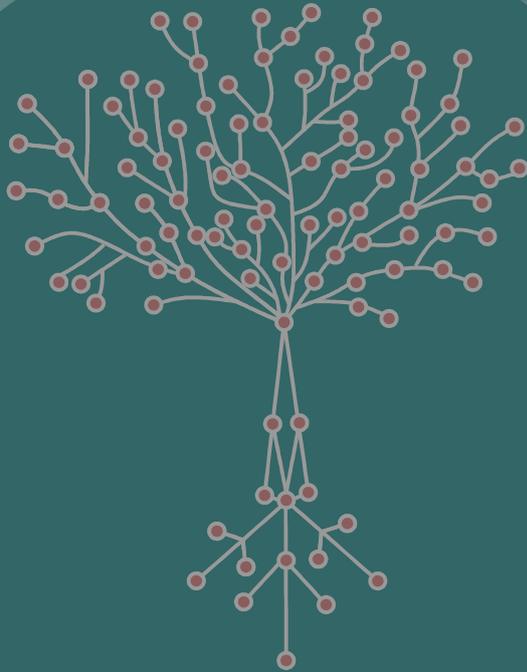


ROSARIO, 16 de Mayo de 2017

Workshop en Genómica Funcional de Plantas

Sede de Gobierno de la UNR
Maipú 1065



CONICET



Instituto de Biología Molecular y
Celular de Rosario



PROGRAMA DE
CIENCIAS ÓMICAS



INTERDISCIPLINARIOS

U N R

TÓPICOS

“Secuenciación de Alto Rendimiento (NGS): Tecnologías, Estrategias, Instrumentación, Servicios Locales y en el Exterior, Estrategias de Preparación de Bibliotecas y Overview de Aplicaciones”

Marina Pombo (INFIVE (UNLP-CONICET), La Plata)

Resumen: Durante el transcurso de esta clase se explicará el funcionamiento de todas las tecnologías de secuenciación disponibles actualmente y los servicios a los que se puede acceder en Argentina. Además, se discutirán distintas estrategias de preparación de bibliotecas para secuenciación Illumina (kits vs. protocolos alternativos, comparación de costos, etc.) y se intentará dar respuesta a preguntas que usualmente surgen durante el diseño experimental.

“Control de Calidad y Pre-procesado de un Experimento de NGS”

Marcela Dotto (FCA (UNL), Esperanza)

Resumen: Se presentarán aspectos generales de los pipelines más comunes para el análisis de experimentos de NGS. Partiendo de archivos en formato fastq se analizará el reporte generado por FastQC, uno de los programas más utilizados para el control de calidad de datos de NGS. También analizaremos los casos más comunes de pre-procesado de secuencias previo al mapeo a un genoma de referencia.

“RNA-seq para el Análisis de la Expresión Diferencial de Genes (mARN) en Plantas Modelo”

Hernan Rosli (INFIVE (UNLP-CONICET), La Plata)

Resumen: En esta sección se explicarán y discutirán estrategias de mapeo de lecturas, identificación y cuantificación de transcritos provenientes de especies con genoma secuenciado, tipos de archivos necesarios para el análisis y que se generan durante el mismo, análisis de expresión diferencial, análisis global de la información (correlación, clustering, términos de ontología génica).

“Determinación del Transcriptoma de las Plantas de Interés Agronómico por RNA-seq”

Máximo Rivarola (INTA, Hurlingham, Buenos Aires - UADE)

Resumen: El objetivo de esta charla es familiarizarse con las metodologías existentes en cuanto a la cuantificación de transcriptomas vía RNA-seq en plantas sin un genoma completo. La idea es mostrar las distintas métricas que uno puede tener en cuenta cuando realiza este tipo de análisis. Se discutirá desde cómo realizar los alineamientos iniciales hasta cómo determinar qué "set" de referencia utilizar. También, veremos cómo se usan modelos lineales generalizados en estos estudios con diseños experimentales complejos.

“Análisis Genómico de la Expresión de sARNs en Plantas”

Marcela Dotto (FCA-UNL, Esperanza)

Resumen: En esta presentación se analizarán los pipelines típicamente utilizados para análisis genómicos de expresión diferencial y otras aplicaciones comunes de NGS para sARNs. También se presentarán nociones generales sobre predicción de targets de miARNs y validación usando bibliotecas de degradoma.



I B R

Programa de Ciencias Ómicas

“Determinación a Nivel Genómico de los Sitios de Unión de Proteínas al ADN (ChIP-Seq)”

Julieta Mateos (FIL-IIBBA, Buenos Aires)

Resumen: El objetivo de esta clase es familiarizarse con técnicas de detección de uniones entre proteínas y ácidos nucleicos (ADN) a nivel global (ChIP-seq). Se discutirán detalles técnicos aplicados a plantas y se abordará la visualización e interpretación de datos genómicos por herramientas bioinformáticas.

“Aprovechamiento de Bases de Datos Públicas de Genómica Funcional de Plantas”

Ramiro Rodriguez (IBR (CONICET-UNR) y FBioyF y CEI (UNR), Rosario)

Resumen: El objetivo de esta clase es repasar herramientas para aprovechar el abundante cúmulo de datos de transcriptomas disponible en bases de datos públicas (GEO, ArrayExpress, etc), especialmente aquellos basados en Microarrays. Se discutirá sobre bases de datos con diferente nivel de procesamiento, desde los repositorios de datos crudos hasta aquellas con datos completamente procesados integrados a interfaces gráficas.

“Análisis Genómico del rol de los Factores de Transcripción TCP en el Control del Desarrollo de Plantas”

Carla Schommer (IBR (CONICET-UNR) y CEI (UNR)).

Resumen: En esta clase se va a presentar un ejemplo concreto del uso de técnicas de genómica funcional en un proyecto de biología del desarrollo en plantas. Se expondrá el uso de técnicas transcriptómicas para el descubrimiento de nuevas funciones de un grupo de factores de transcripción.

PROGRAMA

Grupos de Trabajo

Dado el gran número de interesados en participar del Workshop hemos armado dos grupos de trabajo en paralelo detallados en la siguiente tablas. Cada grupo tiene un cronograma de horarios específico detallado en la siguiente página.

#	GRUPO 1: Salón Sur		GRUPO 2: Salón Norte	
1	Lucas Sosa Alderete	Magalí Diana Gimenez	Maira Inès Dinolfo	Melisa Leone
2	Lucas Gastón Sosa Alderete	Maria Soledad Soto	Carolina Soliani	Diego Zavallo
3	Humberto Debat	Romina Belén Agostini	Sabljic Ivana	Andrea Laura Venturuzzi
4	Tadeo Francisco Fernandez Göbel	Evangelina Maulión	Marcos Ezequiel Franco	Silvia Langer
5	Nora Uberti Manassero	Maria Celeste Molina	Silvina Monti	Edgardo Hernan Avico
6	Matias Reyna	Valentina Gonzalez	Jésica Barneto	Soledad Donna
7	Micaela Peppino Margutti	Marcelo Méndez	Luciana Kasulin	Facundo E. Marmisolle
8	María Soledad Figueredo	Rodrigo Machado	Josefina Demicheli	Melisse Castaingts
9	Anaía Llanes	Regina Mencia	Guillermina Natalín Arias	Juan Alfredo Roldán
10	Maria Lorena Falcone Ferreyra	Pablo Torti	Valeria Etchart	Maria Magdalena Vazquez
11	Gustavo Chacón	Agustín Sabbione	Alicia Zelada	Juan Pablo Córdoba
12	Sebastian Rius	Pamela Ribone	Alejandra Melgar	Claudio Muñoz
13	Silvana Righini Aramburu	Ariel Hernán Tomassi	Leandro Cossio	Luciano Calderón
14	Mauro Gismondi	Natanael Mansilla	María Emilia Caliri Ortiz	Estefania Eichler
15	Facundo Uviedo	Martin Mayta	Sofía Andreola	Constanza Chialva
16	Ezequiel Margarit	Camila Goldy	Eliana Marzol	Micaela Pérez
17	Estela Valle	Antonella Ferela	Maximiliano Sanchez-Lamas	Sofía Zardo
18	Ana Paula Martin	Belén Moro	Guadalupe Rodriguez Ferrante	Adelina Larsen
19	Manuel Balparda	Florencia Ercoli	Belen Oldrá	Yamile Consuelo Whpei
20	María Sol Gomez	Arantxa Rojas	Florencia Bannoud	Franco Fernández
21		Santiago Rosatti		
22				

Grupo 1: Salón Sur

08:30 - 09:00 | Acreditaciones y Bienvenida

09:00 - 10:00 | “Secuenciación de Alto Rendimiento (NGS): Tecnologías, Estrategias, Instrumentación, Servicios Locales y en el Exterior, Estrategias de Preparación de Bibliotecas y Overview de Aplicaciones”

Marina Pombo

10:00 - 10:30 | “Control de Calidad y Pre-procesado de un Experimento de NGS”

Marcela Dotto.

10:30 - 11:30 | “RNA-seq para el Análisis de la Expresión Diferencial de Genes (mARN) en Plantas Modelo”

Hernan Rosli.

11:30 - 12:00 | CAFÉ (en el Salón Norte)

12:00 – 13:00 | “Determinación del Transcriptoma de Plantas de Interés Agronómico por RNA-seq”

Máximo Rivarola

13:00 - 14:00 | ALMUERZO (En el Salón Norte, provisto por el Workshop)

14:00 - 15:00 | “Análisis Genómico de la Expresión de sARNs en Plantas”

Marcela Dotto

15:00 - 15:30 | “Aprovechamiento de Bases de Datos Públicas de Genómica Funcional de Plantas”

Ramiro Rodriguez

15:30 - 16:00 | CAFÉ (en el Salón Norte)

16:00 - 16:30 | “Análisis Genómico del rol de los Factores de Transcripción TCP en el Control del Desarrollo de Plantas”

Carla Schommer

16:30 - 17:30 | “Determinación a Nivel Genómico de los Sitios de Unión de Proteínas al ADN (ChIP-Seq)”

Julieta Mateos

Grupo 2: Salón Norte

10:00 - 10:30 | Acreditaciones y Bienvenida

10:30 - 11:30 | “Secuenciación de Alto Rendimiento (NGS): Tecnologías, Estrategias, Instrumentación, Servicios Locales y en el Exterior, Estrategias de Preparación de Bibliotecas y Overview de Aplicaciones”

Marina Pombo

11:30 - 12:00 | CAFÉ (en el Salón Norte)

12:00 - 12:30 | “Control de Calidad y Pre-procesado de un Experimento de NGS”

Marcela Dotto.

12:30 - 13:00 | “Aprovechamiento de Bases de Datos Públicas de Genómica Funcional de Plantas”

Ramiro Rodriguez

13:00 - 14:00 | ALMUERZO (En el Salón Norte, provisto por el Workshop)

14:00 - 15:00 | “RNA-seq para el Análisis de la Expresión Diferencial de Genes (mARN) en Plantas Modelo”

Hernan Rosli.

15:00 - 15:30 | “Análisis Genómico del rol de los Factores de Transcripción TCP en el Control del Desarrollo de Plantas”

Carla Schommer

15:30 - 16:00 | CAFÉ (en el Salón Norte)

16:00 – 17:00 | “Determinación del Transcriptoma de Plantas de Interés Agronómico por RNA-seq”

Máximo Rivarola

17:00 - 18:00 | “Análisis Genómico de la Expresión de sARNs en Plantas”

Marcela Dotto

18:00 - 19:00 | “Determinación a Nivel Genómico de los Sitios de Unión de Proteínas al ADN (ChIP-Seq)”

Julieta Mateos