Grupo de Bioinformática

Oficina 16 - Instituto de Cálculo

Quiénes somos

Grupo de **Genómica Bacteriana**

Darío Fernández Do Porto (Investigador adjunto Conicet)

- Ezequiel Sosa (becario doc)
- Agustín Pardo (becario doc)
- Federico Serral (tesista lic)
- Eliana Ferola (pasante)

Grupo de **Genómica**

Adrián Turjanski y Marcelo Martí (Investigadores Conicet)

- Jonathan Zaiat (Conicet)
- Ezequiel Sosa (Conicet)
- Sebastián Vishnopolska (becario doc)
- Lucas Miranda (becario doc)
- María Bernardi (tesista lic)
- Juan Manuel Prieto (tesista lic)
- Franco Brunelli (tesista lic)

Qué hacemos

Dos problemas diferentes. Obtención de la secuencia genómica o búsqueda de variantes con respecto a un genoma de referencia. y llamado de variantes.



ADN mb a gb

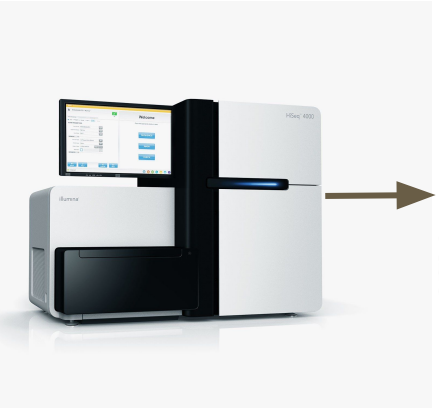


Secuenciación

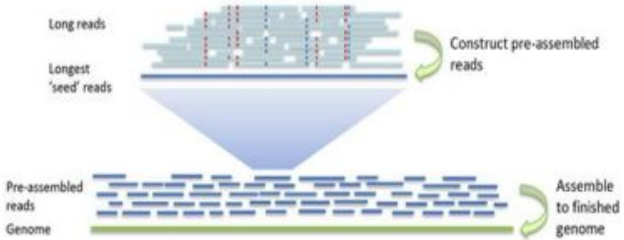
AATTCGTAGC.... ~150 bases

Qué hacemos

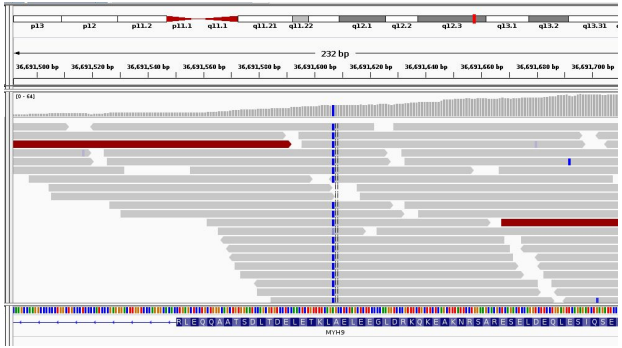
Dos problemas diferentes. Obtención de la secuencia genómica o búsqueda de variantes con respecto a un genoma de referencia.



Secuenciación

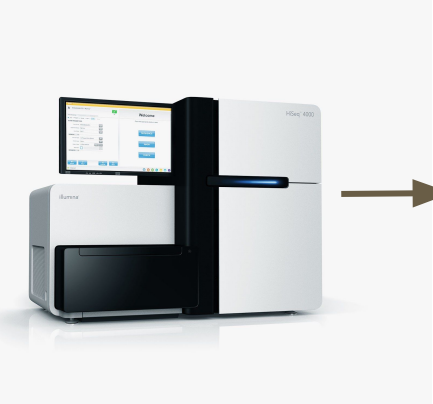


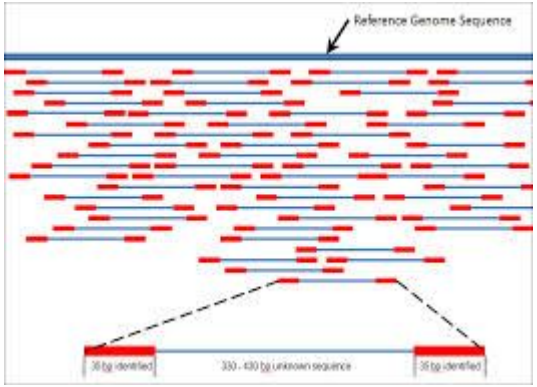
Reconstruir la secuencia genómica completa a partir de las lecturas

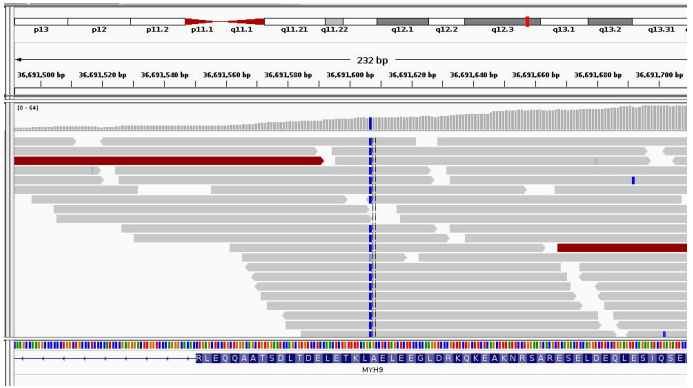


Buscar diferencias entre mi genoma y un genoma de referencia

Qué hacemos







Secuenciación

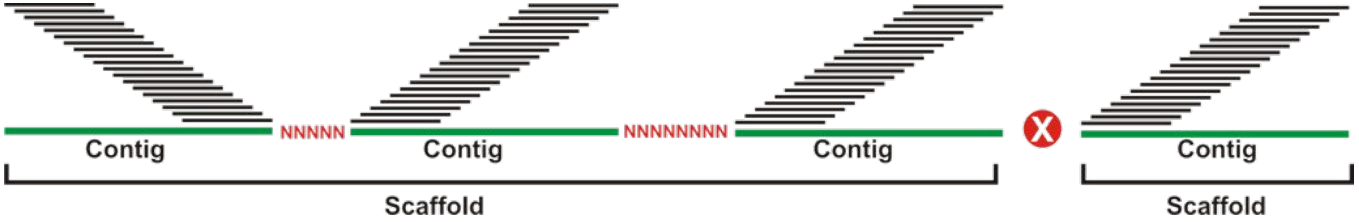
Mapeo y alineamiento

Llamado de variantes



Qué hacemos

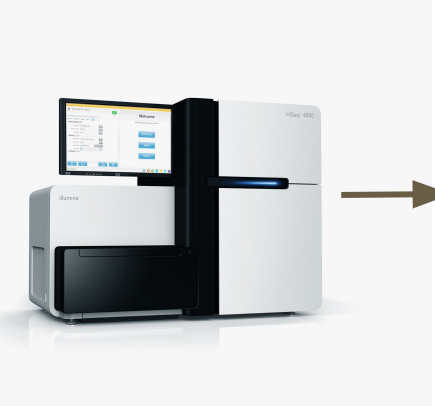


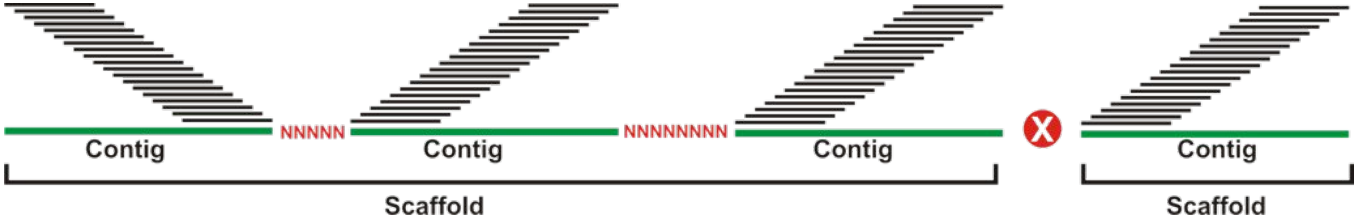


Secuenciación

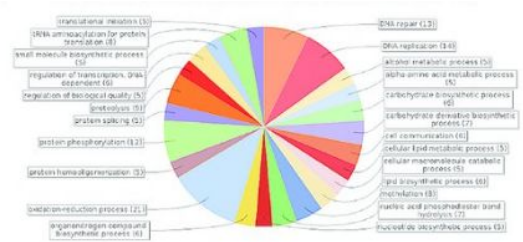
Ensamblado de genomas no secuenciados previamente

Qué hacemos





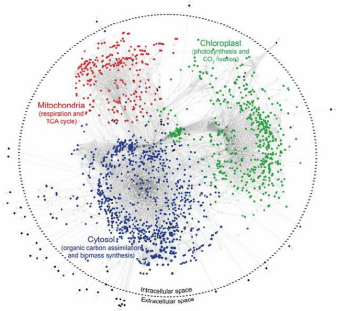
Ensamblado de genomas no secuenciados previamente



Anotación funcional

TARGET PATHOGEN

priorización de targets para drogas



reconstrucción de redes metabólicas

Aplicaciones - Grupo de Genómica Bacteriana

- Análisis de resistencia a antibióticos: tuberculosis, staphylococcus
- Selección y priorización de blancos moleculares en patógenos:
- Reconstrucciones metabólicas a escala genómica
- Transcriptómica bacteriana

Aplicaciones - Grupo de Genómica

- Diagnóstico genómico de pacientes con enfermedades poco frecuentes
- Determinación de ancestría en humanos
- Ensamblado de genomas nuevos: lenguado, yerba mate, Puccinia sorghi (hongo del maíz), Halorubrum (arquea extremófila)
- Caracterización de cuasiespecies virales: HIV, RSV, Epstein-Barr
- Clasificación de variedades vegetales: yerba mate, soja, caña de azúcar

Cursos y desarrollos propios

- Target Pathogen http://target.sbg.qb.fcen.uba.ar
- Genome browser Sistema Nacional de Datos Genómicos http://sndg.qb.fcen.uba.ar/
- Plataforma de interpretación clínica https://apps.bitgenia.com/
- Cursos CELFI-Datos:
  - Escuela de Genómica Bacteriana
  - Escuela de Genómica Clínica
  - Escuela de redes biológicas



Muchas gracias

Grupo de Bioinformática - IC oficina 16