



CÓDIGO GRUPO • NOMBRE

TIC-017 Bioinformática

CONTACTO

María del Mar Abad Grau
Departamento de Lenguajes y Sistemas Informáticos
ETS Ingenierías Informáticas y de Comunicaciones
c/ Periodista Daniel Saucedo Aranda s/n
Universidad de Granada
Tel: 958 240634
Fax: 958 243179

RESUMEN

El grupo de Bioinformática es constituido después de unos años desarrollando métodos de selección y construcción de modelos predictivos de forma específica a la detección de patrones en el genoma de los individuos que pueden estar relacionados con la presencia de enfermedades complejas, es decir aquellas cuya causa es un compendio de numerosos factores genéticos junto con los ambientales.

El objetivo último es utilizar las tecnologías de la información para desarrollar y visualizar modelos más fiables de los factores que influyen en la manifestación de enfermedades complejas, que ayuden tanto al análisis de resultados por investigadores de la genética de la enfermedad como al desarrollo de tests clínicos que ayuden a predecir el posible desarrollo de una enfermedad compleja a partir del genoma de un individuo.

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

- **SELECCIÓN DE FACTORES GENÉTICOS.** Desarrollo de métodos para detección de factores genéticos en enfermedades complejas a partir de muestras de genotipos con marcadores binarios de individuos emparentados o no. La fiabilidad en la identificación de factores es crucial para obtener modelos predictivos eficaces.
- **APRENDIZAJE AUTOMÁTICO DE MODELOS PREDICTIVOS.** Desarrollo de algoritmos para el aprendizaje automático de modelos de predicción del



riesgo individual a enfermedades complejas. Además de los factores genéticos como variables de entrada, se investiga sobre la forma de modelar las diferencias ancestrales y su repercusión en el riesgo así como incorporación de información del transcriptoma.

- **GESTIÓN Y VISUALIZACIÓN DE PATRONES BIOLÓGICOS.** Esta línea de investigación trata del desarrollo de software multiusuario, preferentemente para la web, que permita la recogida y distribución de forma centralizada de información biológica como factores genéticos (secuencias alélicas) o datos de expresión genética procesados en el grupo. El software debe permitir la visualización de los distintos tipos de información.

SERVICIOS TECNOLÓGICOS

- Dirección del proceso de construcción de un sistema de predicción de riesgo para una enfermedad compleja.
- Software para detección de asociación de haplotipos de riesgo en el genoma.

OFERTAS TECNOLÓGICAS (RESULTADOS Y PATENTES)

- Sistema de predicción de riesgo genético de un individuo a desarrollar una enfermedad compleja. Actualmente se dispone de un modelo con un 81% de fiabilidad para esclerosis múltiple y se está desarrollando otro para asma.

UNIDAD DE I+D:

- 2 equipos de cálculo intensivo de 24 procesadores cada uno con 32 y 48 GB de RAM respectivamente.

INTERÉS EN TRANSFERENCIA:

- Empresas que realizan análisis genéticos mediante genotipado de SNPs, o análisis de expresión génica.

PROYECTOS VIGENTES:

HaploRisk: Construcción de modelos basados en haplotipos para la predicción de riesgo, inicio, evolución y respuestas terapéutica a la



tic

TECNOLOGÍA DE LA INFORMACIÓN
Y LAS COMUNICACIONES

Esclerosis Múltiple. Proyecto de Investigación en Salud. Instituto de Salud Carlos III. Ministerio de Economía y Competitividad. Código: PI13/02714.