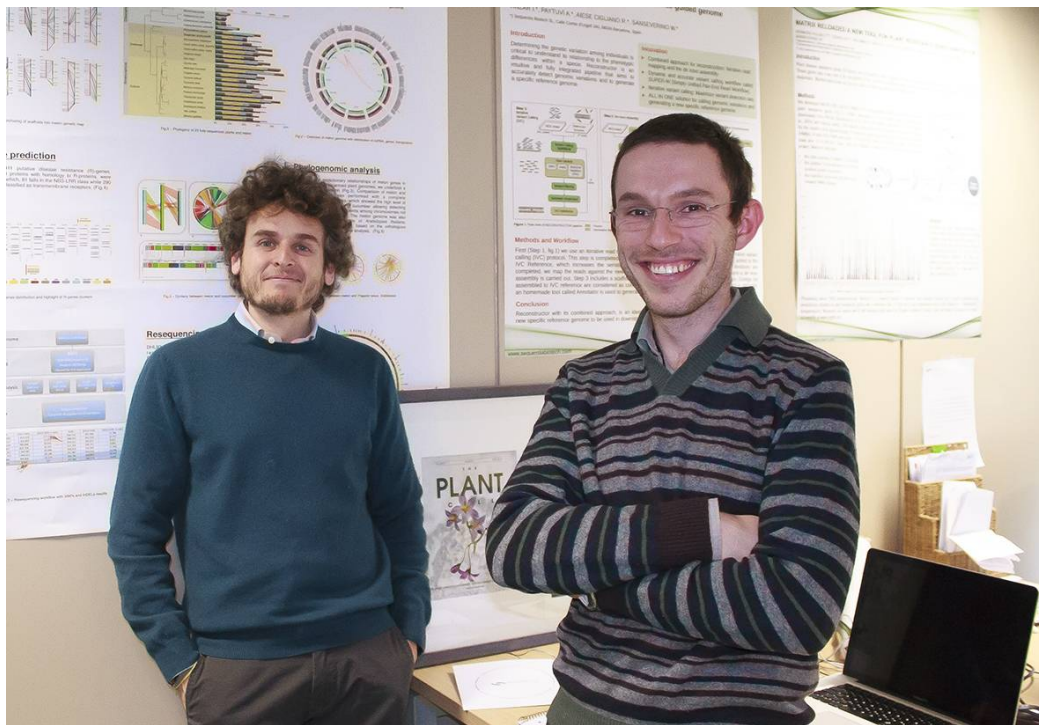


Desarrollan un 'software' de genómica ambiental comparativa en tiempo real

Investigadores de la firma Sequentia Biotech han desarrollado Gaia, una herramienta bioinformática *on line* capaz de gestionar y analizar datos metagenómicos de cualquier comunidad microbiana (bacterias, virus y eucariotas) generados por tecnologías de nueva secuenciación aplicadas a la genética humana, animal y vegetal. El *software* permite además comparar las muestras en tiempo real.

PCB

7/11/2016 12:36 CEST



Walter Severino y Riccardo Aiese, cofundadores de Sequentia. / PCB

Un equipo de Sequentia Biotech, con sede en el Parque Científico de Barcelona, ha desarrollado un *software* en la nube capaz de gestionar y analizar datos metagenómicos de cualquier comunidad microbiana generados por las tecnologías de nueva secuenciación (*Next Generation Sequencing*, NGS) aplicadas a la genética humana, animal y vegetal.

Gaia integra automáticamente todos

los niveles de la clasificación taxonómica con la funcional

Según los autores, Gaia es la primera herramienta bioinformática que integra automáticamente todos los niveles de la clasificación taxonómica con la funcional (desde el reino hasta la subespecie) en tan sólo 12 horas y permite comparar las muestras en tiempo real. Gaia es una plataforma *cloud computing* que se distribuye en la modalidad SaaS (*Software as a Service*) –basada en la facturación por el consumo– y es muy intuitiva; cualquier investigador aunque no sea experto en bioinformática la puede utilizar y evaluar fácilmente el análisis de los resultados obtenidos.

Función de los genes microbianos

La metagenómica (genómica ambiental o genómica de comunidades) es el análisis del metagenoma: el conjunto del ADN de los diversos microorganismos presentes en un hábitat. Se trata de un campo nuevo de la genómica que busca obtener y analizar mediante tecnologías NGS (Next Generation Sequencing) secuencias del genoma de los diferentes microorganismos que componen una comunidad sin la necesidad de aislarlos o cultivarlos *in vitro*, lo que permite obtener información, no sólo de la estructura de la comunidad (diversidad, distribución, etc.), sino también de la función de los genes microbianos que la componen.

Es capaz de obtener una visión completa y
detallada del microbioma de diferentes
ambientes del cuerpo humano

Gaia pretende dar respuesta a este desafío de la bioinformática. Se trata de una herramienta *on line* capaz de obtener una visión completa y detallada del microbioma de diferentes ambientes procedentes del cuerpo humano, (estómago, boca, piel etc.), animales, residuos

orgánicos, agricultura, y medio ambiente (tierra, agua, etc.).

“Se trata de una herramienta que proporciona análisis de datos metagenómicos a partir de muestras ambientales, lo que constituye una gran ventaja, ya que se estima que con los métodos tradicionales, basados en el aislamiento y cultivo de microorganismos *in vitro*, se pierden entre 90% y el 99% de los microbios de la muestra”, explica Walter Sanseverino, consejero delegado de Sequentia.

Además, trabaja con cualquier organismo (eucariotas, procariotas y virus), frente a la mayoría de los sistemas bioinformáticos actuales que solo trabajan a nivel de bacterias.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

METAGENÓMICA | SOFTWARE | BIOINFORMÁTICA | MICROBIOMA | CLOUD |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)