5.060 €

Investigador principal: Yamir Moreno y David Íñiguez

Tipo de participación en el proyecto: Líder

COMUNIDAD AUTÓNOMA DE MADRID

Título: Modelización y simulación de sistemas complejos. MODELICO-CM.

Entidad financiadora: Comunidad de Madrid

Duración: 2010-2013

Importe total: 816.500 €. Subvención: 816.500 €

Investigador principal: Enrique Lomba García (coordinador), José A. Cuesta (I.P.

del nodo GISC-UC3M)

Tipo de participación en el proyecto: Líder

Título: Química a alta presión, QUIMAPRES

Entidad financiadora: Comunidad de Madrid. Proyecto S2009/PPQ-1551

Duración: 2010 – 2013

Importe total: 893.300 €. Subvención: 75.000 € Investigador principal: Valentín García Baonza

Tipo de participación en el proyecto: IP del subproyecto UCM-SIMPOL

4.1.2. Proyectos participados o liderados por investigadores pertenecientes al IUI financiados por empresas

Con este tipo de proyectos el Instituto BIFI quiere facilitar la transmición al entorno empresarial las capacidades y conocimiento adquirido a través de la I+D de los grupos e institutos de investigación del instituto, poniendo en contacto a investigadores con empresas, de manera que éstas puedan incorporar los avances científicos generados en la Universidad, a sus productos y procesos. Durante el 2012 se han llevado a cabo estos proyectos:

Título del proyecto: Expresión y purificación de la proteína de la cápside VP1 de Norovirus genotipo GI.1 y GII.4 variante 2002, que se ensamblan formando partículas pseudovíricas (virus-like particles, VLPs) a partir de la cepa de baculovirus recombinante (producido mediante el sistema de vectores Bac-to-bac de Invitrogen).

Entidad financiadora: Certest Biotec. S.L.

Entidades participantes: Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas

Complejos/ Certest Biotec S.L.

Duración, desde: 2012 hasta: 2013 Cuantía de la subvención: 2725,8 €

Investigador responsable: José A. Carrodeguas.

Título del proyecto: Análisis del efecto en la proliferación de células in-vivo e invitro de un nuevo producto.

Entidad financiadora: María Teresa Bascuas Poc

Entidades participantes: Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas

Complejos.

Duración, desde: 2012 hasta: 2012

Cuantía de la subvención: 1795,96 €

Investigador responsable: José A. Carrodeguas.

Título del proyecto: Expresión y purificación de la proteína de la cápside VP1 de

Norovirus genotipo GII.4. Variante 2006.B. *Entidad financiadora:* Certest Biotec. S.L.

Entidades participantes: Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas

Complejos/ Certest Biotec S.L. Duración, desde: 2012 hasta: 2012 Cuantía de la subvención: 2725,8 €

Investigador responsable: José A. Carrodeguas.

Título del proyecto: Modelos de centralidad y comunidades en redes de clientes

de operadoras de telecomunicaciones

Empresa: Trustserver. Gobierno de Aragón. Cheque Tecnológico

Duración; Marzo-agosto 2012 Importe del proyecto: 8000

Investigador principal: Yamir Moreno

Título: Modelo de identificación de clientes únicos en una compañía de telefonía

móvil

Entidad financiadora: Applied Advanced Analytics

Duración: 2011-2012 Importe total: 12800€

Investigador principal: David Iñiguez

Título: Sistema de visualización con interacción gestual humana

Entidad financiadora: Proyecto de transferencia tecnológica para "Colegio Juan

de Lanuza". Duración: 2012 Importe total: 5000€

Investigador principal: David Iñiguez

4.2. Publicaciones

Las publicaciones científicas que se han generado a partir de la actividad investigadora de los miembros del Instituto BIFI se recogen en la siguiente tabla. En ella se identifican todos los artículos del 2012 publicados en revistas de difusión internacional y su índice de impacto reconocido según el Institute for Scientific Information-ISI.

	ISI
Aguado-Llera D, Bacarizo J, Gregorio-Teruel L, Taberner-Sanchís F, Cámara-Artigas A, and Neira JL. Biophysical characterization of the isolated c-terminal region of the transient receptor potential vanilloid 1. FEBS Letters 586:1154-1159	3.538
Aguado-Llera D, Doménech R, Marenchino M, Vidal M, and Neira JL. Non-canonical residues of the marginally stable monomeric ubiquitin conugase from goldfish are involved in binding to the c-terminus of Ring1B. Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics 1824:991-1001	3.635
Alonso JL, Clemente-Gallardo J, Cuchí JC, Echenique P, and Falceto F. Ehrenfest dynamics is purity non-preserving: A necessary ingredient for decoherence. Journal of Chemical Physics 137:054106	3.333
Alonso JL, Castro A, Clemente-Gallardo J, Echenique P, Mazo JJ, Polo V, Rubio A, and	3.333

Zueco D. Non-adiabatic effects within a single thermally-averaged potential energy surface: Thermal expansion and reaction rates of small molecules. Journal of Chemical	
Physics 137:22A533	
Alonso JL, Castro A, Echenique P, and Rubio A. On the combination of TDDFT with	
molecular dynamics: New developments. In "Time Dependent Density Functional Theory"	NA
(Miguel Marques et al, Eds.), pp.301–315, Lecture Notes in Physics 837 (Springer	147 (
Berlin/Heidelberg) Alvarez G, Aso N, Belanger DP, Durand AM, Martin-Mayor V, Motoya K, and Muro Y.	
Neutron scattering experiments and simulations near the magnetic percolation threshold of	3.691
FexZn1-xF2. Physical Review B 86:24416	0.071
Alvarez-Estrada RF, Calvo GF, and Serrano H. A transfer integral technique for solving a	
class of linear integral equations: Convergence and applications to DNA. Journal of	1.112
Computational and Applied Mathematics 236: 3561-3571	
Alvarez-Estrada RF, Pastor I, Guasp J, and Castejón F. Nonlinear relativistic single-electron	
Thomson scattering power spectrum for incoming laser of arbitrary intensity. Physics of	2.147
Plasmas 19:062302 Alvarez-Estrada RF. Classical and quantum models in non-equilibrium statistical	
mechanics: Moment methods and long-time approximations. Entropy 14:291-322	1.183
Andrade X, Alberdi-Rodríguez J, Strubbe DA, Oliveira MJT, Nogueira F, Castro A, Muguerza	
J, Arruabarrena A, Louie SG, Aspuru-Guzik A, Rubio A, and Marques MAL. Time-dependent	0.547
density-functional theory in massively parallel computer architectures: The Octopus	2.546
project. Journal of Physics - Condensed Matter 24:233202	
Angarica VE, and Sancho J. Protein dynamics governed by interfaces of high polarity and	4.092
low packing density. PLoS ONE 7:e48212	
Baity-Jesi M, Baños RA, Cruz A, Fernandez LA, Gil-Narvion JM, Gordillo-Guerrero A, Guidetti M, Iñiguez D, Maiorano A, Mantovani F, Marinari E, Martin-Mayor V, Monforte-	
Garcia J, Muñoz Sudupe A, Navarro D, Parisi G, Pivanti M, Perez-Gaviro S, Ricci-Tersenghi	
F, Ruiz-Lorenzo JJ, Schifano SF Seoane B, Tarancon A, Tellez P, Tripiccione R, and Yllanes	1.562
D. Reconfigurable computing for Monte Carlo simulations: Results and prospects of the	
Janus project. European Physical Journal -Special Topics 210:33-51	
Baños RA, Cruz A, Fernandez LA, Gil-Narvion JM, Gordillo-Guerrero A, Guidetti M, Iñiguez	
D, Maiorano A, Marinari E, Martin-Mayor V, Monforte-Garcia J, Muñoz Sudupe A, Navarro	0.401
D, Parisi G, Perez-Gaviro S, Ruiz-Lorenzo JJ, Schifano SF, Seoane B, Tarancon A, Tellez P, Tripiccione R, and Yllanes D. Thermodynamic glass transition in a spin glass without time-	9.681
reversal symmetry. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 109:6452-6456	
Baños RA, Fernandez LA, Martin-Mayor V, and Young AP. Correspondence between long-	0.704
range and short-range spin glasses. Physical Review B 86:134416	3.691
Barrera FN, and Neira JL Turbulent times in southern European science. The Lancet	38.278
380:1229-1230	30.270
Bastolla U, Bruscolini P, and Velasco JL. Sequence determinants of protein folding rates:	0.000
Positive correlation between contact energy and contact range indicates selection for fast	3.392
folding. Proteins - Structure, Function and Bioinformatics 80:2287–2304 Billoire A, Maiorano A, and Marinari E. Correlated domains in spin glasses. Journal of	
Statistical Mechanics – Theory and Experiment	1.727
Bocanegra R, Rodríguez-Huete A, Fuertes MA, and Mateu MG. Molecular recognition in the	2.041
human immunodeficiency capsid and antiviral design. Virus Research 169:388-410	2.941
Borge-Holthoefer J, and Moreno Y. Absence of influential spreaders in rumor dynamics.	2.255
Physical Review E 85:026116	
Borge-Holthoefer J, González-Bailón S, Rivero A, and Moreno Y. The Spanish Indignados	
Movement: Time dynamics, geographical distribution, and recruitment mechanisms.	NA
Chapter contribution to Online Collective Action Borge-Holthoefer J, Meloni S, Gonçalves B, and Moreno Y. Emergence of influential	
spreaders in modified rumor models. Journal of Statistical Physics	1.397
Borge-Holthoefer J, Moreno Y, and Arenas A. Topological versus dynamical robustness in a	0.755
lexical network. International Journal of Bifurcation and Chaos 22:1250157	0.755
Borge-Holthoefer J, Rivero A, and Moreno Y. Locating privileged information spreaders	2.255
during political protests on an Online Social Network. Physical Review E 85:066123	
Cánovas A, Varona L, Burgos C, Galve A, Carrodeguas JA, Ibáñez-Escriche N, Martín-	2.007
Burriel I, and López-Buesa P. Early postmortem gene expression and its relationship to composition and quality traits in pig longissimus dorsi muscle. Journal of Animal Science	2.096
Capitán JA, Borge-Holthoefer J, Gómez S, Martínez-Romo J, Araujo L, Cuesta JA, and	
Arenas A. Local-based semantic navigation on a networked representation of information.	4.092

PLoS ONE 7:e43694	I
Cardillo A, Meloni S, Gomez-Gardeñes J, and Moreno Y. Velocity-enhanced cooperation of moving agents playing public goods games. Physical Review E 85:067101	2.255
Carretero-Palacios S, García-Vidal FJ, Martín-Moreno L, and y S. G. Rodrigo. Effect of film thickness and dielectric environment on optical transmission through subwave-length holes. Physical Review B 85:035417	3.691
Castellanos M, Pérez R, Carrasco C, Hernando-Pérez M, Gómez-Herrero J, de Pablo PJ, and Mateu MG. A balance between stiffness and elasticity provides a mechanical foundation for the infectivity of a virus. Proceedings of the National Acadademy of Sciences USA 109:12028-12033	9.681
Castellanos M, Pérez R, Carrillo PJP, de Pablo PJ, and Mateu MG. Mechanical disassembly of single virus particles reveals kinetic intermediates predicted by theory. Biophysical Journal 102:2615-2624	3.653
Castro A, and Gross EKU. Quantum optimal control. In "Time Dependent Density Functional Theory" (Miguel Marques et al, Eds.), pp.265–276, Lecture Notes in Physics 837 (Springer Berlin/Heidelberg)	NA
Castro A, Isla M, Martínez JI, and Alonso JA. Scattering of a proton with the Li4 cluster: Non-adiabatic molecular dynamics description based on time-dependent density-functional theory. Chemical Physics 399:230	1.896
Castro A, Werschnik J, and Gross EKU. Controlling the dynamics of many-electron systems from first principles: A marriage of optimal control and time-dependent density-functional theory. Physical Review Letters 109:153603	7.370
Cavagna A, Grigera TS, and Verrocchio P. Dynamic relaxation of a liquid cavity under amorphous boundary conditions. Journal of Chemical Physics 136:204502	3.333
Clemente-Gallardo J, and Marmo S. Tensorial description of quantum mechanics, Physica Scripta T150	1.204
Conesa C, Doss MX, Antzelevitch C, Sachinidis A, Sancho J, and Carrodeguas JA. Identification of specific pluripotent stem cell death-inducing small molecules by chemical screening. Stem Cell Reviews and Reports 8:116-127	3.739
Conte R, Gilbert N, Cioffi-Revilla C, Deffuant G, Kertesz J, Loreto V, Moat S, Nadal JP, Sánchez A, Nowak A, Flache A, San Miguel M, and Helbing D. Manifesto of computational social science. European Physical Journal - Special Topics 214:325-346	1.562
Cozzo E, Arenas A, and Moreno Y. Stability of boolean multilevel networks. Physical Review E 86:036115	2.255
Cronin KA, and Sánchez A. Social dynamics and cooperation: The case of nonhuman primates and its implications for human behavior. Advances in Complex Systems 15 (Suppl.1):1250066	0.653
Doménech R, Martínez-Gómez AI, Aguado-Llera D, Martínez-Rodríguez S, Clemente- Jiménez JM, Velázquez-Campoy A, and Neira JL. Stability and binding of the phosphorylated species of the N-terminal domain of enzyme I and the histidine phosphocarrier protein from the Streptomyces coelicolor phosphoenolpyruvate:sugar phosphotransferase system. Archives of Biochemistry and Biophysics 526:44-53	2.935
Doménech R, Martínez-Rodríguez S, Velázquez-Campoy A, and Neira JL. Peptides as inhibitors of the first phosphorylation step of the Streptomyces coelicolor phosphoenolpyruvate: sugar phosphotransferase system. Biochemistry 51:7393-7402	3.422
Enciso M, and Rey A. Simple model for the simulation of peptide folding and aggregation with different sequences. Journal of Chemical Physics 136:215103	3.333
Espinosa J, López-Redondo ML, Miguel-Romero I, Neira JL, Marina A, and Contreras A. Insights into the mechanism of activation of the phosphorylation-independent response regulator NBLR. Role of residues Cys69 and Cys96. Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms 1812:382-390	4.405
Faísca PFN, Travasso RDM, Parisi A, Rey A. Why do protein folding rates correlate with metrics of native topology? PLoS ONE 7:e35599	4.092
Farmer JD, Gallegati M, Hommes C, Kirman A, Ormerod P, Cincotti S, Sánchez A, and Helbing D. A complex systems approach to constructing better models for managing financial markets and the economy. European Physical Journal - Special Topics 214:295-324	1.562
Fernandez LA, Gordillo-Guerrero A, Martin-Mayor V, and Ruiz-Lorenzo JJ. Numerical test of the Cardy-Jacobsen conjecture in the site-diluted Potts model in three dimensions. Physical Review B	3.691
Fernández LA, Martin-Mayor V, Seoane B, and Verrocchio P. Equilibrium fluid-solid coexistence of hard spheres. Physical Review Letters 108:165701	7.370

Fernández-Fueyo E, Ruiz-Dueñas FJ, Ferreira P, +62 autores, and Cullen D. Comparative genomics of Ceriporiopsis-subvermispora and Phanerochaete-chrysosporium provide insight into selective ligninolysis. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 109:5458-5463	9.681
Fiasconaro A, and Falo F. A dynamical model for the full stretching curve of DNA. Physical Review E 86:032902	2.255
Fiasconaro A, Mazo JJ, and Falo F. Michaelis-Menten dynamics of a polymer chain out of a dichotomous ATP-based motor. New Journal of Physics 14:023004	4.177
Floudas D, Binder M, Riley R, Barry K, Blanchette RA, Henrissat B, Martínez AT, Otillar R, Spatafora JW, Yadav JS, Aerts A, Benoit I, Boyd A, Carlson A, Copeland A, Coutinho PM, de Vries RP, Ferreira P, Findley K, Foster B, Gaskell J, Glotzer D, Górecki P, Heitman J, Hesse C, Hori C, Igarashi K, Jurgens JA, Kallen N, Kersten P, Kohler A, Kües U, Kumar TK, Kuo A, LaButti K, Larrondo LF, Lindquist E, Ling A, Lombard V, Lucas S, Lundell T, Martin R, McLaughlin DJ, Morgenstern I, Morin E, Murat C, Nagy LG, Nolan M, Ohm RA, Patyshakuliyeva A, Rokas A, Ruiz-Dueñas FJ, Sabat G, Salamov A, Samejima M, Schmutz J, Slot JC, St John F, Stenlid J, Sun H, Sun S, Syed K, Tsang A, Wiebenga A, Young D, Pisabarro A, Eastwood DC, Martin F, Cullen D, Grigoriev IV, and Hibbett DS. The Paleozoic origin of enzymatic lignin decomposition reconstructed from 31 fungal genomes. Science 336:1715-1719	31.201
García-Fandiño R, Bernadó P, Ayuso-Tejedor S, Sancho J and Orozco M. Defining the nature of thermal intermediate in 3 state folding proteins. Apoflavodoxin, a study case. PLoS Computational Biology 8: e1002647	5.215
García-Risueño P, and Echenique P. Linearly scaling direct method for accurately inverting sparse banded matrices. Journal of Physics A - Mathematical and Theoretical 45:065204	1.564
Gómez-Gardeñes J, Gracia-Lázaro C, Floría LM, and Moreno Y. Evolutionary dynamics on interdependent networks. Physical Review E	2.255
González B, Garrido F, Ortega R, Martínez-Júlvez M, Revilla-Guarinos A, Pérez-Pertejo Y, Velázquez-Campoy A, Sanz-Aparicio J, and Pajares MA. NADP+ binding to the regulatory subunit of methionine adenosyltransferase II increases intersubunit binding affinity in the hetero-trimer. PLoS ONE 7:e50239	4.092
González-Bailón S, Borge-Holthoefer J, and Moreno Y. Broadcasters and hidden influentials in online protest diffusion. American Behavioral Scientist	NA
González-Bailón S, Borge-Holthoefer J, and Moreno Y. Online networks and the diffusion of protest. Chapter contribution to Analytical Sociology - Norms, Actions and Networks	NA
Gracia-Lázaro C, Cuesta JA, Sánchez A, and Moreno Y. Human behavior in Prisoner's Dilemma experiments suppresses network reciprocity. Scientific Reports 2:325	NA
Gracia-Lázaro C, Ferrer A, Ruiz G, Tarancón A, Cuesta JA, Sánchez A, and Moreno Y. Heterogeneous networks do not promote cooperation when humans play a Prisoner's Dilemma. Proceedings of the National Academy of the USA 109:12922-12926	9.681
Graña-Montes R, de Groot NS, Castillo V, Sancho J, Velázquez-Campoy A, and Ventura S. Contribution of disulfide bonds to stability, folding and amyloid fibril formation: The PI3-SH3 domain case. Antioxidant and Redox Signaling 16:1–15	8.456
Grujić J, Cuesta JA, and Sánchez A. On the coexistence of cooperators, defectors and conditional cooperators in the multiplayer iterated Prisoner's Dilemma. Journal of Theoretical Biology 300: 299-308	2.208
Grujić J, Eke B, Cabrales A, Cuesta JA, and Sánchez A. Three is a crowd in iterated prisoner's dilemmas: Experimental evidence on reciprocal behavior. Scientific Reports 2:638	NA
Hernández-Ortega A, Ferreira P, and Martínez AT. Fungal aryl-alcohol oxidase: A peroxide-producing flavoenzyme involved in lignin degradation? Applied Microbiology and Biotechnology 93:1395-1410	3.425
Hernández-Ortega A, Ferreira P, Merino P, Medina M, Guallar V, and Martínez AT. Stereoselective hydride transfer by aryl-alcohol oxidase, a member of the GMC superfamily. ChemBioChem 13:427-435	3.944
Hernández-Ortega A, Lucas F, Ferreira P, Medina M, Guallar V, and Martínez AT. Role of active site histidines in the two half-reactions of the aryl-alcohol oxidase catalytic cycle. Biochemistry 51:6995-6608	3.422
Huidobro PA, Nikitin AY, González-Ballesteros C, Martín-Moreno L, and García-Vidal FJ. Superradiance mediated by graphene surface plasmons. Physical Review B 85:155438	3.691
Hurtado-Guerrero R, and Davies GJ. Recent structural and mechanistic insights into post-translational enzymatic glycosylation. Current Opinion in Chemical Biololgy 16:479-487	
TIANSIANONAL PHYVINANC ORVERSALION CONTROL CONTROL OF THE CONTROL	9.723

industries ported to the grid in the framework of PireGrid project. Computing and Informatics 31:161-171	
Iranzo J, Floría LM, Moreno Y, and Sánchez A. Empathy emerges spontaneously in the ultimatum game: Small groups and networks. PLoS ONE 7:e43781	4.092
Lans I, Frago S, and Medina M. Understanding the FMN cofactor chemistry within the Anabaena flavodoxin environment. Biochimica et Biohysica Acta - Bioenergetics	4.843
Lans I, Medina M, Rosta E, Hummer G, García-Viloca M, Lluch JM, and González-Lafont A. Theoretical study of the mechanism of the hydride transfer between ferredoxin NADP+ reductase and NADP+. The role of Tyrosine 303. Journal of the American Chemical Society. 134, 20544–20553.	9.907
Leyva I, Sevilla-Escoboza R, Buldu JM, Sendiña-Nadal I, Gómez-Gardeñes J, ArenasA, Moreno Y, Gómez S, Jaimes-Reátegui R, and S. Boccaletti. Non-equilibrium first-order transition to synchrony in networks of chaotic oscillators. Physical Review Letters 108:168702	7.370
López JL, López-Ruiz R, and Calbet X. Exponential Wealth Distribution in a Random Market. A Rigorous Explanation. Journal of Mathematical Analysis and Applications 386:195-204	1.001
López LC, Dos-Reis S, Espargaró A, Carrodeguas JA, Maddelein ML, Ventura S, and Sancho J. Discovery of novel inhibitors of amyloid b-peptide 1-42 aggregation. Journal of Medicinal Chemistry 55:9521-9530	5.248
López-Ruiz R, and Sañudo J. Heisenberg uncertainty relation and statistical measures in the square well. Communications in Numerical Analysis cna-00117-7	NA
López-Ruiz R, and Sañudo J. Shape of traveling densities with extremum statistical complexity. International Journal of Applied Mathematics and Statistics (Special Issue on "Statistical Chaos and Complexity") 26:81-91	NA
López-Ruiz R, and Shivanian E. A Nonlinear map for the decay to equilibrium of ideal gases. NOMA'11 Conference, pp.1-3, Abstracts, Évora, Portugal (2011), Springer Proceedings in Mathematics (PROM)	NA
López-Ruiz R, López JL, and Calbet X. Exponential Wealth Distribution: A new approach from functional iteration theory. ECIT'10-ITERATION THEORY, Nant (France), ESAIM Proceedings, vol.36, pp.189-196	NA
López-Ruiz R. Complex systems with trivial dynamics. ECCS'12 Conference, Brussels (Belgium), Setember (2012). Proceedings in CSS Archive, Springer Complexity	NA
Luján MA, Martínez JI, Alonso PJ, Guerrero F, Roncel M, Ortega JM, Yruela I, and Picorel R. Reconstitution, spectroscopy and redox properties of the photosynthetic recombinant cytochrome b559 from higher plants. Photosynthesis Research 112:193-204	3.243
Marani R, D'Orazio A, Petruzzelli V, Rodrigo SG, Martín-Moreno L, García-Vidal FJ, and Bravo-Abad J. Gain-assisted extraordinary optical transmission through periodic arrays of subwavelength aper-tures. New Journal of Physics 14:013020	4.177
Marcuello C, Arilla-Luna S, Medina M, and Lostao A. Atomic force microscopy reveals a dimer of trimers organization in Corynebacterium ammoniagenes FAD synthetase. FEBS Journal 279:513-514	3.790
Marcuello C, de Miguel R, Gómez-Moreno C, Martínez-Júlvez M, and Lostao A. An efficient method for enzyme immobilization evidenced by atomic force microscopy. Protein Engineering, Design and Selection 25:715-723	3.023
Marcuello C, de Miguel R, Medina M, Martínez-Júlvez M, Gómez-Moreno C, and Lostao A. Nanomechanics of ferredoxin-NADP+ reductase complexes analyzed by AFM single-molecule force spectroscopy. FEBS Journal 279:513-513	3.790
Martínez JI, Alonso PJ, and Medina M. The electronic structure of the neutral isoalloxazine semiquinone within Anabaena flavodoxin: New insights from HYSCORE experiments. Journal of Magnetic Resonance 218:153–162	2.138
Martínez Vaquero L, Cuesta JA, and Sánchez A. Generosity pays in the presence of direct reciprocity: A comprehensive study of 2 × 2 repeated games. PLoS ONE 7:e35135	4.092
Martínez-Julvez M, Abián A, Vega S, Medina M, and Velázquez-Campoy A. Studying the allosteric energy cycle by isothermal titration calorimetry. Methods in Molecular Biology 796:53-70	NA
Martínez-Júlvez M, Rojas AL, Olekhnovich I, Angarica VE, Hoffman PS, and Sancho J. Structure of RdxA: An oxygen insensitive nitroreductase essential for metronidazole activation in Helicobacter pylori. FEBS Journal 279:4306-4317	3.790
Martínez-Martín D, Carrasco C, Pérez R, Mateu MG, Carrascosa JL, Kiracofe D, Raman A, de Pablo PJ, and Gómez-Herrero J. Resolving structure and mechanical properties at the	4.092

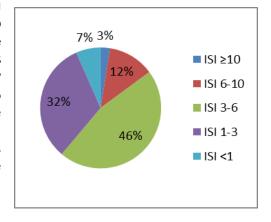
nanoscale of viruses with frequency modulation atomic force microscopy. PLoS ONE 7:e30204	
Martins PT, Velázquez-Campoy A, Vaz WL, Cardoso RM, Valerio J, and Moreno MJ. Kinetics and thermodynamics of chlorpromazine interaction with lipid bilayers: Effect of charge and cholesterol. Journal of the American Chemical Society. 134:4184-4195	9.907
Mateu, MG. Assembly and stability of virus capsids. Archives of Biochemistry and Biophysics	2.935
Mateu, MG. Mechanical properties of viruses analyzed by atomic force microscopy: A virological perspective. Virus Research 168:1-22	2.941
Meloni S, Gomez-Gardenes J, Latora V, and Moreno Y. Effects of degree heterogeneity in flow fluctuations on complex networks. International Journal of Bifurcation and Chaos 22:1250170	0.755
Mena I, Casado MA, Polo V, Garcia-Orduna P, Lahoz FJ, and Oro LA. The dehydrogenation of alcohols through a concerted bimetallic mechanism involving an amido-bridged diiridium complex. Angewandte Chemie – International Edition 51:8259-8263	13.455
Merino P, Tejero T, Delso I, Hurtado-Guerrero R, Gómez-Sanjuan A, and Sádaba D. Recent progress on fucosyltransferase inhibitors. Mini Reviews in Medicinal Chemistry	2.528
Naumov DY, Llusar R, Gómez-García CJ, Polo V, Konchenko SN, and Petrov P. Synthesis and structure of a paramagnetic Mo3S4 incomplete cuboidal cluster with seven cluster skeletal electrons. Dalton Transactions 41:14031	3.838
Navarro A, Encinar JA, López-Méndez B, Aguado-Llera D, Prieto J, Gómez J., Martínez-Cruz LA, Millet O, González-Ros JM, Fernández-Ballester G, Neira JL, and Ferrer-Montiel A. Mutation of Ser-50 and Cys-66 in snapin modulates protein structure and stability. Biochemistry 51: 3470-3484	3.422
Neira JL, Sevilla P, and García-Blanco F. The C-terminal sterile alpha motif (SAM) domain of human p73 is a highly dynamic protein, which acquires high thermal stability through a decrease in backbone flexibility. Phys Chem Chem Phys 4:10308-10323	3.573
Nikitin AY, Guinea F, and Martín-Moreno L. Resonant plasmonic effects in periodic graphene antidot arrays. Applied Physics Letters 101:151119	3.844
Nikitin AY, Guinea F, García-Vidal FJ, and Martín-Moreno L. Surface plasmon enhanced absorption and suppressed transmission in periodic arrays of graphene ribbons. Physical Review B 85:081405	3.691
Peregrina JR, Lans I, and Medina M. The transient catalytically-competent coenzyme allocation into the active site of Anabaena ferredoxin NADP+-reductase. European Biophysical Journal 41:117–128	2.139
Perezzan R, and Rey A. Simulating protein unfolding under pressure with a coarse-grained model. Journal of Chemical Physics 137:185102	3.333
Petretti S, Saenz A, Castro A, and Decleva P. Water Molecules in Ultrashort Intense Laser Fields. Chemical Physics	1.896
Petrov PA, Virovets AV, Bogomyakov AS, Llusar R, Gomez-Garcia CJ, Polo V, and Konchenko SN. Synthesis, molecular and electronic structure of an incomplete cuboidal Re3S4 cluster with an unusual quadruplet ground state. Chemical Communications 48:2713-2715	6.169
Poncela J, Gomez-Gardenes J, Floria LM, and Moreno Y. Growing networks driven by the evolutionary Prisoner's Dilemma game. Chapter contribution to the Handbook of Optimization in Complex Networks, Springer Optimization and Its Applications, Vol.57 (Thai, My T.; Pardalos, Panos M., Eds.)	NA
Pors A, Moreno E, Martín-Moreno L, Pendry JB, and Garcia-Vidal FJ. Localized spoof plasmons arise while texturing closed surfaces. Physical Review Letters 108:223905	7.370
Requejo RJ, Camacho J, Cuesta JA, and Arenas A. Stability and robustness analysis of cooperation cycles driven by destructive agents in finite populations. Physical Review E 86:026105	2.255
Roca CP, Sánchez A, and Cuesta JA. Individual strategy update and emergence of cooperation in social networks. Journal of Mathematical Sociology 36:1-21	0.680
Ruting F, Fernandez-Dominguez AI, Martín-Moreno L, and Garcia-Vidal FJ. Diffraction regimes of single holes. Physical Review B 86:075437	3.691
Sánchez-Azqueta A, Musumeci MA, Martínez-Júlvez M, Ceccarelli EA, and Medina M. Structural backgrounds for the formation of a catalytically competent complex with NADP(H) during hydride transfer in ferredoxin-NADP+ reductases. Biochimica et Biohysica Acta - Bioenergetics 1817:1063–1071	4.843
Sancho J. The stability of 2-state, 3-state and more-state proteins from simple spectroscopic techniques plus the structure of the equilibrium intermediates at the same	2.935

time. Archives of Biochemistry and Biophysics	
Santos-Oliván D, Fiasconaro A, and Falo F. Directional motion of forced polymer chains with hydrodynamic interaction. Physical Review E 86:031804	2.255
Sanz J, Cozzo E, Borge-Holthoefer J, and Moreno Y. Topological effects of data incompleteness of gene regulatory networks. BMC Systems Biology 6:110	3.148
Sanz J, Floria LM, and Moreno Y. Dynamics of persistent infections in homogeneous populations. International Journal of Bifurcation and Chaos 22:1250164	0.755
Sañudo J, and López-Ruiz R. Calculation of statistical entropic measures in a model of solids. Physics Letters A 376:2288-2291	1.632
Seoane B, and Nishimori H. Many-body transverse interactions in the quantum annealing of the p-spin ferromagnet. Journal of Physics A - Mathematical and Theoretical 45:435301	1.564
Serrano A, Frago S, Velázquez-Campoy A, and Medina M. Role of key residues at the flavin mononucleotide FMN: adenylyltransferase catalytic site of the bifunctional riboflavin kinase/flavin adenine dinucleotide FAD synthetase from Corynebacterium ammoniagenes. International Journal of Molecular Sciences 13:14492-14517	2.598
Shivanian E, and López-Ruiz R. A new model for ideal gases. Decay to the Maxwellian distribution. Physica A 391:2600-2607	1.373
Sorribes I, Lloret F, Waerenborgh JC, Polo V, Llusar R, and Vicent C. Cubane-type Mo3FeS4 4+,5+ complexes containing outer diphosphane ligands: Ligand substitution reactions, spectroscopic studies, and electronic structure. Inorganic Chemistry 51:10512-10521	4.601
Tapia-Rojo R, Prada-Gracia D, Mazo JJ, and Falo F. Mesoscopic model for free-energy-landscape analysis of DNA sequences. Physical Review E 86:021908	2.255
Tondo L, Hurtado-Guerrero R, Sánchez-Azqueta A, Ceccarelli EA, Medina M, Orellano E, and Martínez-Júlvez M. Crystal structure of FAD-containing ferredoxin-NADP+ reductase from Xanthomonas axonopodis pv. citri. FEBS Journal 279:444-445	3.790
Torreblanca R, Lira-Navarrete E, Sancho J, Hurtado-Guerrero R. Structural and mechanistic basis of the interaction between a pharmacological chaperone and human phenylalanine hydroxylase. Chembiochem 13:1266-1269	3.944
Velasco JL, Bustos A, Castejón F, Fernández LA, Martín-Mayor V, and Tarancón A. ISDEP: Integrator of stochastic differential equations for plasmas. Computer Physics Communications 183:1877–1883	3.268
Velasco JL, Alonso JA, Calvo I, and Arévalo J. Vanishing neoclassical viscosity and physics of the shear layer in stellarators. Physical Review Letters. 109:135003-135007	7.370
Vilone D, Ramasco JJ, Sánchez A, and San Miguel M. Social and strategic imitation: The way to consensus. Scientific Reports 2: 686	NA
Wanko M, García-Risueño P, and Rubio Á. Excited states of the green fluorescent protein chromophore: Performance of ab initio and semi-empirical methods. Physica Status Solidi B 249:392-400	1.316
Wong E, Vaaje-Kolstad G, Ghosh A, Hurtado-Guerrero R, Konarev PV, Ibrahim AFM, Svergun DI, Eijsink VGH, Chatterjee NS, and van Aalten DMF. The Vibrio cholerae colonization 1 factor GbpA possesses a 2 modular structure that governs binding to different host 3 surfaces. PLoS Pathogens	9.079
Xia C, Meloni S, and Moreno Y. Effects of environment knowledge on agglomeration and cooperation in spatial public goods games. Advances in Complex Systems 15:1250056	0.653
Yi MA, Cuche A, de Leon-Perez F, Degiron A, Laux E, Devaux E, Genet C, Alegret J, Martín-Moreno L, and Ebbesen TW. Diffraction regimes of single holes. Physical Review Letters 109:023901	7.370
Yruela I, and Contreras-Moreira B. Protein disorder in plants. A view from the chloroplast. BMC Plant Biology 12:165	3.447
Diaz-Pérez A, Sequeira M, Santos-Guerra A, and Catalán P. Divergence and biogeography of the recently evolved Macaronesian red Festuca (Gramineae) species inferred from coalescence-based analyses. Molecular Ecology 21:1702-1726	5.522
Viruel J, Catalan P, and Segarra-Moragues JG. Disrupted phylogeographical microsatellite and cpDNA patterns indicate a vicariance rather than long-distance dispersal origin for the disjunct distribution of the Chilean endemic Dioscorea biloba (Dioscoreaceae) around the Atacama Desert. Journal of Biogeography	4.544
López-Alvarez D, López-Herranz ML, Betekhtin A, and Catalán P. A DNA barcoding method to discriminate between the model plant Brachypodium distachyon and its close relatives B. stacei and B. hybridum (Poaceae). PLoS ONE 7:e51058.	4.092
Catalán P, Müller J, Hasterok R, Jenkins G, Mur LAJ, Langdon T, Betekhtin A, Siwinska D,	4.030

Pimentel M, and López-Alvarez D. Evolution and taxonomic split of the model grass Brachypodium distachyon (L.) P. Beauv. Annals of Botany 109:385–405	
Garnatje T, Pérez-Collazos E, Pellicer J, and Catalán P. Balearic insular isolation and large continental spread framed the phylogeography of the western Mediterranean Cheirolophus intybaceus (Asteraceae). Plant Biology 15:166-175	2.395
Girón V, Garnatje T, Vallés J, Pérez-Collazos E, Catalán P, and Valdés B. Geographical distribution of diploid and tetraploid cytotypes of Thymus sect. Mastichina (Lamiaceae) in the Iberian Peninsula: Genome size and evolutionary processes. Folia Geobotanica 47:441-460	1.500
Triano E, Benavente Navarro A, Catalán P, Hernández P, Pujadas and Salvà AJ. Orobanche lainzii (J. Gómez Navarro et al.) Triano & A. Pujadas comb. nov. (Orobanchaceae) en Andalucía oriental (España). Acta Botanica Malacitana 37:224-225	NA
Catalán P, and González-Candelas F. Técnicas y marcadores filogenéticos. In: Zardoya R, Vargas P (eds.): El árbol de la vida: Sistemática y evolución de los seres vivos. Madrid. CSIC. pp. 533-542.	NA
Catalán P, and Müller J. Festuca L., in Zuloaga F. et al. (eds.). Flora de Argentina. CONICET. Buenos Aires. vol.3, tomo II:219-250.	NA
Prignano L, Moreno Y, Diaz-Guilera A. Exploring complex networks by means of adaptive walkers., Physical Review E 86, 066116 (2012).	2.225

Analizando los datos que se muestran en la tabla sobre el factor de impacto de las publicaciones realizadas por el instituto durante el 2012 puede observarse

que solo 121 de ellas tienen identificado ya su ISI, aunque en 20 o todavía está pendiente o no aplica por el tipo de publicación de que se trata. Subrayar que hay tres publicaciones que destacan por tener un índice muy superior a 10 y otras 15 con un índice entre 6 y 10, lo que da idea de la calidad científica de los trabajos realizados en el BIFI durante el 2012, quedando casi la mitad de las publicaciones en un índice entre 3 y 6 y que tan solo 7 tienen un ISI inferior a 1.



Publicaciones en libros

Se citan a continuación algunas publicaciones en formato libro que también han realizado los investigadores del BIFI durante el 2012.

Cozzo E, Sanz J, and Moreno Y, "Dynamics of Biomolecular Networks", Chapter 11, pp 349-379, in "Systems Biology: Current Topics from the Encyclopedia of Molecular Cell Biology and Molecular Medicine (Edited by Robert A. Meyers), ISBN: 978-3-527-32607-5 (Wiley-VCH, Weinheim, 2012).

Meloni S, Arenas A, Gómez S, Borge-Holthoefer J, and Moreno Y, "Modeling Epidemic Spreading in Complex Networks: Concurrency and Traffic". Chapter contribution to the Handbook of Optimization in Complex Networks, Springer Optimization and Its Applications, Vol. 57, Thai, My T.; Pardalos, Panos M. (Eds.) 2012.

Martínez-Júlvez M, Abián O, Vega S, Medina M, and Velázquez-Campoy A. Studying the allosteric energy cycle by isothermal titration calorimetry. *Methods in Molecular Biology, Allostery: Methods and Protocols.* Aron W. Fenton. Springer Science+Business Media, LLC. ISBN: 978-1-61779-333-2. vol. 796, 53-70. 2012.

Serrano A, and Medina M. Revisiting the mechanism of interaction and electron transfer between Flavodoxin and Ferredoxin NADP⁺-reductase by fast kinetic methods with photodiode array detection. *Advances in Photosynthesis. Fundamental aspects*,

Najafpour, M.M. Intech. Rijeka, Croatia ISBN: 978-953-307-928-8, p.p. 129-148. 2012. Medina M. Enzymes of FMN and FAD metabolism. *Handbook of Flavoproteins*. R. Hille, S. Miller, B. Palfey. Walter de Gruyter publishers. ISBN: 978-3-11-026842-3. vol. 1, 71-100. 2012

M.Baity-Jesi et al. (2012). An FPGA-based supercomputer for Statistical Physics: the weird case of Janus. Chapter contribution in W. Wanderbauwhede & K. Benkrid (Eds.), High-Performance Computing Using FPGAs (in press). Springer-Verlag.

4.3. Comunicaciones a congresos

4.3.1. Presentaciones durante el año 2012 en congresos, talleres, seminarios

Conferencias invitadas

El personal del BIFI ha participado en 37 conferencias como invitados. De estas 4 han sido en eventos nacionales y 33 en eventos internacionales, lo que da idea de la internacionalización y actividades de colaboración internacionales del instituto BIFI.

Eventos Nacionales

Sancho, J. Congreso. Programa de cooperación Farma-Biotech. Zaragoza (España). 2012

Valles R. PireGrid. Sexta Reunión Plenaria de la Red Española de e-Ciencia. Madrid (España). Mayo 2012

Moreno Y. Conferenciante Plenario en el Congreso Nolineal 2012. Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España, Junio 2012.

Catalán P., Marques I, Draper B, Komac B, Segarra-Moragues J.G. Genética del paisaje y ecología de pastos subalpinos pirenaico-cantábrico (*Festuca*, Gramineae) en la Red de Parques Nacionales. Jornadas de investigación de la red de Parques Nacionales 2012. Matalascañas. : 26-28/09/2012

Eventos Internacionales

Medina M. The FMN and FAD biosynthesis in Prokaryotes: a potential drug target. *International Congress of the Biophysical Society–SBE Barcelona* 2012. Barcelona (España). Julio 2012.

Medina M. High throughput screening of inhibitors against enzymatic activities: The bacterial FAD synthetase a case study. *COST CM1103 Action WG Meeting*. Madrid (España). Noviembre 2012.

Cuesta JA, Gracia-Lázaro C, Moreno Y, Sánchez A, and Tarancón A. Realistic human behavior and prisoner's dilemma on networks. *International Meeting on Behavioral and Experimental Economics*. Castelló (España). Marzo 2012.

Echenique P. Beyond ground-state Born-Oppenheimer in open quantum-classical systems, Instituto de Química Física Rocasolano, CSIC, Madrid, España, mayo 2012.

Cuesta J A, Gracia-Lázaro C, Moreno Y, Sánchez A, and Tarancón A. Realistic human behavior and prisoner's dilemma on networks. *International Meeting on Behavioral and Experimental Economics*. Castellón (España). Marzo 2012.

Merino Pedro. Rationale design of glycomimetic inhibitors of Glycosyltransferases. *9th Spanish-Italian Symposium on Organic Chemistry*. SISOC-IX. Tenerife (Spain). February 10-14, 2012

Yruela I, Contreras-Moreira B. Protein disorder in plants: a view from the chloroplast. 22nd IUBMB Congress. Sevilla (España). Septiembre 2012.

Castro A. Octopus: a first principles electronic structure code case for supercomputers and GPUs. *International Workshop EU-China on scientific computing*. Zaragoza (Spain). Noviembre 2012.

"V BIFI International Conference: Protein Targets, Discovery of Bioactive Compounds", Zaragoza, España. Febrero 2012. Varios ponentes, ver apartado de comunicaciones orales

Hernández-Ortega A, Ferreira P, Lucas F, Carro Aramburu J, Medina M, Guallar V, and Martínez AT. On the aryl-alcohol oxidase catalytic mechanism. *Oxizymes 2012*. Marsella (Francia). Septiembre 2012

Sánchez A. How reciprocity renders networks irrelevant for cooperation in social dilemmas. *Workshop on Games, Networks and Markets*. Cambridge (Reino Unido). Junio 2012.

Sánchez A. Network reciprocity, large-scale experiments and the Prisoner's Dilemma: the last word. *International Workshop on "Agent-based models and complex techno-social systems"*. Zürich (Suiza). Julio 2012.

Sánchez A. There is no such thing as network reciprocity when humans play a Prisoner's Dilemma. "Physics of Competition and Conflict Closing Meeting". Galway (Irlanda). Julio de 2012.

Gracia-Lázaro C, Tarancón A, Cuesta J A, Moreno Y, and Sánchez A. How reciprocity renders networks irrelevant for cooperation in social dilemmas. *Workshop on Games, Networks and Markets*. Cambridge (Reino Unido). Junio 2012.

Gracia-Lázaro C, Tarancón A, Cuesta J A, Moreno Y, and Sánchez A. Network reciprocity, large-scale experiments and the Prisoner's Dilemma: the last word. *International Workshop on Agent-based models and complex techno-social systems*. Zürich (Suiza). Julio 2012.

Gracia-Lázaro C, Tarancón A, Cuesta J A, Moreno Y, and Sánchez A. There is not such thing as network reciprocity when humans play a Prisoner's Dilemma. *Physics of Competition and Conflict Closing Meeting*. Galway (Irlanda). Julio 2012.

Cuesta J A. Evolutionary dynamics. *II GEFENOL Summer School on Statistical Physics of Complex and Small Systems.* Benasque, Huesca (España). Septiembre 2012.

Rey, A. "Computers and proteins: Where the cyberspace meets structural biology". Programa "Science Public Lectures" de la Universidad de Lisboa (Portugal). Serie de conferencias bajo el título "Proteins: Life's origamis". Lisboa, septiembre2012.http://www.ul.pt/portal/page? pageid=173,1548306& dad=portal& schema=PORTAL

Yruela I, Contreras-Moreira B. Protein disorder in plants: a view from the chloroplast. *The Emerging Dynamic View of Proteins: Protein Plasticity in Allostery, Evolution and Self-Assembly.* Dresden (Alemania). Julio 2012.

Martín Mayor V. The Janus computer, a new window into the physics of spin glasses in three (and four) spatial dimensions, Theoretical Physics Institute, Chinese Academy of Science. Beijing, Abril 2012.

Marco Baity-Jesi, *GPU Simulations on 3d Anisotropic Heisenberg Spin Glasses*, SCC-Computing Kick-off Meeting, National Super Computing Center, Tianjin, Abril 2012.

Andrea Maiorano. *Janus2: an FPGA-based supercomputer for spin glass simulations*. Future HPC Systems: the Challenge of Power-Constrained Performance. San Servolo, Venecia, Italia, junio 2012. La conferencia apareció publicada en forma de Proceedings: Janus2: an FPGA-based supercomputer for spin glass simulations

M. Baity-Jesi, R.A. Baños, A. Cruz, L.A. Fernandez, J.M. Gil-Narvion, A. Gordillo-Guerrero, M. Guidetti, D. Iniguez, A. Maiorano, F. Mantovani, E. Marinari, V. Martin-Mayor, J. Monforte-Garcia, A. Muñoz- Sudupe, D. Navarro, G. Parisi, M. Pivanti, S. Perez-Gaviro, F. Ricci-Tersenghi, J.J. Ruiz-Lorenzo, S.F. Schifano, B. Seoane, A. Tarancon, P. Tellez, R. Tripiccione, D. Yllanes; Proceedings of the Future HPC Systems: the Challenges of Power-Constrained Performance. San Servolo, Venezia, Italy, 25-29 June 2012, p. 2:1-2:11, New York, NY, USA:ACM DOI: 10.1145/2322156.2322158

Castro A. Non-adiabatic effects within a single thermally-averaged potential energy surface: Thermal expansion and reaction rates of small molecules. 17th ETSF Workshop on Electronic Excitations: Advanced Green Function Methods. Coimbra (Portugal). Octubre 2012.

Moreno Y. Conferenciante invitado en la School "Complex Networks in Action", Universidad de Catania, Catania, Italia. Septiembre 2012.

Moreno Y. Conferenciante invitado. Workshop "Complex Systems Analysis: Advancing Health Systems Policy Design and Planning". Bellagio, Italia, Septiembre 2012.

Martín-Moreno L. Nanoemitters in conducting surfaces: from metals to graphene. *Winter Workshop de la Korean Nano Optical Society. Tipo de comunicación:* Conferencia Plenaria. Muju-Kun, Corea del Sur: Febrero 2012.

Martín-Moreno L. Electromagnetic fields radiated by nano emitters in grapheme. *META* 12. Tipo de comunicación: Conferencia Invitada. Paris (Francia). Abril 2012.

Martín-Moreno L Non-linear electromagnetic e_ects in nano-structured metals. *NoLineal2012. Tipo de comunicación:* Conferencia Invitada. Zaragoza (España). Junio 2012.

Catalan P., López-Álvarez D., Gordon S., Vogel J. More than one model plant within the complex? Hybridization history and ecological distribution of the *Brachypodium distachyon – B. stacei – B. hybridum* taxa. Congreso: 21st International Symposium Biodiversity and Evolutionary Biology of the German Botanical Society (DBG). Mainz. 16-19/09/2012

Draper B, Komac B, Marques I, Segarra-Moragues J.G., Villar L, Sahuquillo E, Pérez-Collazos E, Viruel J, Catalan P. Genética del paisaje y ecología de pastos subalpinos de *Festuca eskia* y *F. gautieri* en el Parque Nacional de Aigüestortes y estany de Sant Maurici (PNAESM). Congreso: IX Jornadas de investigación en el Parque Nacional de Aigüestortes y estany de Sant Maurici. Boí. 17-19/10/2012

Moreno Y. Keynote Speaker en el "XXXIII Annual Meeting of the Neurology Society of the Basque Country", Villabuena de Álava, España. Marzo 2012.

Polo Ortiz V, Mena Pardo I, Casado Lacabra M A, Oro Giral L A. Theoretical Studies on Ammonia Activation and Dehydrogenation of Alcohols mediated by Iridium Clusters IIIrd workshop on transition metal clusters. Benicassim (España). Septiembre 2012

Comunicaciones orales

Se han presentado 28 comunicaciones orales en congresos nacionales e internacionales, aunque en su mayor parte, más del 90% de las mismas se mostraron en eventos internacionales. Se listan a continuación dichas comunicaciones, con los autores y las fechas y lugares de celebración.

Villanueva R, Ferreira P, Marcuello C, Lostao A, Usón A, Velázquez-Campoy A, Sancho J, Susín S, and Medina M. Apoptosis Inducing Factor: a promising drug target. V International Conference BIFI 2012. *Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds*. Zaragoza (España). Febrero 2012

Lans I, Peregrina JR, Medina M, Rosta E, Hummer G, García-Viloca M, Lluch JM, and González-Lafont A. Theoretical study of the mechanism of the hydride transfer between ferredoxin-NADP⁺ reductase and NADP⁺. The role of Tyr303. *X Girona Seminar on theoretical and computational chemistry for the modeling of Biochemical systems: from Theory to Applications*. Girona (España). Julio 2012

Velasco J L, Alonso J A, Calvo I, and Arévalo J. Vanishing neoclassical viscosity and physics of the shear layer in stellarators. *Gyrokinetic Theory Working Group Meeting*. Madrid (España). Junio 2012.

Capitán J A, Martínez-Romo J, Araujo L, Borge-Holthoefer J, Arenas A, and Cuesta J A. Desambiguación semántica mediante un grafo de co-ocurrencias. *Nolineal 2012.* Zaragoza (España). Julio 2012.

Martínez-Vaquero L A, Cuesta J A, and Sánchez A. Prevalencia de la generosidad en reciprocidad directa. *FisEs 2012*. Palma de Mallorca (España). Octubre 2012.

Hurtado-Guerrero R. Molecular Mechanism of Protein O-Fucosylation. *First Biennial Meeting of the Chemical Biology Group*. Santiago de Compostela. 2012

Hurtado-Guerrero R. Molecular mechanism of glycosyltransferases. *Congreso Internacional del BIFI*. Zaragoza. 2012

Hurtado-Guerrero R. Molecular mechanism of Protein o-fucosylation. *Increasing the Impact of Glycoscience through New Tools and Technologies*. San Sebastián (CIC BIOMAGUNE). 2012

Enciso Carrasco, M, Rey Gayo, A. "Sequence-dependent effects in peptide folding by minimalist simulations". *International Congress of the Spanish Biophysical Society*. Barcelona. Julio 2012.

González-Arzola K, Moreno-Beltrán B, Diaz-Quintana A, Velázquez-Campoy A, Diaz-Moreno I, and De la Rosa MA. Cytochrome c1-cytochrome c: An atypical transient complex. XXXV Congreso de la Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular – 22nd IUBMB Congress – 37th FEBS Congress. Sevilla (España). Septiembre 2012.

Abián O, Asencio M, Lasierra A, Grazu V, Martínez de la Fuente J, and A. Velázquez-Campoy A. Thermodynamic characterization of cyclodextrins binding to novel anti-HCV compounds using isothermal titration calorimetry. 9th International Symposium on Polymer Therapeutics: From Laboratory to Clinical Practice. Valencia (España). Mayo 2012.

Baity-Jesi M, *Spin Glasses with a multi-GPU approach*, International Workshop EU-China on Scientific Computing, BIFI, Zaragoza, Noviembre 2012.

Bruscolini P. T-novoMS: Protein sequencing by Tandem mass spectrometry as a Statistical-Mechanics Problem. *V International Conference BIFI 2012.* Zaragoza (España), Febrero 2012.

Ospina A and Carrodeguas JA. Novel transmembrane domain interactions in Bcl-2 family proteins. Congreso: V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds. Zaragoza, 1-4 febrero 2012.

Iñiguez Dieste D, *Computing research area at BIFI*, International Workshop EU-China on Scientific Computing, BIFI, Zaragoza, Noviembre 2012.

Velasco J L, Alonso J A, Calvo I, and Arévalo J. Experimental measurement and NC calculations of the viscosity at TJ-II. *10th Coordinated Working Group Meeting*. Greifswald (Alemania). Junio 2012.

Velasco J L, and TJ-II team. Neoclassical analyses for the joint IAEA paper 10th Coordinated Working Group Meeting. Greifswald (Alemania). Junio 2012.

Tessone CJ, Sánchez A, and Schweitzer F. Response to social norms enhancement by heterogeneous populations. *Congreso* ϕ -SOE (División de Física de Sistemas Socioeconómicos de la Sociedad Alemana de Física). Berlin (Alemania). Marzo de 2012.

Sánchez A, Urbano A, and Vila JE. High-dimensional connectivity and cooperation. 4th World Congress of the Game Theory Society. Estambul (Turquía). Julio de 2012.

Grujić J, Eke B, Cabrales A, Cuesta JA, and Sánchez A. Universal reciprocal behavior in iterated prisoner's dilemmas: Three is a crowd. *International Workshop on "Agent-based models and complex techno-social systems"*, Zürich (Suiza). Julio 2012.

Christoforou E, Fernández Anta A, Georgiu C, Mosteiro MA, and Sánchez A. Achieving Reliability in Master-worker Computing via Evolutionary Dynamics. *31st Annual ACM SIGACT-SIGOPS Symposium on Principles of Distributed Computing.* Madeira (Portugal. Julio 2012.

Christoforou E, Fernández Anta A, Georgiu C, Mosteiro MA, and Sánchez A. Achieving Reliability in Master-worker Computing via Evolutionary Dynamics. *EURO-PAR 2012 (International European Conference on Parallel and Distributed Computing)*. Rodas (Grecia). Agosto 2012.

Vilone D, Ramasco JJ, Sánchez A, and San Miguel M. On the irrationality of consensus in heterogeneous networks. *Cultural and opinion dynamics: Modeling, Experiments and Challenges for the future (ECCS 2012 Satellite)*. Bruselas (Bélgica). Septiembre 2012.

Galbete A, Moler J, and Plo F. An adaptive design for clinical trials based on the Klein urn. *International Workshop on Applied Probability (IWAP 2012)*. Jerusalén (Israel). Junio 2012

Cauhé E, Giner A, Ibar J, Ruiz G, Valles R. Hadoop Cloud SaaS access via WS-PGRADE adaptation. *6th IBERIAN GRID INFRASTRUCTURE CONFERENCE*. Lisboa (Portugal). Noviembre 2012

Martín Mayor V, *The de Almeida-Thouless line of the four-dimensional Ising spin glasses.* March-meeting of the American Physical Society, Boston, U.S.A., Febrero 2012.

Yllanes Mosquera D. Finite-size scaling analysis of the distributions of pseudo-critical temperatures in spin glasses, CompPhys12, Universität Leipzig, Alemania, noviembre 2012.

Posters

Durante el 2012, se han presntado varios posters a eventos nacionales e internacionales. En total 38 posters que indican una importante actividad científica de difusión del BIFI durante este año 2012, a nivel internacional mayoritariamente.

Marcuello C, Arilla-Luna S, Medina M, and Lostao A. Atomic Force Microscopy unravels the formation of *Corynebacterium ammoniagenes* FAD synthetase dimer of trimmers. *V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds.* Zaragoza (España). Febrero 2012

Serrano A, Arilla S, Herguedas B, Baquedano S, Yruela I, Ferreira P, Martínez-Júlvez M, and Medina M. Understanding the behaviour of a potential drug target: the prokaryotic FADS synthetase. *V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds.* Zaragoza (España). Febrero 2012

Marcuello C, de Miguel R, Medina M, Martínez-Júlvez M, Gómez-Moreno C, and Lostao A. Single molecule force spectroscopy as a tool to analyze protein-ligand interactions: the case of Ferredoxin-NADP⁺ reductase complexes. *V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds.* Zaragoza (España). Febrero 2012

Marcuello C, de Miguel R, Medina M, Martínez-Júlvez M, Gómez-Moreno C, and Lostao A. Nanomechanics of ferredoxin-NADP⁺ reductase complexes analyzed by AFM single-molecule force spectroscopy. *Young Scientific Forum IUBMB and FEBS.* Cádiz (España). Septiembre 2012

Tondo L, Hurtado-Guerrero R, Sánchez-Azqueta A, Ceccarelli EA, Medina M, Orellano E, and Martínez-Júlvez M. Crystal structure of FAD-containing ferredoxin-NADP⁺ reductase from *Xanthomonas axonopodis* pv. citri. *22nd IUBMN and 37th FEBS Sevilla 2012*. Sevilla (España). Septiembre 2012

Marcuello C, Arilla-Luna S, Medina M, and Lostao A. Atomic force microscopy reveals a dimer of trimers organization in *Corynebacterium ammoniagenes* FAD synthetase. *22*nd *IUBMN and 37*th *FEBS Sevilla 2012*. Sevilla (España). Septiembre 2012

Marcuello C, de Miguel R, Medina M, Martínez-Júlvez M, Gómez-Moreno C, and Lostao A. Nanomechanics of ferredoxin-NADP⁺ reductase complexes analyzed by AFM single-molecule force spectroscopy. *22nd IUBMN and 37th FEBS Sevilla 2012*. Sevilla (España). Septiembre 2012

Aguado-Llera D; Doménech R, Marenchino M, Vidal M and Neira JL Non-canonical residues of the marginally stable monomeric ubiquitin conugase from goldfish are

involved in binding to the c-terminus of Ring1B. *FEBS Conference*. Sevilla (España). Septiembre 2012

Grujić J, Eke B, Cabrales A, Cuesta J A, and Sánchez A. Univesal reciprocal behavior in iterated prisoner's dilemmas: three is a crowd. *FisEs 2012*. Palma de Mallorca (España). Octubre 2012.

Capitán J A, Cuenda S, Cuesta J A, and Alonso D. Estocasticidad y exclusión competitiva en comunidades ecológicas. *FisEs 2012*. Palma de Mallorca (España). Octubre 2012.

Alvarez-Nodarse R, Cuesta J A, and Quintero N R. El efecto ratchet en la partícula relativista. *FisEs 2012.* Palma de Mallorca (España). Octubre 2012. Yruela I, Contreras-Moreira B. Proteínas desordenadas en plantas: una visión desde el cloroplasto. *XI Reunión Biología Molecular de Plantas.* Segovia (España). Junio, 2012.

Cruz-Gallardo I, Diaz-Moreno I, Donaire A, Velázquez-Campoy A, Diaz-Quintana A, Ramos A, Holder AA, and De la Rosa MA. Structural screening of cupredoxins against malaria. XXXV Congreso de la Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular – 22nd IUBMB Congress – 37th FEBS Congress. Sevilla (España). Septiembre 2012.

Fraga HD, Papaleo H, Velázquez-Campoy A, and Ventura S. Zinc induced folding is essential for Tim15 activity as an mtHsp70 chaperone. XXXV Congreso de la Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular – 22nd IUBMB Congress – 37th FEBS Congress. Sevilla (España). Septiembre 2012.

Conde M, Vega S, Velázquez-Campoy A, Dhulesia A, Kumita JR, Dobson CM, Cremades N, and Sancho J. Characterization of the binding affinity of small stabilizing compounds for human lysozyme mutants. *XII International Congress of the Spanish Biophysical Society – SBE Barcelona 2012*. Barcelona (España) Septiembre 2012.

Rozado Z, Martínez J, Arias-Moreno X, Velázquez-Campoy A, and Sancho J. Ligand binding domain of the LDL-R: Binding kinetics assays of calcium to LR4 and LR5. *XII International Congress of the Spanish Biophysical Society – SBE Barcelona 2012*. Barcelona (España) Septiembre 2012.

Martínez JE, Arias-Moreno X, Rozado-Aguirre Z, Velázquez-Campoy A, and Sancho J. Ca²⁺ and Mg²⁺ binding kinetics to the fifth binding module of the LDL receptor. *International Conference BIFI2012 – Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds*. Zaragoza (España). Febrero 2012.

Conde M, Vega S, Velázquez-Campoy A, Dhulesia A, Kumita JR, Dobson CM, Cremades N, and Sancho J. Screening of a chemical library to find stabilizing compounds for human lysozyme mutants. *International Conference BIFI2012 – Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds*. Zaragoza (España). Febrero 2012.

Abián O, Alfonso P, Velázquez-Campoy A, Giraldo P, Pocoví M, and Sancho J. Therapeutic strategies for Gaucher disease: Miglustat (NB-DNJ) as a pharmacological chaperone for glucocerebrosidase and the different thermostability of velaglucerase alfa and imiglucerase. *International Conference BIFI2012 — Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds*. Zaragoza (España). Febrero 2012.

Bergues-Pupo AE, Bergues J, Falo F. Modeling the interaction of DNA with Terahertz fields. *XVIII Congreso de Física Estadística FISES'12*. Palma de Mallorca (España), Septiembre de 2012.

Ospina A, and Carrodeguas JA. Novel transmembrane domain interactions in Bcl-2 family proteins. Congreso: V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds. Zaragoza, 1-4 febrero 2012

López Rodríguez LC, Carrodeguas JA, Ventura S, Dos Reis S, Maddelein ML, and Sancho J. Evaluation of chemical compounds on the aggregation of amyloid beta peptide (1-42). V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds. Zaragoza, 1-4 febrero 2012

Viñas C, Martínez P, Iñíguez D, and Carrodeguas JA. Automated multiparametric analysis of multidimensional microscopy images. Presentación de póster y presentación oral en workshop. I Congreso de la Red Española de Microscopía Optica Avanzadada (REMOA). Barcelona, 20-22 noviembre 2012

Velasco J L, Alonso J A, Calvo I, and Arévalo J. Configuration dependence of the neoclassical viscosity in TJ-II. 18th International Stellarator/Heliotron Workshop. Canberra (Australia). Enero 2012.

Velasco J L, Alonso J A, Calvo I, and Arévalo J. Extended calculations of neoclassical viscosity for TJ-II. 39th European Physical Society Conference on Plasma Physics. Estocolmo (Suecia). Julio 2012.

Vilone D, Ramasco JJ, Sánchez A, and San Miguel M Rational and irrational dynamics are both needed to reach consensus in random topologies. *International Workshop on "Agent-based models and complex techno-social systems"*, Zürich (Suiza). Julio 2012.

Cuesta J A, and Manrubia S C. Evolving on phenotype landscapes. *SMBE 2012: Society for Molecular Biology and Evolution*. Dublin (Irlanda). Junio 2012.

Quintero N R, Cuesta J A, and Alvarez-Nodarse R. La corriente promedio en los "rocking ratchets". FisEs 2012. Palma de Mallorca (España). Octubre 2012

Medina M, Sánchez-Azqueta A, Lans I, Hurtado-Guerrero R, Martínez-Júlvez M. Ser80 in *Anabaena* Ferredoxin-NADP⁺ reductase contributes to stabilize the catalytically competent complex NADP⁺. *Proceedings of Flavins and Flavoproteins* 2011. Fecha: 2012

Travasso, R.D.M., Faisca, P.F.N., Parisi, A., and Rey, A. "Why do protein folding rates correlate with metrics of native topology?". *Gordon Research Seminar on "Protein Folding Dynamics"*. Ventura (California). Enero 2012.

Cortes-Ciriano I, Koutsoukas A, Abián O, Bender A, and Velázquez-Campoy A. Experimental validation of in silico target predictions on synergistic protein targets. 8th German Conference on Chemoinformatics. Goslar (Alemania). Noviembre 2012.

Abián O, Vega S, Sancho J, and Velázquez-Campoy. Novel allosteric inhibitors of the NS3 protease from the hepatitis C virus. 19th International Symposium on Hepatitis C Virus and Related Viruses. Venecia (Italia). Octubre 2012.

Seoane Bartolomé B. *Many-body transverse interactions in the quantum annealing of the p-spin ferromagnet*. Quantum Information meets Statistical Mechanics, Inssbruck, Austria, Septiembre 2012.

Bruscolini P. Modeling the folding of gpW and alpha-spectrin SH3 domain: accurate information from a simple model. *International Workshop on "The Emerging Dynamic View of Proteins: Protein Plasticity in Allostery, Evolution and Self-Assembly.* Dresden (Alemania). Julio 2012

Bruscolini P. MS/MS spectra interpretation as a statistical-mechanics problem. *Wellcome Trust Scientific Conference on "Genome Informatics"*. Cambridge (Reino Unido). Septiembre 2012

López-Ruíz, R. JPS-2012: Journées de Physique Statistique', Paris (France); Enero - 2012. Congreso Nolineal 2012', Zaragoza; Junio - 2012.

López-Ruíz, R 'ECCS'12: European Conference on Complex Systems', Brussels (Belgium); Septiembre - 2012.

Minaya M, Pimentel M, Mason-Gamer R, Catalán P. Distribution and evolutionary dynamics of *Stowaway* Miniature Inverted repeat Transposable Elements (MITEs) in grasses. Botany 2012 conference. Columbus. 7-11/07/2012

Moreno Y. Stability of Multilevel Boolean Networks. *Congreso FISES 2012*. Universidad de las Islas Baleares, Palma de Mallorca, España, Octubre 2012

4.4. Congresos, cursos y jornadas organizados por el BIFI

4.4.1. Congresos, cursos y jornadas organizados por el IUI, talleres de trabajo

Se han organizado 7 importantes eventos científicos por el instituto BIFI durante el año 2012. A continuación se recogen la información básica de los mismos, su duración y la fecha y lugar de celebración.

Título: V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds

Duración: 4 días

Fecha y Lugar de celebración: 1-4 de Febrero de 2012. BIFI, Zaragoza

Título: PIREGRID: La 'nube' a disposición de las empresas; ¿Cómo acceder al cloud computing?

Duración: 2h 30min

Fecha y Lugar de celebración: 28 Febrero. Zaragoza (España).

Título: Stand del proyecto SCI-BUS

Duración: 4 días

Fecha y Lugar de celebración: 27-30 Marzo 2012. Munich (Alemania) .

Título: Grid y Cloud al Servicio de la Empresa

Duración: 4h

Fecha y Lugar de celebración: 25 Mayo 2012. Zaragoza (España).

Título: Stand del proyecto SCI-BUS

Duración: 4 días

Fecha y Lugar de celebración: 18-21 Septiembre 2012. Pagra (República Checa).

Título: II Gefenol Summer School on Statistical Physics of Complex and Small Systems.

Duración: 2 semanas

Fecha y Lugar de celebración: 3 al 14 de Septiembre. Centro de Ciencias "Pedro Pascual".

Benasque

ORGANIZADORES: Fernando Falo, Jesús Gómez-Gardeñes.

Título: Taller de SCI-BUS y WS-PGRADE para usuarios, administradores y desarrolladores *Duración*: 6h

Fecha y Lugar de celebración: 17 de mayo de 2012. BIFI, Zaragoza.

Título: "Migración de cluster Slurm + Moab a Slurm 2.3"

Duración: 2 días

Fecha y Lugar de celebración: 27 y 28 Marzo 2012, BIFI (Edificio I+D). Zaragoza

4.5. Conferencias

4.5.1. Organización de conferencias en las que participan Investigadores de otros centros de investigación.

El IUI BIFI realiza una labor de difusión del conocimiento dentro de su comunidad científica, para ello organiza conferencias en las que participan investigadores venidos de otros centros de investigación, para dar a conocer distintos aspectos de su investigación. Entre las organizadas durante el 2012 se pueden citar las siguientes:

Título: V International Conference BIFI 2012. Protein Targets: Discovery of Bioactive Compounds

Ponente: Ver tabla con todos los ponentes del congreso.

Fecha y Lugar de celebración: 1-4 de Febrero de 2012. BIFI, Zaragoza

V Internacional Conference BIFI 2012

NOMBRE y APELLIDOS	CENTRO AL QUE PERTENECE O REPRESENTA POBLACIÓN (PAÍS)
Ernesto Freire	The Johns Hopkins University (Baltimore, USA)
Agustí Emperador	IRB (Barcelona)
Oliver Carrillo	Universita degli Studi di Modena (Italy)
Álvaro Sebastián	Estación Experimental Aula Dei (Zaragoza)
Juan Fernández-Recio	Barcelona Supercomputing Center/ BIFI
M. Cristina Nonato	Universidade de Sao Paulo (Brazil)
Patricia Ferreira	BIFI (Zaragoza)
Nadya Velikova	Instituto de Biomedicina (Valencia)
Ramón Hurtado-Guerrero	BIFI (Zaragoza)
Harren Jhoti	Astex Pharmaceuticals (UK)
Rui M.M. Brito	Universidade de Coimbra (Portugal)
Ramón Campos Olivas	CNIO (Madrid)
Horacio Pérez-Sánchez	Universidad de Murcia
Ana M. Roa-Arranz	GlaxoSmithKline Spain (Madrid)
Javier Sancho	BIFI (Zaragoza)
Yamir Moreno	BIFI (Zaragoza)
Silvia Pileri	GE Healthcare Europe GmbH (Milano, Italy)
Ricardo A.P. Padua	Universidade de Sao Paulo (Brazil) / Queen Mary University of London (UK)
Javier Sánchez	Merck Millipore Spain
Soledad Penades	CIC-biomaGUNE / CIBERbbn (San Sebastián)
Luis Martínez-Lostao	Universidad de Zaragoza
Pilar Martín-Duque	IACS (Zaragoza)
Eva M. Gálvez	Instituto de Carboquímica – CSIC (Zaragoza)
Pierpaolo Bruscolini	BIFI (Zaragoza)
Jesús M. de la Fuente	INA (Zaragoza)
Nunilo Cremades	University of Cambridge (UK)/ BIFI
Liliana Rodrigues	Universidad de Zaragoza
Laura Ruiz-Ávila	CIB-CSIC (Madrid)
Eva Latorre	Universidad de Zaragoza
Julián Pardo	Universidad de Zaragoza
Mariano Barbacid	CNIO
Gregory Petsko	Brandeis University (Waltham, USA)
José Alberto Carrodeguas	BIFI (Zaragoza)
M. Luisa Peleato	BIFI (Zaragoza)
Guillermina Goñi	CNIO (Madrid)
Alberto Anel	Universidad de Zaragoza
Manel Esteller	IDIBELL (Barcelona)

Título: Mathematical Structures in Quantum Systems and Applications

Ponente: 50

Fecha y Lugar de celebración: 8-14 de julio 2012, Benasque

Título: Visitas de estudiantes de diversos centros (ver estancias de investigadores).

Duración: Varias durante el año.

Fecha y Lugar de celebración: BIFI, 2012.

Título: Comité Científico y Presidente de desión (Javier Sancho) CONGRESO: Congreso de la Sociedad de Biofísica de España

Duración: Varias durante el año.

Fecha y Lugar de celebración: Barcelona, 2012

Título: "Presentación BSC, RES y PRACE"

Ponente: http://www.bsc.es/marenostrum-support-services/hpc-events-trainings/bsc-res-and-prace-2012

Fecha y Lugar de celebración: 15 Marzo 2012, BIFI (Edificio I+D)

Título: "International Workshop EU-China on Scientific Computing" Ponente: http://www.scc-computing.eu/en/events/zaragoza-workshop/program

Fecha y Lugar de celebración: 26, 27 y 28 Noviembre 2012, BIFI (Edificio I+D)

4.6. Patentes

La solicitud de estas 3 patentes desde el área de Bioquímica pone de manifiesto parte de los resultados de investigación que han sido patentados.

Título: Compuestos para su uso en el tratamiento de la enfermedad de Alzheimer

Autores: Sancho J, López L C, Carrodeguas J A, Ventura S.

Nº solicitud: P201231452 Fecha concesión: 2012 País de prioridad: España

Entidad titular: Universidad de Zaragoza

Título: Allosteric inhibitors of NS3 protease from hepatitis C virus

Autores: Velázquez-Campoy A, Abián O, Vega S, Sancho J

N° solicitud: EP12382218.1 Fecha de prioridad: 01/06/2012 País de prioridad: España

Entidad titular: Universidad de Zaragoza, Fundación Agencia Aragonesa para la Investigación y el Desarrollo (ARAID), Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud (I+CS)

Título: Compuestos para su uso en el tratamiento de la enfermedad de Alzheimer *Inventores*: Javier Sancho, Laura C. López, José Alberto Carrodeguas, Salvador Ventura

Nº de solicitud: P201231452 Fecha de prioridad: 19/09/2012 País de prioridad: España

Entidad titular: Universidad de Zaragoza

4.7. Empresas SPIN-OFF

Durante el año 2012 no se han generado ninguna empresa Spin Off.

Apartado 5. Formación

5.1. Tesis dirigidas leídas en 2012

Como parte de las actividades del IUI BIFI hay que comentar también la labor de formación de nuevos investigadores que podrán seguir su carrera investigadora dentro o fuera del propio instituto, aunque siempre vinculados como miembros del mismo. Durante este año 2012 han sido 10 tesis defendidas. A continuación se especifican cada una de ellas con su título, doctorando, director/es de tesis, fecha de lectura y la calificación.

Título: Estudio teórico del mecanismo de transferencia de electrones en flavoproteínas

implicadas en la cadena fotosintética de Anabaena.

Doctorando: Isaías Lans Vargas

Director/es: Milagros Medina / Mireia García-Viloca

Universidad: Universidad de Zaragoza *Fecha de defensa*: 19/07/2012.

Calificación: Sobresaliente cum laude.

Título: Mecanismo catalítico de la Aril alcohol oxidasa de Pleurotus eryngii

Doctorando: Aitor Hernández Ortega

Director/es: Ángel Martínez / Patricia Ferreira *Universidad*: Universidad Autónoma de Madrid

Fecha de defensa: 25/05/2012. Calificación: Sobresaliente cum laude

Título: Models of social behavior based on game theory.

Doctorando: Jelena Grujić.

Director/es: José A. Cuesta y Ángel Sánchez.

Universidad: Carlos III de Madrid.

Fecha de defensa: 21 de septiembre de 2012.

Calificación: Apto cum laude por unanimidad (Mención internacional)

Título: Estudio de interacciones macromoleculares en el diseño de nuevos anti-virales y

antibióticos

Doctorando: Rosa Doménech Director/es: José Luis Neira

Universidad: Universidad Miguel Hernández

Fecha de defensa: 16/111/2012

Calificación: Apto

Título: Modelos De Interacción De Enlace De Hidrógeno Para La Simulación Del

Plegamiento Y La Agregación De Proteínas

Doctorando: Marta Enciso Carrasco Director/es: Antonio Rey Gayo

Universidad: Universidad Complutense de Madrid

Fecha de defensa: 06/02/2012

Calificación: Sobresaliente "cum laude"

Doctorando: Sara Ayuso Director/es: Javier Sancho Universidad: Zaragoza Fecha de defensa: 2012 Calificación: APTO cum laude

Título: Simulaciones Cinéticas de Transporte Iónico en Dispositivos de Fusión

Doctorando: Andrés de Bustos Molina.

Director/es: Francisco Castejón Magaña y Víctor Martín Mayor

Universidad: Complutense de Madrid Fecha de defensa: 10 de Febrero de 2012 Calificación: Sobresaliente cum Laude

Título: Polinomios cúbicos riemannianos: uma abordagem hamiltoniana e aplicações

Doctorando: Lígia Raquel dos Santos Abrunheiro

Director/es: Margarida Camainha y Jesús Clemente Gallardo

Universidad: Coimbra (Portugal) Fecha de defensa: 14 septiembre 2012

Calificación: Aprovado com distinção e louvor (Maxima posible)

Título: Dynamics and Collective Phenomena of Social Systems.

Doctorando: Carlos Gracia Lázaro

Director/es: Yamir Moreno y Luis Mario Floría

Universidad: Universidad de Zaragoza *Fecha de defensa*: 27 de Noviembre

Título: Relaciones estructura-función en la cápsida del virus de la fiebre aftosa: algunas

implicaciones para el desarrollo de vacunas y antivirales

Doctorando: Verónica Rincón Forero Director/es: Mauricio García Mateu

Universidad: Universidad Autónoma de Madrid

Fecha de defensa: 2012

Calificación: Sobresaliente cum laude

5.2. Becas de iniciación a la investigación

Título proyecto: Aplicaciones del formalismo geométrico de la Mecánica Cuántica

Beneficiario: Jorge Alberto Jover Galtier

Entidad financiadora: MICINN

Fecha de comienzo: Curso 2011-2012

Título proyecto: Evolucion multigenomica de las gramineas templadas (Pooideae, Poaceae). Biogeografia y filogeografia de especies modelo de pooideas (Festuca,

Anthoxanthum s.l, Brachypodium, Bromus) en el viejo mund

Beneficiario: Diana López Alvarez

Entidad financiadora: Ministerio de Economía y Competitividad. Beca FPI

Fecha de comienzo: 2011-2014

5.3. Cursos impartidos

Sin tener en cuenta la actividad docente de los investigadores PDI en los distintos grados, postgrados, másteres, etc se han impoartido por personal del BIFI los siguientes cursos durante 2012

Título: Técnicas biofísicas en la caracterización de flavoenzimas

Duración: 2 horas

Fecha y Lugar de celebración: 05/06/2012. Universitat degli Studi di Bari. Bari. Italia

Título Fijación de Nitrógeno. Nutrición Vegetal: Homeostasis de metales en plantas. "Iniciación a la investigación en ciencias agrarias y del medio natural".

Duración: 12 horas.

Fecha y Lugar de celebración: Mayo 2012. Escuela Universitaria Politécnica Superior de Huesca, Universidad de Zaragoza.

Título .Proteínas: del la estructura a la función. Master "Biología Molecular y Celular" *Duración:* 8 horas.

Fecha y Lugar de celebración: Noviembre 2012. Facultad de Ciencias. Universidad de Zaragoza.

Título: Jornada de portales web de acceso a infraestructuras distribuidas en el BIFI

Duración: 2h 30 min

Fecha y Lugar de celebración: 17 Mayo 2012. BIFI (Zaragoza)

Título: Protein Interactions by Calorimetry: General Concepts & Applications, in *Biomolecular Interactions Analysis 2012 (Instruct Integrating Biology)*

Duración: Noviembre 12-16

Fecha y Lugar de celebración: Noviembre 2012, Institute for Molecular and Cell Biology – University of Porto (Portugal)

Título: Quantum chemistry calculations of electronic spectra: (Time-dependent) density-functional theory.

Duración: 8 horas.

Fecha y Lugar de celebración: 04-09/06/2012. ZCAM (Zaragoza, Spain)

Título: Estructura de Macromoléculas (2º curso Grado en Bioquímica)

Duración: 1 semestre

Fecha y Lugar de celebración: Universidad Autónoma de Madrid

Título: Ingeniería de Proteínas (Máster en Biotecnología)

Duración: 4 semanas

Fecha y Lugar de celebración: Sep-Oct 2012, Universidad Autónoma de Madrid

Título: Ingeniería de Proteínas (Máster en Biología Molecular y Celular)

Duración: 4 semanas

Fecha y Lugar de celebración: Nov-Dic 2012 Universidad Autónoma de Madrid

Título: Graphene Nanophotonics

Fecha y Lugar de celebración: 27/06/2012. Imperial College, Londres (Reino Unido),

Título: Graphene Plasmonics: Nanoemitters, Waveguides And Solitons

Fecha y Lugar de celebración: 04/07/2012. University of Cambridge, (Reino Unido)

Título: Electromagnetic modes con_ned to graphene structures: waveguides, nano-emitters and solitons

Fecha y Lugar de celebración: 10/07/2012. Universidad de Exeter (Reino Unido)

Título: Electromagnetic modes con_ned to graphene structures: waveguides, nano-emitters and solitons

Fecha y Lugar de celebración: 14/09/2012. L'Institut D'Optique, Centre National de la Recherche Scienti_que, Paris (Francia)

Título: Extraordinary Optical Transmission

Fecha y Lugar de celebración: 05/10/2012. Universidad Pedagogica y Tecnologica de Colombia, Tunja (Colombia)

Título: Electromagnetic modes con_ned to graphene structures: waveguides, nano-emitters and solitons

Fecha y Lugar de celebración: 09/10/2012. Universidad de los Andes, Bogot_a (Colombia)

Título: Historia pretérita y actual de unos sobrevivientes glaciares, los ñames pirenaicos (Borderea Mièg.) XVII curso sobre Flora y Vegetación pirenaicas. Jaca 18/07/2012

Apartado. 6. Proyección Internacional

6.1. Colaboraciones externas

Una de las características del IUI BIFI es también la investigación multidiscipliar en cuanto a que reconoce la colaboración como la herramienta útil para avanzar hacia la resolución de incógnitas en la investigación. Se colabora con los mejores especialistas estableciendo un feed-back que enriquece los resultados de investigación. Algunas de estas colaboraciones están ya consolidadas, mientras que otras se encuentran en proceso de serlo. Se han identificado durante este año 2012 49 colaboraciones, de las que 10 son con centros españoles, 11 americanos, 5 asiáticos y 22 europeos, que se enumeran a continuación brevemente.

6.1.1. Colaboración con centros extranjeros:

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.

Investigador colaborador: Dr. Néstor Carrillo, Dr. Néstor Cortez, Dr. Eduardo Ceccarelli y Dra. Elena Orellano.

Tipo de colaboración: Largo plazo. Proyecto conjunto. Estudio cinético y estructural de flavoenzimas bacterianas.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Laboratory of Chemical Physics, National Institute of Health in Bethesda, USA.

Investigador colaborador: Drs. Gerhard Hummer y Edina Rosta

Tipo de colaboración: Estudio mecanocuántico de procesos de transferencia de hidruro.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Centre de Recherche des Cordeliers, Paris, Francia. Experimentación celular y animal.

Investigador colaborador: Dr. Santos Susín.

Tipo de colaboración: Estudio a nivel molecular y celular de las funciones de hAIF.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Universitat degli Studi di Bari, Bari, Italia. Investigador colaborador: Dr. Barile.

Tipo de colaboración: Análisis de inhibidores de la FADS bacteriana en el enzima humano.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Unidad de Expresión de Proteínas Recombinantes del Instituto Pasteur, París.

Investigador colaborador: Dr. Bellalou.

Tipo de colaboración: Utilización de plataformas de microfermentadores de alta capacidad.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Facultade de Ciencias Farmaceuticas de Ribeirao Preto. Universidade de Sao Paolo. Brasil.

Investigador colaborador: Cristina Nonato.

Tipo de colaboración: Caracterización en BIFI del mecanismo catalítico de la flavoenzima dihidroorotato dehidrogenasa.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: USDA Institute of Microbial and Biochemical Technology, Madison, Wisconsin, USA y Universidad de Clark, Worcester, USA.

Investigador colaborador: Drs. Daniel Cullen y David Hibbett

Tipo de colaboración: secuenciación masiva de genomas de basidiomicetos (incluidos los genomas de 30 basidiomicetos, publicados en sendos trabajos en PNAS y Science) con especial énfasis en la búsqueda de genes de nuevas flavooxidasas y otras oxidorreductasas de interés biotecnológico

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Institute for Plasma Physics, Greifswald (Alemania) / Unidad de Teoría.

Investigador colaborador: Jose Manuel García-Regaña.

Tipo de colaboración: visita de trabajo

Centro de investigación/Departamento/Unidad: National Institute for Fusion Science, Toki (Japan) / Unidad de Teoría.

Investigador colaborador: Shinsuke Satake.

Tipo de colaboración: visita de trabajo.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Liverpool

Investigador colaborador: Prof. Turnbull

Tipo de colaboración: Proteínas de unión a carbohidratos

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Bath

Investigador colaborador: Dr Watts

Tipo de colaboración: Estudios mecanísticos de glicosiltransferasas

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Pasteur Institute

Investigador colaborador: Prof. Latge

Tipo de colaboración: Estudios de inhibición en transglicosilasas

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Picardie University

Investigador colaborador: Dr Siriwardena

Tipo de colaboración: Estudios de inhibición en glicosiltransferasas

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Virginia University

Investigador colaborador: PS Hoffman Tipo de colaboración: Investigación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Washington Univ Sant Louis

Investigador colaborador: D Berg

Tipo de colaboración: Investigación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Universidad de Toulouse

Investigador colaborador: ML Maddelein Tipo de colaboración: Investigación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Department of Chemistry, Universidade de Coimbra

Investigador colaborador: Maria Joao Moreno

Tipo de colaboración: Estudio cinético y termodinámico de interacciones en membranas biológicas

biologicas

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Center for Neuroscience and Cell Biology, Universidade de Coimbra

Investigador colaborador: Rui M.M. Brito

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de la interacción de chaperonas farmacológicas con moléculas diana

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Department of Cell Biology and

Physiology, University of North Carolina *Investigador colaborador*: John Reader

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de interacciones proteína-RNA

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Department of Biological Science,

National University of Singapore

Investigador colaborador: Jayaraman Sivaraman

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de interacciones proteína-proteína

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto de Química, Universidad

Nacional Autónoma de México

Investigador colaborador: Enrique García Hernández

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de interacciones proteína-ligando

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Department of Biology, The Johns Hopkins University

Investigador colaborador: Ernesto Freire

Tipo de colaboración: Identificación de compuestos bioactivos frente a dianas farmacológicas

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Universidad de California, Santa Cruz.

Investigador colaborador: Peter Young

Tipo de colaboración: científica (spin glasses)

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Chinese Academy of Science

Investigador colaborador: Haijun Zhou

Tipo de colaboración: científica (algoritmos de belief-propagation).

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Università di Roma, La Sapienza.

Investigador colaborador: Giorgio Parisi y su grupo. *Tipo de colaboración*: científica (Janus Collaboration).

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Università di Ferrara.

Investigador colaborador: Raffaele Tripiccione y su grupo.

Tipo de colaboración: científica (Janus Collaboration).

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Tokyo Institute of Technology.

Investigador colaborador: Hidetoshi Nishimori.

Tipo de colaboración: científica (algoritmos de quantum annealing).

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Politecnico di Torino (Torino, Italia)

Investigador colaborador: Alessandro Pelizzola

Tipo de colaboración: Colaboración científica - publicación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Fundación ISI (Torino, Italia)

Investigador colaborador: Mauro Faccin

Tipo de colaboración: Colaboración científica - publicación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Dep. Química, Universidad de Cambridge

Investigador colaborador: Laura Itzhaki

Tipo de colaboración: Colaboración científica - Intercambio de datos

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Dep. Química, Universidad de Cambridge

Investigador colaborador: Robert Best

Tipo de colaboración: Colaboración científica - Intercambio de datos

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Northeastern University, Boston, USA

Investigador colaborador: Prof. Alessandro Vespignani

Tipo de colaboración: Investigación

Centro de investigación/Departamento/Unidad: ISI Fundation, Turin, Italia.

Investigador colaborador: Prof. Alessandro Vespignani, Dr. Ciro Catutto

Tipo de colaboración: Investigación.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Oxford Internet Institute, University of

Oxford. UK.

Investigador colaborador: Dr. Sandra González Bailón.

Tipo de colaboración: Investigación.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Merseille, Francia.

Investigador colaborador: Dr. Bruno Goncalvez

Tipo de colaboración: Investigación.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Cergy-Pontoise, Paris,

Francia.

Investigador colaborador: Dr. Laura Hernandez

Tipo de colaboración: Investigación.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Central Veterinary Institut. Lelystad,

Holanda

Investigador colaborador: Prof. Michiel Harmsen *Tipo de colaboración*: Investigación en virología

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Center of Physiology and Pathophysiology.

Institute of Neurophysiology. University of Cologne.

Investigador colaborador: Prof. Dr. Agapios Sachinidis, Ph.D.

Tipo de colaboración: Investigación en células madre.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Centre for Cell Science NCCS Complex,

Pune University. India

Investigador colaborador: Dr. Nibedita Lenka

Tipo de colaboración: Investigación en células madre.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Silesia, Faculty of Biology

and Environmental Protection, Department of Anatomy and Cytology. Polonia

Investigador colaborador: NA

Tipo de colaboración: ayuda de movilidad de estancia docente e investigadora para

profesores Erasmus en Europa

Centro de investigación/Departamento/Unidad: University of Aberystwyth, Institute of

Biological, Environmental and Rural Sciences, UK

Investigador colaborador: NA

Tipo de colaboración: ayuda de movilidad de estancia docente e investigadora para

profesores Erasmus en Europa

6.1.2. Colaboraciones con centros españoles

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid.

Investigador colaborador: Dr. Angel T. Martínez.

Tipo de colaboración: Largo plazo. Proyecto. Caracterización de oxidorreductasas de tipo GMCs. Mecanismo catalítico de la Aril alcohol oxidasa.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, Universidad de Sevilla-CSIC. Sevilla

Investigador colaborador: Dr. Manuel Hervás y Dr. José A. Navarro

Tipo de colaboración: Acceso a espectroscopia cinética inducida por pulso de láser para los miembros de nuestro grupo. Dirección conjunta de Tesis Doctoral.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto Química Física-Rocasolano, CSIC, Madrid.

Investigador colaborador: Dr. Juan A. Hermoso.

Tipo de colaboración: Resolución de estructuras tridimensionales de algunas proteínas.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: IBB y Universidad Autónoma de Barcelona, Barcelona

Investigador colaborador: Dra. Mireia García-Viloca, Dr. José M. Lluch y Dra. Angels González.

Tipo de colaboración: Estudio mediante métodos mecanocuánticos del procesos enzimáticos. Dirección conjunta de Tesis Doctoral.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Barcelona Supercomputing Centre, Barcelona.

Investigador colaborador: Dr. Victor Guallar.

Tipo de colaboración: Cálculos computacionales.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Universidad Pablo de Olavide, Sevilla. Investigador colaborador: Dra. Francisca Reyes.

Tipo de colaboración: Caracterización de los procesos de interacción y transferencia de electrones/hidruro en una cadena proteica de transferencia de electrones que implica diversas flavoenzimas y está involucrada en la biodegradación de la tetralina.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Centro de Investigaciones Principe Felipe, Valencia.

Investigador colaborador: Dra. Armengod.

Tipo de colaboración: Caracterización mediante mezcla rápida con flujo detenido el mecanismo de acción de la enzima MnmE.

Centro de investigación/Departamento/Unidad: CNRF

Investigador colaborador: P Bernadó

Tipo de colaboración: Investigación conjunta

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto de Biotecnologia y Biomedicina, Universidad Autónoma de Barcelona

Investigador colaborador: Salvador Ventura, David Reverter

Tipo de colaboración: Estabilidad y plegamiento de proteínas e interacciones proteínaligando Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto de Bioquímica Vegetal y

Fotosíntesis, Universidad de Sevilla-CSIC

Investigador colaborador: Irene Díaz Moreno, Antonio Díaz Quintana

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de interacciones proteína-proteína

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Instituto de Biologia Molecular y Celular,

Universidad Miguel Hernandez

Investigador colaborador: Jose Luis Neira

Tipo de colaboración: Estudio termodinámico de interacciones proteína-proteína e

identificación de fármacos

6.2. Estancias en otros centros de investigación

6.2.1. Estancias de investigación en centros extranjeros de investigadores del BIFI

Las estancias de investigación que se han realizado en centros extranjeros en el año 2012 se enumeran clasificadas por la duración de la estancia.

Estancias de >1 MES

Nombre del investigador: Raquel Villanueva Llop

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Centre de Recherche des Cordeliers,

Paris, France. Experimentación celular y animal.

País: Francia Duración: 3 meses

Fechas: 08/02/2012-15/05/2012.

Nombre del investigador: Angel Sánchez

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Faculty of Economics, University of

Cambridge.

País: Reino Unido Duración: 3 meses.

Fechas: 1 de junio a 30 de agosto de 2012.

Nombre del investigador: Jose Miguel Gil Narvión

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Università degli Studi di Ferrara /

Dipartimento di Fisica

País: Italia

Duración: 6 semanas.

Fechas: 22 Octubre - 30 Noviembre.

Estancias de 15 a 30 días

Nombre del investigador: Yamir Moreno

Centro de investigación/Departamento/Unidad: ISI Foundation

País: Italia *Duración*: 1 mes

Fechas: 01/07/2012 al 31/07/2012

Estancia en Roma

Nombre del investigador: Jorge Monforte García

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Università di Roma, La Sapienza.

Dipartimento di Fisica.

País: Italia

Duración: 3 semanas

Fechas: 8/10/2012 - 27/10/2012

Estancia en Ferrara

Nombre del investigador: Jorge Monforte García

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Università di Ferrara. Dipartimento di

Fisica. País: Italia

Duración: 3 semanas

Fechas: 27/10/2012 - 13/11/2012

Estancias de 0 a 15 días

Nombre del investigador: Jesús Clemente Gallardo

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Departamento de Matemática,

Universidad de Coimbra

País: Portugal Duración: 4 días

Fechas: 11-15 de septiembre de 2012

Nombre del investigador: Jesús Clemente Gallardo

Centro de investigación/Departamento/Unidad de la estancia: Dipartamento de Scienze

Fisiche, Università Federico II di Napoli

País: Italia Duración: 6 días

Fechas: 1-6 de mayo de 2012

6.2.2. Estancias de investigación realizadas por investigadores extranjeros en el BIFI

Las estancias de investigación que realizadas por investigadores extranjeros en el BIFI en el año 2012 se enumeran clasificadas por la duración de la estancia.

Estancias > 1 MES

Nombre del investigador: Renata Almeida Garcia Reis

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Universidad de Sao Paolo,

Sao Paolo, Brasil *Duración:* 30 días

Fechas: 07/9/2012-06/10/2012

Investigador responsable del BIFI: Patricia Ferreira / Milagros Medina

Nombre del investigador: Beatriz Seoane Bartolomé

Centro de investigación/Departamento/Unidad: Department of Physics, Tokyo Institute of

Technology *País:* Japón *Duración*: >1 mes

Fechas: 15 marzo a 15 de junio de 2012

Nombre del investigador: Dr. Chengyi Xia

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Tiajin University, China.

Duración: 1 año

Fechas: Desde Septiembre 2011 a Septiembre 2012 Investigador responsable del BIFI: Yamir Moreno Nombre del investigador: M. Sc. Christian Sanabria

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: UNAM, Ciudad de Mexico,

Mexico.

Duración: 6 meses

Fechas: Desde Enero 2012 a Junio 2012

Investigador responsable del BIFI: Yamir Moreno

Nombre del investigador: Zhen Wang.

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Hong Kong Baptist

University. Hong Kong, China.

Duración: 3 meses

Fechas: Junio 2012 a Septiembre 2012.

Investigador responsable del BIFI: Yamir Moreno

Nombre del investigador: Arezky Hernandez.

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Universidad de la Ciudad

de Mexico, Mexico. Duración: 3 meses

Fechas: Mayo 2012 a Septiembre 2012.

Investigador responsable del BIFI: Yamir Moreno y Luis Mario Floría

Nombre del investigador: Alexander Betekhtin

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: University of Silesia, Faculty of Biology and Environmental Protection, Department of Anatomy and Cytology

Duración: 5 meses y medio

Fechas: =17/01/2012-30/06/2012

Investigador responsable del BIFI: Pilar Catalán

Estancias de 15 a 30 días

Nombre del investigador: Maria Joao Moreno, Filipe Coreta Gomes

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Department of Chemistry,

Universidade de Coimbra *Duración:* 3 semanas

Fechas: Marzo 2012, Noviembre 2012

Investigador responsable del BIFI: Adrián Velázquez Campoy

Nombre del investigador: Jose Gallego

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Unidad Central de

Investigación Biomédica, Universidad Católica de Valencia

Duración: 4 semanas

Fechas: Marzo 2012, Julio 2012, Septiembre 2012, Noviembre 2012

Investigador responsable del BIFI: Adrián Velázquez Campoy

Nombre del investigador: Stefano Stella, Gulnahar Mortuza

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Structural Biology and

Biocomputing Programme, CNIO

Duración: 2 semanas

Fechas: Agosto 2012, Octubre 2012

Investigador responsable del BIFI: Adrián Velázquez Campoy

Nombre del investigador: Katiuska Fernández, Rafael Scheiba

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Instituto de Bioquímica

Vegetal y Fotosíntesis, Universidad de Sevilla-CSIC

Duración: 2 semanas

Fechas: Marzo 2012, Junio 2012, Noviembre 2012

Investigador responsable del BIFI: Adrián Velázquez Campoy

Estancias de 0 a 15 días

Nombre del investigador: Víctor Polo

Centro de investigación/Departamento/Unidad: King Fahd University of Petroleum and

Minerals

País: Arabia Saudi Duración: 9 días

Fechas: 8-15 Abril 2012

Nombre del investigador: Alessandro Pelizzola

Centro de investigación/Departamento/Unidad de procedencia: Politécnico de Turín

(Italia)

Duración: 11 días Fechas: 16-27/1/2012

Investigador responsable del BIFI: P.Bruscolini

Apartado 7. Interacción con la sociedad

El Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas Complejas tiene una fuerte tradición de interacción con la sociedad a través de diferentes canales y actividades. 2012 ha sido un año en el que se han realizado numerosas actividades no solo en el contexto regional o nacional, sino que la participación en proyectos europeos con colaboradores de diferentes países ha permitido ampliar la visibilidad del centro y la actividad investigadora que se realiza.

Uno de los medios más utilizados para la difusión y divulgación es su página web, donde se pueden encontrar noticias, eventos, ofertas de trabajo así como una descripción de las áreas de investigación y trabajo del instituto. En enero de 2012 se presentó la nueva página web, con diseño más actual y donde cada área sube los contenidos de interés e información del grupo de investigación.

En Febrero el BIFI participó por tercer año consecutivo en los circuitos científicos de la Universidad de Zaragoza acogiendo visitas de diferentes institutos de secundaria rurales de la comunidad de Aragón y también participó dando una charla en el Instituto de Calamocha. El objetivo de esta actividad era fomentar las vocaciones científicas entre los más jóvenes. En el caso concreto del girl's day en el que el BIFI tambié participó enseñando sus instalaciones y presentando los programas de investigación, el fin era acercar la ciencia a las jóvenes estudiantes. También en febrero se realizó el congreso internacional del BIFI que, si bien tiene carácter investigador, la participación de Mariano Barbacid hizo que se plantease una sesión de acceso libre con el fin de dar visibilidad a la actividad investigadora. Se hizo especial difusión a través de centros de salud y hospitales.

El proyecto europeo SCI-BUS, del que el BIFI es líder de difusión y que tiene como fin crear portales de computación para científicos, participó en marzo en el EGI Community Forum en Munich con el fin de dar a conocer el proyecto a investigadores. También se asistió al EGI Technical Forum en Praga en septiembre, esta vez destinado a desarroalladores. Scc-computing, otro proyecto internacional en este caso de colaboración estrátégica con China, fue presentado

en Tianjin en abril con varios representantes del BIFI y con un fuerte impacto en prensa y tv que cubrieron el evento.





En mayo finalizó el proyecto Piregrid y para ello se realizó un acto en el que se contó con la participación de Pau García Milá fundador de EyeOS en un evento enfocado a fomentar el uso del cloud por empresas de la región.

También en mayo se colaboró con la Asociación de software libre de la

Universidad de Zaragoza, cediendo varios equipos de los ya en desuso en el BIFI.



RRLab, el laboratorio de Realidad Remota del BIFI, fue presentado públicamente en el Instituto de la Azucarera, contando con la presencia del Departamento de Educación del Gobierno de Aragón así como la presencia de la Fecyt, entidad financiadora del proyecto.

El BIFI también ha tenido repercusión en los medios tradicionales, como es el caso de la TV. En junio fue emitido un espacio en Informe semanal sobre redes sociales, dando gran visibilidad al BIFI.



Durante este año 2012 se participó en los cursos de verano de la Universidad del País Vasco dando a conocer las actividades de promoción científica del BIFI hacia la comunidad educativa y la Fundación Ibercivis con una charla sobre ciencia ciudadana en Paseo Project.

El comienzo del curso escolar viene marcado en los últimos años por la realización de la Noche de los Investigadores en el que el BIFI una vez más participó acercando la actividad investigadora a pie de calle, para niños, jovenes y adultos interesados. También en septiembre, y dada la tradición de colaboración del BIFI con el Gobierno de Aragón en divulgación, se firmó un convenio de colaboración con el departamento de Eduación para promover actividades de participación de centros de enseñanza en actividades científicas. En concreto, y bajo la cobertura de la Fundación Ibercivis, se lanzará un programa de ciencia ciudadana de reconocimiento de células en el que los alumnos participarán en el proceso de reconocimiento de muerte celular. Ibercivis continúa trabajando en el ámbito de la computación voluntaria y participó activamente en el encuentro de BOINC junto con la Internation Desktop Grid Fedearion (IDGF) en Londres el pasado septiembre.

la Fundación, Además, Ibercivis, que se registró oficialmente como fundación en septiembre de 2012, lidera un proyecto europeo de participación ciudadana SOCIETIC, en el que se han llevado a cabo varias actuaciones. En octubre tuvo lugar la presentación dicho proyecto y la participación como patrocinador en las



jornadas de "Comunicar la neurociencia" de la Universidad de Zaragoza.

Uno de los eventos que mayor repercusión ha tenido en el último año dentro de la llamada ciencia ciudadana o ciencia que se sirve de la participación de la sociedad para obtener datos o resultados científicos, ha sido el proyecto de Gripenet. Gripenet es un proyecto nacional que se une a una iniciativa internacional (Influezanet) que se presentó en noviembre para que la sociedad colabore en predecir la evolución de la gripe y que tuvo repercusión en prensa y televisión a nivel regional.

En el mes de diciembre se realizó la Fundación Ibercivis organizó el Cafe de la Innovacion AINNA, con una jornada de presentación del BIFI en la facultad de Ciencias de la Universidad de Zaragoza para animar a jóvenes estudiantes a realizar su carrera investigadora en este instituto.