

NOTA DE PRENSA

Gaia, el primer ‘software’ intuitivo de metagenómica para genética humana, animal y vegetal

- Gaia trabaja a nivel de cualquier organismo (eucariotas, procariotas y virus) e integra automáticamente todos los niveles de la clasificación taxonómica con la funcional (desde el reino hasta la subespecie) en tan sólo 12 horas, y es también la primera herramienta bioinformática que permite comparar las muestras en tiempo real.
- El *software*, disponible en la nube con tecnología SaaS (*Software as a Service*), no requiere formación especializada; cualquier investigador que no sea experto en bioinformática la puede utilizar.
- La herramienta ha sido desarrollada por Sequentia Biotech, con sede en el Parc Científic de Barcelona, fundada por dos jóvenes investigadores, Walter Sanseverino y Riccardo Aiese Cigliano, con la finalidad de crear *know-how* propio para mejorar la accesibilidad a la información producida por las tecnologías de secuenciación de nueva generación (*Next Generation Sequencing*, NGS) a la comunidad científica, de manera eficiente y asequible.

Barcelona, 3 de noviembre de 2016. [Sequentia Biotech](#) con sede en el [Parc Científic de Barcelona \(PCB\)](#) ha desarrollado [Gaia](#) una herramienta bioinformática *one-line* capaz de gestionar y analizar datos metagenómicos de cualquier comunidad microbiana (bacterias, virus y eucariotas) generados por las tecnologías de nueva secuenciación (*Next Generation Sequencing*, NGS) aplicadas a la genética humana, animal y vegetal.

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 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.

La metagenómica tiene un enorme potencial en distintas áreas de las ciencias de la vida, naturales y experimentales, pero constituye un gran reto para la bioinformática debido a la ingente cantidad de datos resultante de la mezcla de genomas de cientos de microorganismos presentes en una muestra, pertenecientes a diferentes especies, que interactúan entre sí para que el ecosistema se sustente.

Sequentia Biotech ha desarrollado Gaia, para dar respuesta a este desafío de la bioinformática. Se trata de una herramienta *online* 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 bioinformática *online* 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 90-99% de los microbios de la muestra”, explica Walter Sanseverino, cofundador y CEO de Sequentia.

Otra característica innovadora de Gaia es que trabaja a nivel de cualquier organismo (eucariotas, procariotas y virus), frente a la mayoría de los sistemas bioinformáticos actuales que sólo trabajan a nivel de bacterias. Esta nueva herramienta bioinformática también es la primera que integra automáticamente todos los niveles jerárquicos de la clasificación taxonómica (desde el reino hasta la subespecie) con la clasificación funcional. Además, es el primer *software* online que permite hacer un análisis comparativo entre muestras en tiempo real (también conocido como metagenómica comparativa). Esto permite que el análisis sea mucho más amplio, rápido y eficiente.

Debido a su interfaz gráfica e intuitiva y sencillez de uso, Gaia no requiere formación especializada; cualquier investigador que no sea experto en bioinformática la puede utilizar y evaluar fácilmente el análisis de los resultados obtenidos.

“La principal innovación de Gaia radica en que su funcionalidad y prestaciones son iguales o superiores a otros *softwares*, pero su facilidad de uso y rapidez es mucho mayor. Por otra parte, Gaia es una herramienta SaaS por lo que no requiere la instalación del *software* en el servidor, al contrario que otros programas que ocupan mucho espacio y ralentizan la velocidad de las terminales de sus usuarios”, declara Riccardo Aiese cofundador y CSO de Sequentia Biotech.

Más información sobre Gaia: <http://metagenomics.cloud>

■ Sobre Sequentia Biotech

Sequentia Biotech (www.sequentiabiotech.com), fundada por dos jóvenes investigadores Walter Sanseverino (CEO) y Riccardo Aiese Cigliano (CSO) con auténtica pasión por la genética y las ciencias ‘ómicas’, dio sus primeros pasos en enero de 2013 como *spin-off* del Centre de Recerca Agrigenómica (CRAG), un consorcio formado por el CSIC, el IRTA, la UAB y la UB.

El objetivo de Sequentia Biotech es crear *know-how* propio con la finalidad de mejorar la accesibilidad a la información producida por las tecnologías de secuenciación de nueva generación (*Next Generation Sequencing*, NGS) a la comunidad científica, de manera eficiente y asequible.

La empresa tiene su sede en el Parc Científic de Barcelona y centra su actividad en el diseño y desarrollo de nuevas herramientas bioinformáticas de análisis e integración de datos genómicos y post-genómicos que aceleran la investigación básica y aplicada. Actualmente, y tan sólo tres años desde su constitución, Sequentia ha conseguido una cartera de clientes y socios muy amplia y diversificada, formada por más de 30 centros de investigación públicos, empresas y hospitales; participa en más de 160 proyectos de I+D públicos y privados y cuenta con dos bancos de biodatos de código abierto.

Sus cofundadores, Walter Sanseverino y Riccardo Aiese, han publicado más de 40 artículos científicos en revistas de alto impacto, como Nature Genetics, Scientific Report o DNA Research.