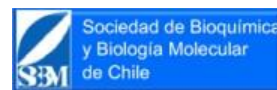


THE 1st
INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIOINFORMATICS
SOIBIO 2010

PROGRAM



Evaluación experimental de una micromatriz de alta densidad para el girasol.

Di Rienzo, J.A.¹, Fernández, P.², Moschen, S.^{2,4}, Príncipi, D.³, Conesa, A.⁵, García, F.⁵, Blesa, D.⁵, Dosio G.⁴, Aguirrezabal L.⁴, Dopazo, J.⁵, Heinz, R.A.² y Paniego, N.²

¹ *Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba*

² *Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar, Buenos Aires.*

³ *Facultad de Ingeniería, Universidad de Buenos Aires*

⁴ *Unidad Integrada FCA – INTA Balcarce*

⁵ *Centro de Investigación Príncipe Felipe, Valencia, España*

dirienzo@unc.edu.ar

El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño de una micromatriz de alta densidad (chip) para girasol cultivado (*Helianthus annuus*), de aproximadamente 42K unigenes. Esta micromatriz fue desarrollada recientemente para su utilización en estudios de expresión génica asociados a la respuesta a estreses bióticos y abióticos que tienen lugar en el marco de una red de laboratorios del ámbito público y privado en Argentina [1][2]. La micromatriz incluye asimismo controles negativos y 80 genes previamente caracterizados para respuesta a estreses como controles positivos [3]. En este trabajo se analizaron estadísticamente los resultados de un ensayo experimental para la validación de la micromatriz. Este consistió en la comparación de la expresión génica bajo dos condiciones experimentales: control no estresado (CT) vs estrés hídrico (EH). Se evaluó la consistencia del chip en reconocer tanto las diferencias de expresión entre los tratamientos, como la similitud entre las réplicas biológicas dentro de tratamientos. Se consideraron las correlaciones entre chips para el foreground y el background, los coeficientes de variación dentro de chips para foreground y background y la habilidad para detectar los controles positivos y negativos. El análisis preliminar sugiere una adecuada funcionalidad del chip.

Referencias

1. Fernandez P, Blesa D, Príncipi D, Fusari C, Soria M, Reynares C, Angelone L, Delfino S, Conesa A, Tapia E, et al: **Sunflower Functional Genome Database, a curated unigene database to support functional diversity studies in sunflower.** In *LA-ISCB 2010; 13-16 de marzo; Montevideo, Uruguay.* 2010
2. Fernandez P: **Análisis genómico de girasol: Desarrollo de colecciones de ESTs y de una plataforma bioinformática para estudios de expresión de genes** candidatos en respuestas a estreses abióticos. UBA, FCEyN; 2007.
3. Fernandez P, Di Rienzo J, Fernandez L, Hopp HE, Paniego N, Heinz RA. Transcriptomic identification of candidate genes involved in sunflower responses to chilling and salt stresses based on