

III. ERANSKINA - PROIEKTUAREN FITXA TEKNIKOA

<u>Teknologoen modalitatea</u>	TEKNOLOGOENTZAKO PRESTAKUNTZA
Proiektuaren kodea	T5
Izenburua	GAZTAISEQ: HOBEKUNTZA METAGENOMIKOA ESNEKIETAN: HARTZIDURA PROZESUETAN MIKROORGANISMOAK IDENTIFIKATU ETA KARAKTERIZATZEKO IKUSPEGI INTEGRALA
Zentroa/ Udalherria	LEARTIKER, S.COOP. MARKINA-XEMEIN (BIZKAIA)
Saila/Zuzendaritza/Arloa	ELIKAGAIEN TEKNOLOGIA
Ikerketa-taldea	ESNEKI ZENTROA
Proiektuko tutorea(k)	IGOR BAROJA CAREAGA
Laburpena	<p>Proiektu honen helburu orokorra biologia molekularreko hainbat teknika ikertzea eta hobetzea da, bereziki esnekietan eragina duten mikroorganismoak identifikatu eta aztertze teknika genomikoak. Alde batetik, metagenomikako analisi protokoloak garatu eta optimizatuko da, bereizten zailak diren espezieak identifikatzeko. Bestalde, interesgarriak izan daitezkeen mikroorganismoen genoma osoaren analisia (WGS) egiteko protokoloak garatu eta optimizatu nahi dira, mikroorganismo hauek dituzten geneak ezagutzeko eta prozesu ezberdinetan parte hartze duten gaitasuna aztertze. Guzti honen bitartez, hartzidura-prozesuekin lotutako eta elikagaien teknologian garrantzia duten mikroorganismoei buruzko ezagutza eskuratzeko.</p>
Eginbeharrak	<p>DNA esne-matrizeetatik erazteko protokoloa optimizatzea.</p> <p>16S eta ITS eremuen analisi metagenomikorako protokoloak optimizatzea.</p> <p>Silva, GreenGenes, DAIRYdb eta UNITE datu-baseak hobetzea, sekuentzien identifikazio taxonomiko zehatza lortzeko.</p> <p>Anplifikazio-eremu ezberdinak aztertzea, antzekoak diren baina hartzitze-prozesuetan funtzio desberdinak dituzten mikroorganismo-espezieen arteko desberdintasunak agerian uzteko.</p> <p>Analisi metagenomikoetan hautatutako DNA eremu berriak implementatzea eta horien eraginkortasuna ebaluatzea.</p> <p>Mikroorganismoetan, genoma osoa (WGS) aztertze protokoloa optimizatzea.</p>
Harremanetarako datuak	MSARASUA@LEARTIKER.COM ; IBAROJA@LEARTIKER.COM