Anotación estructural y funcional de genomas, proteomas y transcriptomas

2026 Universidad Pablo de Olavide
Ver la oferta en la web. www.upo.es/UPOtec
Contacta con la OTRI: otri@upo.es

Sector

Salud

Área Tecnológica

Biotecnologia , Tecnologías de la información y de la Comunicación (Tic)

Descripción

Los expertos de la Universidad Pablo de Olavide tienen la capacidad de anotar genomas, proteomas y transcriptomas, buscando categorías de genes (codificantes y no codificantes) y asignándoles información funcional desde diferentes fuentes.

Necesidad o problema que resuelve

Dado un nuevo genoma, localizar los genes que lo componen (codificantes y no codificantes) y asignar anotaciones funcionales a los genes codificantes de proteínas, tanto en forma de términos GO -ontología de genes- como asignándoles 'Gene names' y descripciones, así como rutas metabólicas ligadas. La anotación funcional también se puede llevar a cabo a partir de un proteoma. Anotar nuevos transcriptomas provenientes de experimentos de microarrays o RNA-Seq, entre otros. La anotación funcional es similar a la de genomas, asignando anotaciones a todas las secuencias del transcriptoma y generando tablas resumen con la distribución de genes por proceso biológico o localización subcelular, dando incluso información sobre relación con enfermedades humanas. Estos análisis se llevarían a cabo utilizando herramientas desarrolladas por el grupo, principalmente Sma3s (la cual ya ha demostrado una gran precisión en genomas bacterianos y eucariotas, así como en transcriptomas del género Solea -los llamados lenguados-, en especies de pino o en transcriptomas de distintas especies de zorro). Para complementar la anotación funcional, se podrían utilizar herramientas como AnaGram/AnaBlast o orthoFind, también desarrolladas y publicadas por el grupo.

Aspectos innovadores

Algunas de las herramientas desarrolladas por el grupo y útiles para resolver los problemas propuestos pueden encontrarse en la siguiente web: http://www.bioinfocabd.upo.es Algunos de los trabajos donde se han empleado las herramientas de anotación funcional del grupo, pueden encontrarse en la página web de Sma3s (http://www.bioinfocabd.upo.es/sma3s/), o en esta lista de referencias: https://scholar.google.com/scholar?oi=bibs&hl=en&cites=15101352946720812388

Equipamiento científico disponible

Estaciones de trabajo y servidores propios, así como clústeres de supercomputación para alto rendimiento.

Tipos de empresas interesadas

Grupos de investigación Unidades de investigación Hospitales Empresas farmacéuticas que hacen I+D Empresas biotecnológicas

Nivel de desarrollo

Disponible para el cliente

Equipo de Investigación

Grupo de Bioinformática UPO-CABD. Area de Genética. Departamento de Biología Molecular e Ingeniería Química