

El Instituto Nacional de Bioinformática:

una plataforma tecnológica al servicio de la comunidad científica

Joaquín Dopazo

Department of Bioinformatics, Centro de Investigación
Príncipe Felipe, and
Functional genomics node, INB, Spain.

<http://www.gepas.org>.

<http://www.pupasnp.org>

<http://www.babelomics.org>



National Institute of Bioinformatics,
Functional Genomics node



INB. Objetivos y composición

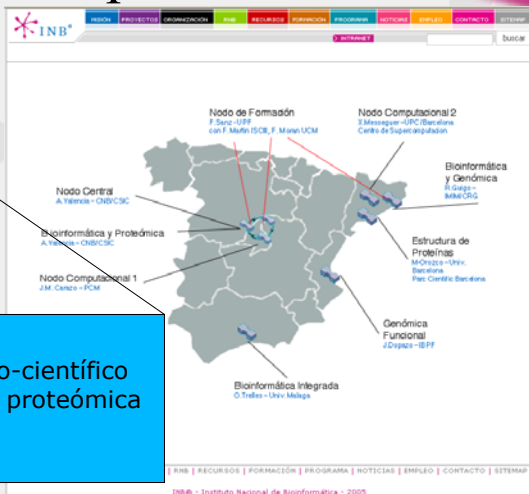
OBJETIVO DEL INB El objetivo fundamental del INB es generar y aplicar soluciones bioinformáticas a las necesidades que se planteen en el desarrollo y ejecución de proyectos que tienen un enfoque genómico y proteómico, para lo cual deberá, entre otras misiones:

• Fomentar el desarrollo de la Bioinformática y la Biología Computacional en España.

• Colaborar y dar soporte técnico-científico a los proyectos de genómica y proteómica a nivel estatal.

• Contribuir a la creación y consolidación de grupos locales, de bioinformática mediante la formación de bioinformáticos. Estos grupos podrían tener un componente tanto de investigación como de servicio. Por tanto el INB se propone generar el conocimiento en Bioinformática necesario para que centros locales puedan funcionar con las mayores garantías.

• Colaborar y dar soporte técnico-científico a los proyectos de genómica y proteómica a nivel estatal



<http://www.inab.org>

Genómica funcional

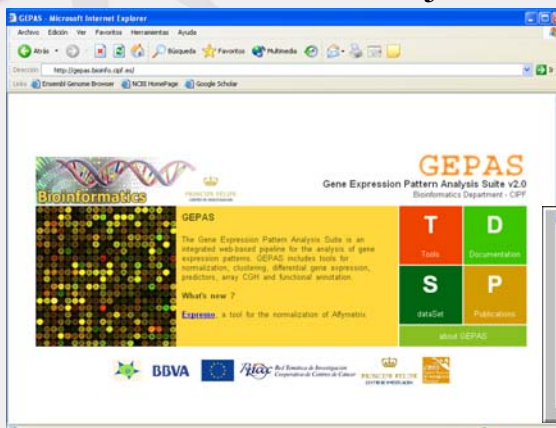


Functional Genomics Unit (Bioinformatics Department)
CIPF (Centro de Investigación Príncipe Felipe) Valencia (Spain)
<http://bioinfo.cipf.es>

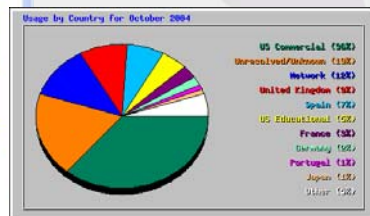
Microarrays
Polimorfismos
Anotación funcional
Análisis de secuencias
Genómica comparativa

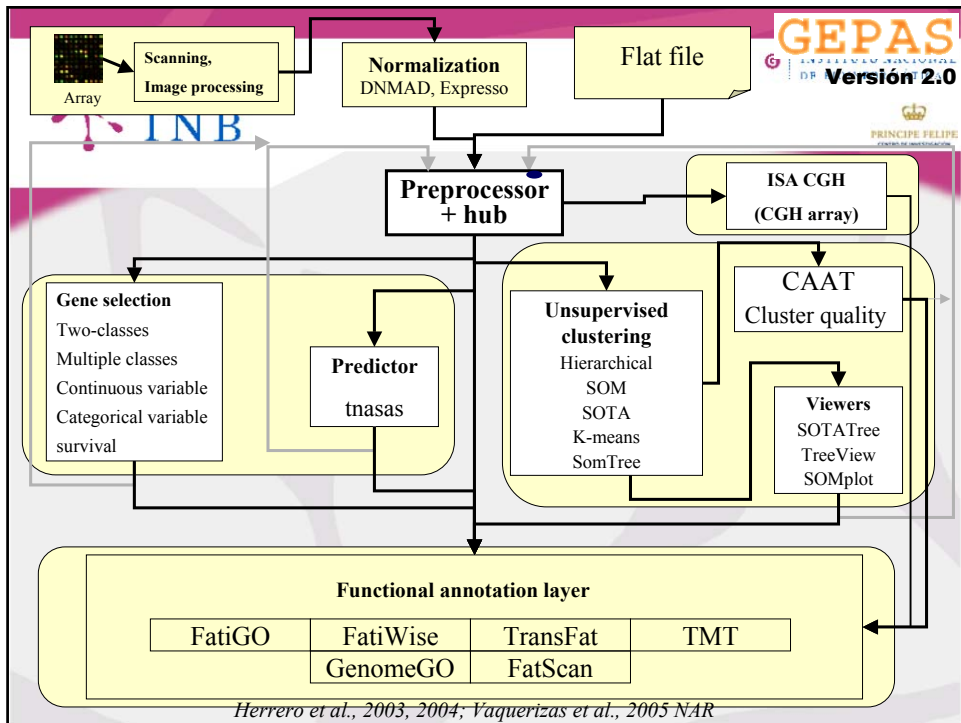


Los algoritmos se usan
si están implementados
en programas de fácil
manejo: GEPAS



GEPAS analizó más de
75.000 experimentos
en 2004 y tiene una
media de 350 usos
diarios





Babelomics suite

<http://www.babelomics.org>

INB

INSTITUTO NACIONAL DE BIOINFORMÁTICA

PRINCEPE FELIPE
CENTRO DE INVESTIGACIÓN

FatiGO: Fast transference of information using Gene Ontology

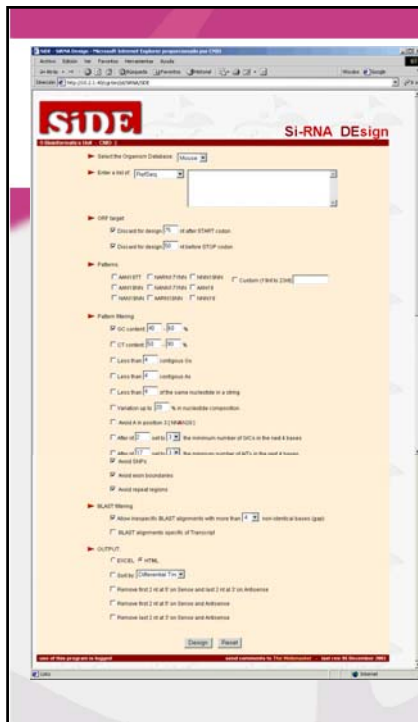
FatiWise: an extension of FatiGO for InterPro motifs, KEGG pathways and SwissProt keywords

TransFAT (Transcription Factor Association Test) is a tool designed for detect under or over-representation of putative transcription factors (TF) in sets of genes.

Tissues Mining Tool: compares gene expression in tissues using the t-test statistical method.

FatiScan: a tool to detect significant functions with Gene Ontology in lists of genes ordered according to differents characteristics.

Al-Shahrour et al., 2005 NAR, 2005 Bioinformatics



SIDE

Diseño masivo de siRNAs.

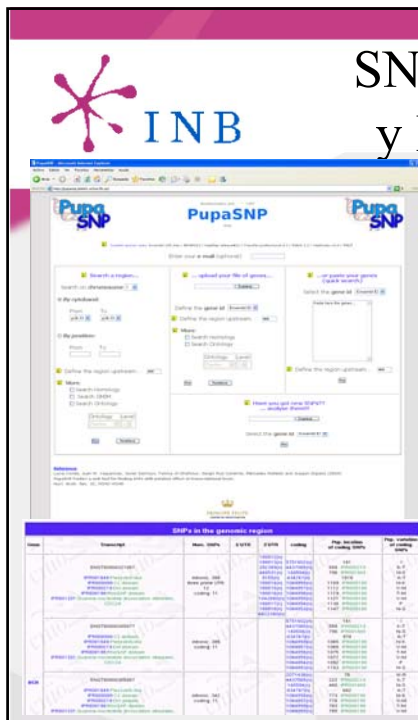
Específicos

Termodinámicamente óptimos

Con todos los requerimientos que aparecen en la bibliografía (opcionales)

<http://side.bioinfo.cipf.es>

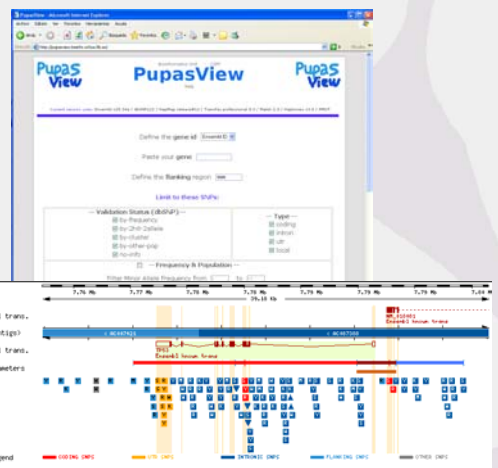
Santoyo, J., Vaquerizas, J.M. and Dopazo, J. 2005 Highly specific and accurate selection of siRNAs for high-throughput functional assays. *Bioinformatics* 21(8):1376-1382



SNPs: PupaSNP y PupasView

<http://www.pupasnp.org>

<http://pupasview.bioinfo.cipf.es>



Conde et al., 2004, 2005. NAR

