

Bucaramanga, Enero de 2017

Señores

Dirección de Arrea Curricular Ingeniería de Sistemas e Industrial

Facultad de Ingeniería

Universidad Nacional de Colombia

Bogotá

Cordial saludo:

Después de recibidas las sugerencias del Profesor Andrés González como jurado calificador de la Tesis de Maestría en Bioinformática, titulada: **“Identifying proteins and metabolic pathways associated with the neuroprotective response mediated by tibolone in astrocytes under an induced inflammatory model”**. Hago entrega de una nueva versión del documento implementando las siguientes sugerencias:

1. A sugerencia del evaluador, se adicionaron los algoritmos de cuatro de las funciones implementadas dentro del paquete **‘MINVAL: MINimal VALidation for Stoichiometric Reactions’** utilizadas en el desarrollo de este trabajo para realizar la curación de la sintaxis, el balance de masa/carga y la identificación de metabolitos huérfanos (**‘isValidSyntax’**, **‘isBalanced’**, **‘orphanReactants’** y **‘orphanProducts’**) como un capítulo anexo al documento original que inicia en la página No. 38.
2. A sugerencia del evaluador, se adicionaron los algoritmos de tres de las funciones implementadas dentro del paquete **G2F: Find and Fill Gaps in Metabolic Networks** utilizadas para realizar la identificación de gaps, el llenado de los mismos, y la remoción de las reacciones bloqueadas (**‘additionCost’**, **‘gapFill’** y **‘blockedReactions’**) como un capítulo anexo al documento original que inicia en la página No. 41. También se adicionó una tabla comparativa entre las metodologías usadas por otros tres algoritmos implementados (**‘fastGapFill’**, **‘growMatch’** y **‘SMILEY’**) y la nueva metodología propuesta.
3. *“En la sección de integración de datos genómicos, nuevamente es muy complejo entender la operación del código sin algoritmo. Recomiendo citar y comparar los resultados con IMAT, GIMME, E-Flux y PROM, los cuales son muy usados para realizar tareas análogas.”* Se adicionaron los algoritmos de las funciones para la integración de datos genómicos y la comparación de modelos (**‘exp2flux’** y **‘fluxDifferences’**) usadas e implementadas dentro del paquete **EXP2FLUX: Convert Gene Expression Data to FBA FLUXes** como un capítulo anexo al documento original que inicia en la página No. 43.
4. *“No me queda claro la racionalidad en la decisión de realizar un FVA después de integrar los datos.”*
5. *“Uno de los procedimientos típicos antes de poner a prueba el modelo para plantear respuestas a diferentes escenarios metabólicos es la conciliación con datos reportados en literatura. Recomiendo que se realice esta etapa.”*
6. *“Si existe una diferencia en el análisis de sensibilidad usado comúnmente en problemas de programación lineal a partir de precios sombra y lo que plantea el capítulo por favor mencionarlo. En caso contrario recomiendo usar los términos asociados a optimización para lograr un mejor entendimiento.”*

Atentamente,

Daniel Camilo Osorio

Estudiante Maestría en Bioinformática