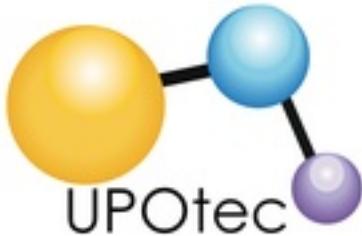




OTRI



## Software BIGO. Una aplicación web dirigida a proporcionar información relevante a la validación de grupos de genes, clusters o biclusters, aprovechando potentes herramientas de software de análisis de enriquecimiento de genes

2026 Universidad Pablo de Olavide  
Ver la oferta en la web. [www.upo.es/UPOtec](http://www.upo.es/UPOtec)  
Contacta con la OTRI: [otri@upo.es](mailto:otri@upo.es)

### Sector

Salud

### Área Tecnológica

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

### Descripción

Normal 0 21 false false false ES JA X-NONE Investigadores del Área de Lenguajes y Sistemas Informáticos de la Universidad Pablo de Olavide han desarrollado una aplicación web denominada BIGO, una potente herramienta software diseñada para mejorar la validación de los resultados generados por las herramientas de análisis de enriquecimiento de genes existentes, proporcionando una nueva información que ayuda a obtener nuevas conclusiones de los grupos de genes extraídos, a partir de los datos de expresión genética. Se trata de una herramienta novedosa en el campo de la validación biológica, debido a que no existe ninguna herramienta con un mismo enfoque y que, además, mejora la interacción con los posibles usuarios potenciales.

### Necesidad o problema que resuelve

Normal 0 21 false false false ES JA X-NONE Actualmente, existen muchas herramientas diseñadas para llevar a cabo un análisis de enriquecimiento de genes. El objetivo de un análisis de enriquecimiento es obtener que términos biológicos son más relevantes desde un punto de vista biológico a partir de un grupo de genes obtenido por técnicas de aprendizaje automático como pueden ser el clustering o biclustering entre otros. La mayoría de estas herramientas de análisis de enriquecimiento se asemejan mucho a los modelos estadísticos y correcciones para múltiples experimentos utilizados. Sin embargo, estas herramientas poseen múltiples debilidades, como por ejemplo el de no incluir opciones de filtrado de información para acotar el resultado. Por otro lado, un número muy escaso de estas herramientas permiten realizar una comparativa entre múltiples grupos de genes, y por último, aquellas que permiten la visualización de los resultados en forma de grafo no incluyen la utilidad de poder interactuar con el mismo para una mayor facilidad de interpretación. Todos estos inconvenientes detectados son solventados con la herramienta BIGO,

cuyo objetivo principal es incrementar la cantidad de información biológica útil de un análisis de enriquecimiento de genes. Y es que, por un lado, existen demasiados términos biológicos dentro de un análisis de enriquecimiento, por lo que resulta de gran interés encontrar la manera de distinguir aquellos términos poco importantes o significativos para un estudio, ya sea porque aparecen de manera repetida en todos los grupos de genes o porque sean demasiado genéricos. En la misma medida, es interesante destacar aquellos términos más relevantes. Esta relevancia vendrá dada por su exclusividad dentro de un grupo de genes concreto y/o por su especificidad dentro del árbol de ontologías de GO (Gene Ontology). Esta capacidad de filtrar o distinguir términos biológicos proporciona la posibilidad de reducir el tamaño del resultado, además de contar con un conjunto de elementos de mayor interés. Asimismo, si se aplica todo esto al conjunto total de términos recogidos en los resultados del análisis de enriquecimiento aplicado a distintos conjuntos de genes, aparece la posibilidad de aplicar un segundo nivel de clasificación sobre dichos grupos, es decir, se podría establecer una relación entre los distintos grupos de genes. De esta manera, se generaría nuevo conocimiento, como por ejemplo se podrían encontrar grupos de genes altamente relacionados con respecto a su funcionalidad biológica pero totalmente disjuntos en cuanto a sus genes.

## Aspectos innovadores

BIGO mejora la validación de los resultados generados por las herramientas de análisis de enriquecimiento de genes existentes, proporcionando una nueva información que ayuda a obtener nuevas conclusiones de los grupos de genes extraídos a partir de los datos de expresión genética. Se trata de una herramienta novedosa en el campo de la validación biológica, debido a que no existe ninguna herramienta con un mismo enfoque y que, además, mejora la interacción con los posibles usuarios potenciales. Otras de las ventajas de BIGO son el acceso desde cualquier ordenador, una interfaz amigable, múltiples posibilidades de uso y configuración de detalles técnicos de mayor complejidad orientados a proporcionar un plus a dicha herramienta: posibilidad de almacenamiento en la nube, posibilidad de comparar resultados entre sí, navegación gráfica interactiva, posibilidad de usar una aplicación externa de enriquecimiento, posibilidad de aceptar cualquier tipo de resultado, etc. Normal 0 21 false false false ES JA X-NONE Normal 0 21 false false false ES X-NONE X-NONE

## Tipos de empresas interesadas

Normal 0 21 false false false ES JA X-NONE Herramienta de interés para el sector de la Biotecnología ya sea a nivel de investigación o bien a nivel productivo para empresas biotecnológicas cuya área de actividad sea el campo de la validación biológica.

## Nivel de desarrollo

BIGO: Software inscrito en el Registro de Propiedad Intelectual.© Universidad Pablo de Olavide La herramienta se encuentra alojada en el Centro Informático Científico de Andalucía (CICA).

## Más información

Normal 0 21 false false false ES JA X-NONE AUTORES: Domingo Savio Rodríguez Baena, Francisco A. Gómez Vela, Aurelio López Fernández. TITULAR: Universidad Pablo de Olavide. VIDEOTUTORIAL FUNCIONAMIENTO BIGO: <https://www.youtube.com/watch?v=dTC25rLz2A8>

## Equipo de Investigación

Intelligent Data Analysis (TIC239)