

ALAG 2019: La arquitectura del genoma: su expresión en los fenotipos y las poblaciones. Mendoza (Argentina) 6 al 9 de octubre de 2019

Simposio "ANÁLISIS DE BASES DE DATOS DE ALTA DIMENSIONALIDAD EN EL ESTUDIO DEL GENOMA Y SU EXPRESIÓN"

COORDINADOR

Guillermo R. Pratta

IICAR, CONICET-UNR, Zavalla, Argentina.

**Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias UNR
Zavalla, Argentina.**

Email: gpratta@unr.edu.ar

El volumen de los datos generados en la actualidad (entendiéndose como dato a un aspecto determinado en el mundo real) está creciendo a tasas elevadas por lo que la generación de grandes bases de datos y metodologías para su análisis es un área de vacancia con alto impacto en diferentes ramas del conocimiento, entre ellas la Genética.

No sólo las aproximaciones Ómicas en el estudio de moléculas tales como genes, transcritos, proteínas y metabolitos producen un alto número de datos, sino que también el estudio de niveles de organización más complejos, entre ellos: organismo, población, comunidad y ecosistema, aplica técnicas, equipamientos y métodos de estudio que permiten generar una alta cantidad de información.

En este contexto, a la secuenciación masiva de ácidos nucleicos, la determinación de la composición aminoacídica de los polipéptidos, la evaluación de variaciones en los perfiles de lípidos, glúcidos, pigmentos, vitaminas en diferentes procesos biológicos, se suman los estudios fenómicos e interactómicos, la teledetección, la digitalización de imágenes, la disponibilidad de registros y censos de larga data, confluyendo a incrementar el número de datos disponibles.

La organización, sistematización, informatización y el análisis de estas bases grandes de datos, generan desafíos epistemológicos, computacionales y tecnológicos que serán abordados en este Simposio, con especial atención a sus implicancias en los estudios genéticos.