

ANEJO 2

XLVII Foro de Colaboración Público Privada

“Microbiota y su relación con los Sistemas Alimentarios”

Esta ficha puede ocupar como máximo las dos caras de esta hoja

1. Información del Grupo de Investigación:

- Grupo de Genómica Comparada y Metagenómica
- Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP UPM-INIA)
- *Personal:*
 - Huerta Cepas, Jaime. Group Leader (huerta.jaime@inia.es)
 - Giner Lamia, Joaquín - Assistant Lecturer
 - Gutiérrez Montes, Verónica - Student
 - Hernández Plaza, Ana - Technician
 - Pérez Cantalapiedra, Carlos - Postdoctoral Fellow
 - Rodríguez del Río, Álvaro - PhD Student

2. Líneas de investigación en las que se está trabajando actualmente.

- Filogenómica de transcriptomas de célula única
- Metagenómica funcional y comparada
- Interacción microbiota y ambiente
- Desarrollo de métodos

3. Proyectos que se están llevando a cabo actualmente en las correspondientes líneas de investigación.

- Búsqueda de nuevas variantes enzimáticas en datos metagenómicos
- Caracterización de nuevas familias génicas
- Anotación funcional
- Metodologías y software en el campo de la filogenómica: eggNOG database, ETE toolkit, eggNOG-Mapper

4. Palabras clave” de la investigación que se desarrolla.

Phylogenomics, Comparative Genomics, Shotgun metagenomics and metatranscriptomics

5. Relaciones con otros grupos de investigación.

- Colaboraciones con grupos internacionales (EMBL, ETH, DTU, Fudan university)
- Colaboraciones con varios grupos del CBGP y Nacionales

6. Resultados más relevantes de la Investigación en los últimos 5 años.

Selected papers:

- Milanese, A.; et al. 2019. Microbial abundance, activity, and population genomic profiling

with mOTUs2, Nat Commun (2019 in press)

- ❑ Bahram M, et al 2018. Structure and function of the global topsoil microbiome. Nature. 2018 Aug;560(7717):233-237.
- ❑ Huerta-Cepas, Jaime; et al. 2017. Fast genome-wide functional annotation through orthology assignment by eggNOG-mapper Molecular Biology and Evolution (second review). pp.076331-076331.
- ❑ Huerta-Cepas, Jaime; et al. 2016. eggNOG 4.5: a hierarchical orthology framework with improved functional annotations for eukaryotic, prokaryotic and viral sequences Nucleic Acids Research. Oxford University Press. 44 (D1):, pp.D286-D293.
- ❑ Paul I. Costea; et al. 2017. Prevalence of prokaryotic subspecies in the global human gut microbiome. Mol Syst Biol. 2017 Dec 14;13(12):960.
- ❑ Li, SS.; et al. 2016. Durable coexistence of donor and recipient strains after fecal microbiota transplantation. Science. 352-6285, pp.586-589. ISSN 1095-9203.
- ❑ Huerta Cepas, J.; Serra, F.; Bork, P.2016. ETE 3: Reconstruction, Analysis, and Visualization of Phylogenomic Data. Molecular Biology and Evolution. 33-6, pp.1635-1638. ISSN 1537-1719.
- ❑ International Aphid Genomics Consortium. 2010. Genome sequence of the Pea aphid Acyrthosiphon pisum. PLoS Biol. 2010 Feb 23;8(2):e1000313.
- ❑ Huerta-Cepas J; et al. 2007. The human phylome. Genome Biol. 2007;8(6):R109.
- ❑ Szklarczyk, D.; et al. 2014. STRING v10: protein-protein interaction networks, integrated over the tree of life. Nucleic acids research. ISSN 1362-4962.
- ❑ Huerta-Cepas J; Gabaldón T.2011. Assigning duplication events to relative temporal scales in genome-wide studies. Bioinformatics. 2011 Jan 1;27(1):38-45.

7. Equipos e Instalaciones Científicas.

Acceso a clusters de computación de alto rendimiento

8. Internacionalización.

H2020 - Bioinformatics Services for Data-Driven Design of Cell Factories and Communities. 2016, 6.300.000 €. 4 years. (partners and info: <http://dd-decaf.eu>)