



Coloquio Queretano de Matemáticas

Viernes 12 de Abril @ 1pm

Metagenómica y ecología sintética para diseccionar comunidades bacterianas

Sur Herrera Paredes
LIIGH UNAM

Debido a su enorme potencial biotecnológico y relevancia ambiental, las comunidades bacterianas son el foco de intensos esfuerzos de caracterización. Sin embargo, la mayoría de las funciones bacterianas de interés son propiedades complejas que resultan de interacciones entre el contexto biótico y abiótico de un ecosistema. En principio, la metagenómica nos permite estudiar el componente genético completo de un ecosistema de manera simultánea, en paralelo la ecología sintética nos permite medir el efecto de perturbaciones específicas en condiciones controladas. Ambos enfoques tienen limitaciones fundamentales. En laboratorio de ecología y evolución desarrollamos un método bayesiano para identificar variantes genéticas bajo selección natural a partir de datos metagenómicos, identificando funciones moleculares importantes para la colonización de la flora intestinal humana. En paralelo, planteamos una estrategia para muestrear eficientemente el espacio de comunidades que nos permite inferir las contribuciones específicas de cada especie a las funciones de su comunidad. La combinación de técnicas computacionales y experimentales es necesaria para establecer reglas sobre los procesos en la interfaz eco-evolutiva.

investigación

biomatemática

estadística

Evento híbrido, con transmisión en vivo

presencial: Aula Teórica, IM-UNAM Juriquilla

virtual: Zoom ID: 979 443 2722 pass: DRvwX2

✉ coloquio-queretano@im.unam.mx

🌐 matem-juriquilla.unam.mx/coloquio



Nodo Multidisciplinario de
Matemáticas Aplicadas



Instituto de
Matemáticas



UNAM
Juriquilla