



Análisis bioinformático de mutaciones en genes codificantes de proteínas

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

Tecnologías de la información y de la Comunicación (Tic) , Biomedicina y Salud Pública

Descripción

Los expertos de la Universidad Pablo de Olavide tienen la capacidad de realizar análisis de secuencias génicas o proteicas específicas, para determinar su posible función, o para predecir cómo puede afectar una determinada mutación a esta función, incluyendo análisis de la estructura 3D.

Necesidad o problema que resuelve

Comprender mejor las consecuencias de las mutaciones que afectan a determinados genes y las proteínas asociadas, para los que se espera encontrar y anotar sus regiones y posiciones esenciales, describir su conjunto de dominios y motivos, ayudándose del estudio de homólogos de otros organismos. Estos análisis podrían tener su uso para describir en detalle las características de genes ligados a determinadas enfermedades y descubrir nuevo conocimiento que pueda ayudar a la investigación y tratamientos para su prevención o cura. Conocer la estructura 3D de una proteína o predecirla por métodos de modelado por homología, y estudiar como se puede afectar esta estructura cuando aparece una determinada mutación. Aportar nueva información de la función de genes huérfanos de los que no se tiene información funcional. Estos análisis se llevarían a cabo localizando homólogos de secuencia en otras especies y realizando alineamientos múltiples para estudiar la conservación de aminoácidos, o llevando a cabo experimentos de minería de datos. Además, se consultarían bases de datos útiles para describir la función de proteínas como UniProt, Pfam o Prosite. Adicionalmente, se utilizarían herramientas propias más específicas para la anotación de secuencias desconocidas como AnaGram, orthoFind o Sma3s.

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>. En colaboración con un grupo de científicos del Hospital Virgen del Rocío de Sevilla, el investigador responsable modeló la estructura 3D de una proteína mutante del virus del SIDA -Flor Parra et al. 2010-): <http://www.bioinfocabd.upo.es/publicaciones.htm>

Equipamiento científico disponible

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

Tipos de empresas interesadas

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

Nivel de desarrollo

Nivel de desarrollo

Equipo de Investigación

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