

# UNIVERSITY OF GRANADA

## MAJOR IN COMPUTER SCIENCE

---

# GeneSys

---

### A BIOINFORMATIC TOOL FOR GENOMIC DATA MANIPULATION

---

#### Author

Bruno Otero Galadí

#### Supervisor

Dr. Fernando Berzal Galiano



UNIVERSIDAD  
DE GRANADA

---

# ETSIIT

Escuela Técnica Superior  
de Ingenierías Informática  
y de Telecomunicación

---



August, 2024. Granada, Spain.



# GeneSys: A bioinformatic tool for genomic data manipulation

Bruno Otero Galadí

**Keywords:** reverse transcriptase, keyword2, ...

## Abstract:

Recent decades' advancements in biological research have brought numerous benefits to our understanding of nature and society's progress. However, these advancements have also generated a vast amount of biological data that must be processed quickly to remain valuable for researchers. If the required speed in processing this data is not achieved, it could become a bottleneck, potentially slowing the current rate of scientific discoveries.

The majority of the problems are related to the preprocessing of big amounts of biological data stored in public databases, which are continuously updated to locate more and more examples of genomic information coming from all kind of sources. So, if researchers without advanced programming knowledge want to dive into these databases in search for a specific kind of genomes, they must be able to manipulate the data in a way that allows them to repeat the process with as many parameters as needed. Additionally, researchers may need to process the data through a series of tasks that must be separated and executed sequentially. This is where GeneSys comes into play.

GeneSys is a modular and scalable software tool with a user-friendly interface that allows researchers to define tasks within a workflow that can be executed and redefined freely in order to satisfy their researching needs, regardless of complexity.

The GeneSys software is designed to have a basic first layer that defines how tasks and workflows are related to each other. This structure allows developers to create modules that would address specific problems. This work includes an initial module designed to solve a real life issue involving reverse transcriptases, also known as RTs, a unique kind of proteins with significant research potential, many aspects of which remain unexplored. Such proteins are currently being studied by Dr. Francisco Martínez-Abarca Pastor at La Estación Experimental del Zaidín (EEZ) in Granada, Spain. The implemented module will help Martínez-Abarca to efficiently face his investigations involving RTs.

# GeneSys: Una herramienta bioinformática para la manipulación de datos génicos

Bruno Otero Galadí

- - -

**Palabras clave:** reverso transcriptasa, keyword2, ...

## Resumen:

Muchos avances se han dado en las últimas décadas en la investigación biológica, todos ellos aportando progresos en la comprensión de la naturaleza y en el desarrollo de la sociedad. No obstante, estos avances han provocado la necesidad de procesar cada vez más datos biológicos a un ritmo que debe permanecer constante para resultar rentable. Si dicha eficiencia en el procesamiento de datos no se alcanza, existe el riesgo de que se convierta en un cuello de botella que, llegado el momento, reduja el ritmo con el que se han producido avances en esta materia hasta ahora.

La mayoría de los problemas van de la mano al preprocesamiento de información genética contenida en diversas bases de datos, que además se incrementa en volumen con el paso del tiempo, a medida que se descubren nuevos genomas. Cualquier persona investigadora que carezca de un nivel alto de programación y desee emplear información de una base de datos para acometer una tarea va a necesitar disponer de un mecanismo que le permita repetir el proceso aplicado a los datos tantas veces como desee, así como subdividir el trabajo a realizar en tareas distintas, en caso de que quiera separarlas en el tiempo y ejecutarlas una a una. Es aquí donde entra GeneSys.

GeneSys es una aplicación modular y escalable con una interfaz de usuario fácil de usar, enfocada en ayudar en las tareas de investigación de datos biológicos. Permite a un usuario general definir tareas dentro de un flujo que podrá ejecutar y modificar según sus necesidades.

GeneSys incorpora una capa software básica que define la forma en la que las tareas y los flujos de tareas se relacionan en la aplicación. Partiendo de ahí, es posible implementar módulos personalizados e independientes que acometan tareas según las necesidades específicas de las investigaciones que se estén llevando a cabo. Este trabajo, además de la capa básica, incluye un módulo diseñado para resolver un problema de preprocesado de datos relativo a las reverso transcriptasas, también conocidas con RTs, un tipo de proteínas con un potencial investigador enorme de las que aún no se conoce mucho. El doctor Francisco Martínez-Abarca Pastor de la Estación Experimental del Zaidín (EEZ) de Granada, España, se encarga en la actualidad de estudiar dichas proteínas. El módulo implementado le servirá para progresar en sus investigaciones.

---

I, **Bruno Otero Galadí**, scholar of the “**grado en ingeniería informática**” university degree of the “**Escuela Técnica Superior de Ingenierías Informática y de Telecomunicación de la Universidad de Granada**”, with a Spaniard national identification number of **75574203K**, authorize the placement of the present work at my school’s library so it can be consulted by anyone who wishes to.

Signed: Bruno Otero Galadí



Granada, on September the 1<sup>st</sup> of 2024.

---

Mr. **Fernando Berzal Galiano**, teacher of the Computing Science and Artificial Intelligence Department of the University of Granada.

**Informs:**

That the present work entitled as **Genesys: A bioinformatic tool for genomic data manipulation**, has been realized under his guidance by Bruno Otero Galadí, and authorizes the defense of the aforementioned work under the collegiate tribunal that might correspond.

And so that it is stated, he issues and signs the present invoice in Granada on <month> the <day> of 2024.

**Supervisor:**

---

**Fernando Berzal Galiano**

# Acknowledgements

First of all, I want to thank