Encuesta Exploratoria Sistema Nacional de Datos Genómicos (SNDG)

Presentación de Resultados

Secretaría de Articulación Científico Tecnológica

Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva
Presidencia de la Nación

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Ficha Técnica

Universo

Grupos que trabajen en proyectos de investigación implicados con el análisis, producción o utilización de datos genómicos.

Objetivo

Recabar información que permita definir políticas científicas con el objeto de brindar apoyo económico y logístico a los grupos y/o instituciones del sector.

Metodología

Se difundió vía correo electrónico, y a través de las listas de distribución de los Sistemas Nacionales, un cuestionario online: https://sndg.typeform.com/to/nimT6X

Muestra

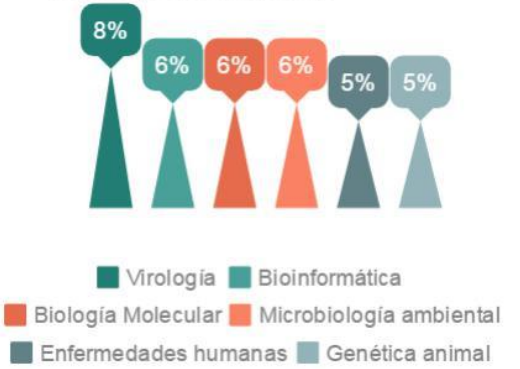
Fueron encuestados aleatoriamente 108 grupos de investigación, pertenencientes a 72 Instituciones* de la República Argentina.

Fecha

Realizada del 15 de Febrero al 15 de Marzo de 2016.

Perfil de los Grupos de Investigación

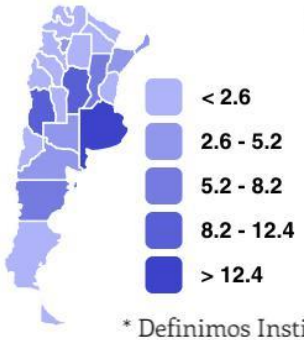
- Cantidad de investigadores promedio por grupo **4,4**
- Principales áreas de trabajo/ Temas de investigación



- Grupos que desarrollan alguna aplicación o software de análisis de datos genómicos

Perfil de las Instituciones* donde se analizan, producen o utilizan los datos genómicos

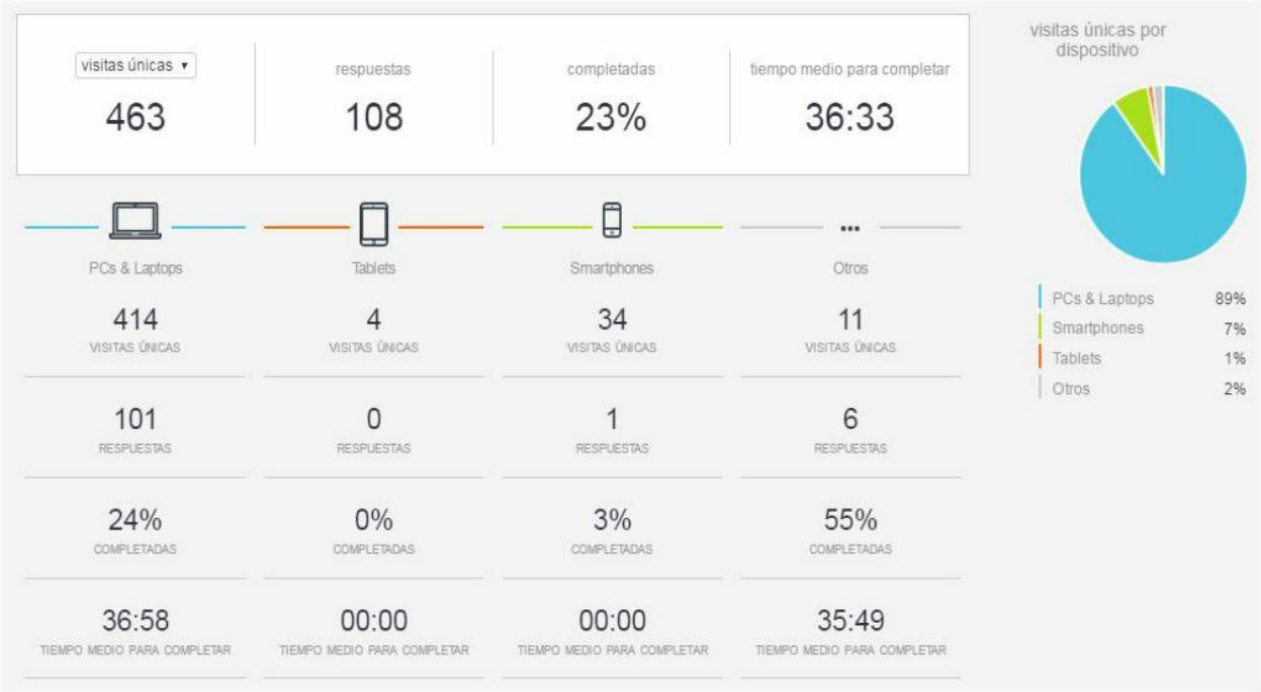
- Distribución geográfica de las Instituciones



- Cantidad de laboratorios por Institución **5.1**

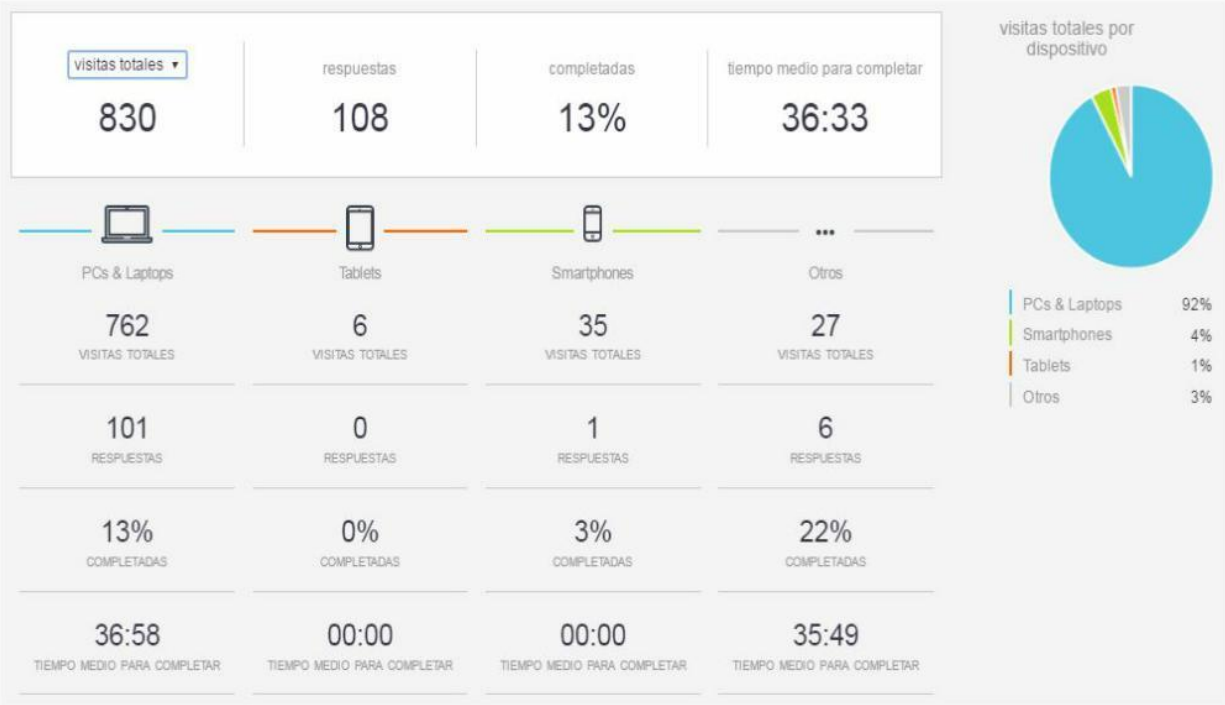
* Definimos Instituciones en cuanto a lo que consideramos como unidades mínimas de adhesión a los Sistemas Nacionales.

Métricas de la Encuesta Online



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Métricas de la Encuesta Online



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Instituciones donde se analizan, producen o utilizan los datos genómicos de cada grupo de Investigación

Institución	Grupos de Investigación encuestados
BDMG	1
BIA	1
BIOMED	2
CADIC	1
CEBBAD	1
CECOAL	1
CENAGEM	1
CEPROCOR	1
CERELA	1
CERZOS	1
CESIMAR	2
CIAP	1
CICVYA	18
CIGEOBIO	1
CINDEFI	2
CIT	2
CREG	1
EEA BARILOCHE	1

Institución	Grupos de Investigación encuestados
FACULTAD DE VETERINARIA	1
FCEN UBA	3
FCEQYN UNAM	3
FCM UNCUYO	1
FCNYM UNLP	1
FHUC UNL	1
FI UNER	1
FUNDACION INSTITUTO	2
Facultad Odontología	1
Facultad de Agronomía	1
Facultad de Agronomía	1
Facultad de Medicina	1
HOSPITAL DE NIÑOS	1
HOSPITAL GARRAHAN	2
HOSPITAL RAMOS MEJIA	1
IADIZA	3
IAL	2
IANIGLA	1

Institución	Grupos de Investigación encuestados
IBAM	2
IBBEA	1
IBIOBA	1
IBR	2
IBS	1
IDC UNPSJB	1
IDEALIS	1
IDIM	1
IEGEBA	4
IFEVA	1
IFIBYNE	1
IHEM	2
IIBA	2
IIBYT	1
IMBECU	1
IMBICE	2
IMBIV	3
IMEX	1

Institución	Grupos de Investigación encuestados
INBIOSUR	1
INCIPAT	1
INDEAR	3
INEI	5
INIBIOLP	1
INIGEM	1
INIMEC	1
IPEEC	1
IQUIBICEN	1
IQUIBIF	1
ITANOA	1
MACN	2
PROIM	2
INTA	2
EEA ANGUIL INTA	1
EEA MENDOZA	1

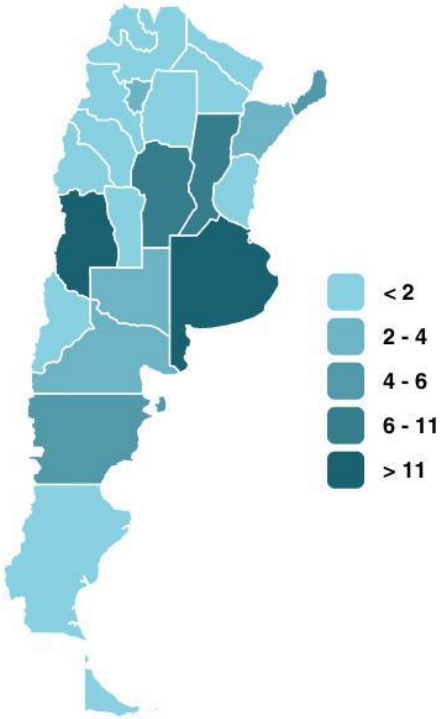
108 Grupos de Investigación
72 Instituciones

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Distribución geográfica por Grupos de Investigación y por Instituciones donde trabajan con los datos genómicos

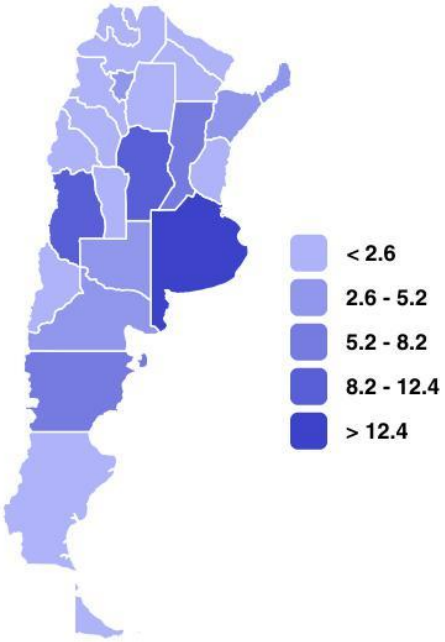
Distribución geográfica de los Grupos que respondieron la encuesta según Institución

Base: 108, Total grupos de investigación encuestados.



Distribución geográfica de las Instituciones donde se analizan, producen o utilizan los datos genómicos

Base: 72, Instituciones donde donde se analizan, producen o utilizan los datos genómicos

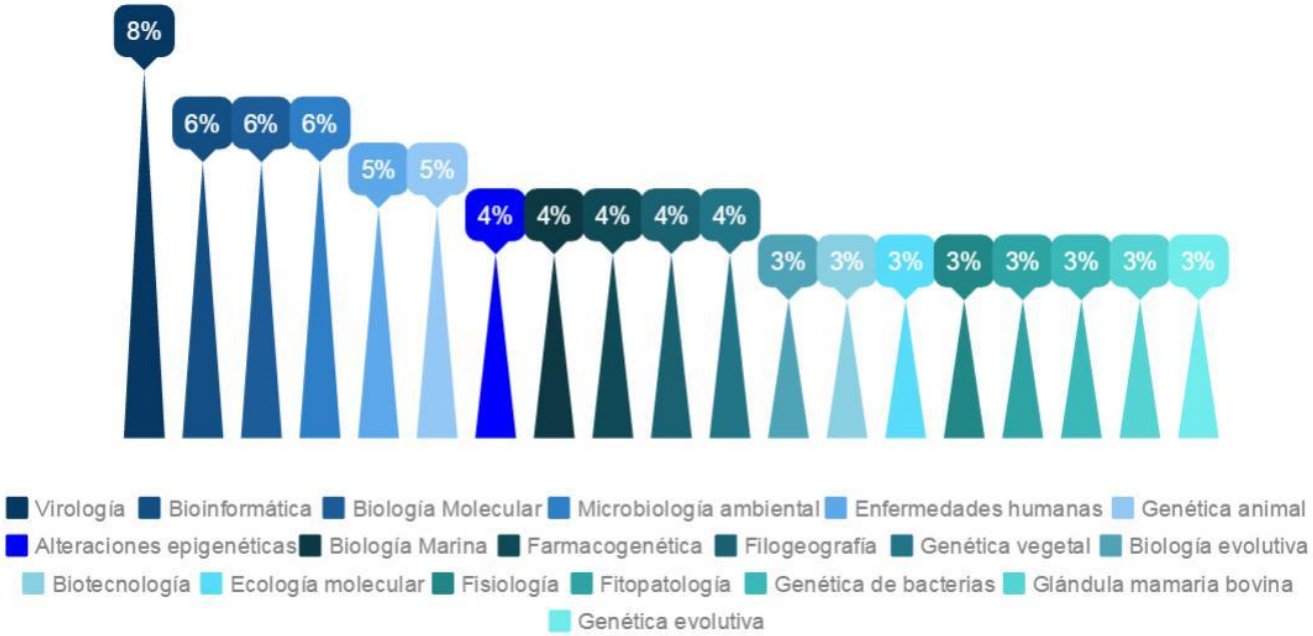


Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Áreas de trabajo o temas de investigación de los grupos implicados con los datos genómicos

Áreas de Trabajo o Temas de Investigación

Base: 108, Total grupos de investigación encuestados.



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Grupos de investigación que han realizado experimentos de secuenciación en los últimos 10 años o planean realizarlos

¿Ha realizado Ud. en su grupo de investigación (o en colaboración) experimentos de secuenciación en los últimos 10 años?

Base: 108, Total grupos de investigación encuestados.

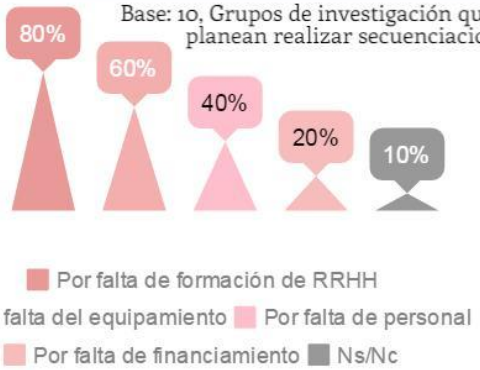
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

¿Planea Ud. en su grupo de investigación (o en colaboración) realizar experimentos de secuenciación en los próximos 3 años?

Base: 108, Total grupos de investigación encuestados.

Motivos por los que no planea realizarlos

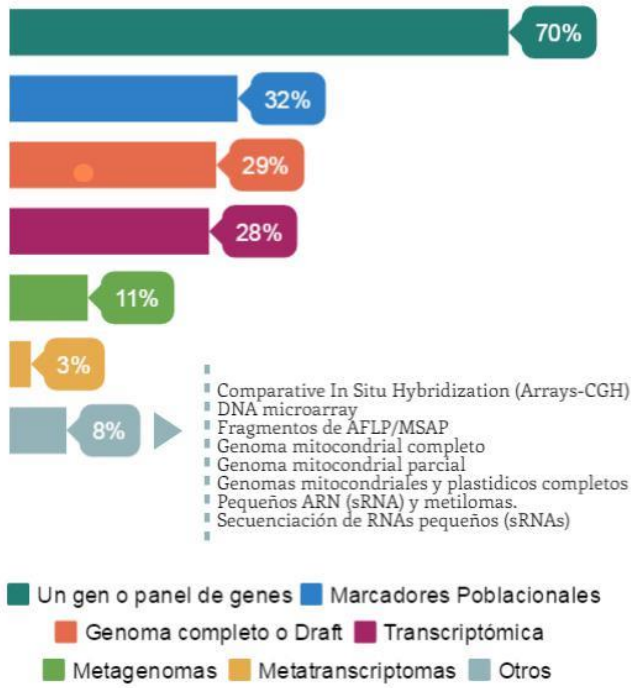
Base: 10, Grupos de investigación que no planean realizar secuenciaciones.



Experimentos de secuenciación realizados en los últimos 10 años

¿Qué fue lo que secuenció?

Base: 99, Grupos de investigación que realizaron secuenciaciones.



¿Posee las secuencias resultantes?

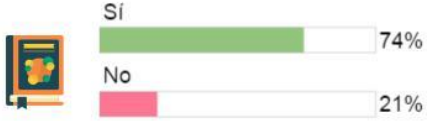
Base: 99, Grupos de investigación que realizaron secuenciaciones.

¿El resultado y/o las secuencias han sido depositados en bases de datos internacionales?

Base: 99, Grupos de investigación que realizaron secuenciaciones.

¿El resultado y/o las secuencias han sido publicados?

Base: 99, Grupos de investigación que realizaron secuenciaciones.



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Un gen o panel de genes · Análisis por tipo

¿Qué se secuenció?

Base: 88 respuestas.

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Un gen o panel de genes · Selección de respuestas textuales

¿Qué se secuenció?

Base: 88 respuestas.

Humanos 16%

- Exomas humanos
- Gen de retinoblastoma
- FMR1-DNA, Parcial
- Región ITS del espaciador transcripto interno
- FMR2-DNA, PARCIAL
- SRB1 (DNA, parcial)
- NOBOX (DNA, parcial)
- ZYC3 (DNA, Parcial)
- GATA4 (DNA, parcial)

Insectos %8

- Genes de moscas de la fruta
- Genes del delfácido Delphacodes kuscheli para utilizar como referencia en experimentos de qPCR
- Methoprene tolerant protein [Rhodnius prolixus]
- Allatotropin receptor [Rhodnius prolixus]
- Allatostatin C receptor [Rhodnius prolixus]
- Especies del complejo Helicoverpa/Heliothis (Lepidoptera)

Bacterias 10%

- Genes de identificación molecular de hongos y bacterias
- Genes del 16S rARN para identificación de miembros de comunidades bacterianas.
- Genomas de Bacterias Lácticas de interés tecnológicos
- Secuenciación parcial de genes ribosomales bacterianos (16S)
- Bacterias endosimbiontes de áfidos y termitas
- Genomas bacterianos parciales

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

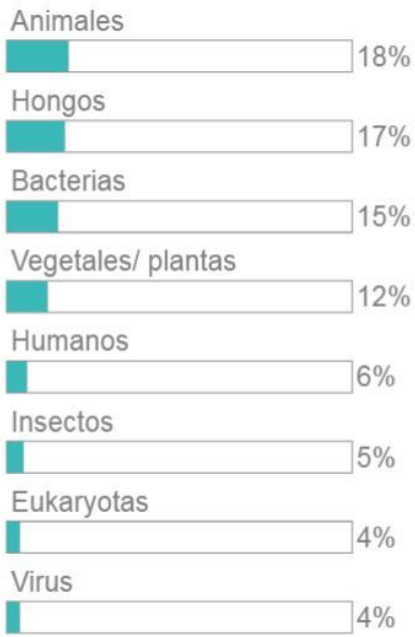
Especies secuenciadas

Un gen o panel de genes · Análisis por tipo de especie

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies que son fuente de los datos

Base: 93 respuestas.



Especies secuenciadas

Un gen o panel de genes · Selección de respuestas múltiples

Especies que son fuente de los datos

Base: 93 respuestas.

Un gen o panel de genes

Animales 18%

- Códigos de barras genéticos de las aves de Argentina.
- Bovinos.
- Cebus cay.
- Especies de roedores.
- Genes parciales mitocondrial (Reg. Control, COI, Cytb) nuclear (IRBP), microsatelites de distintas especies de roedores caviomorfos y sigmodontinos.
- Heleobia hatcheri, H. parchappii, H. kuesteri, H. piscium, H. occidentalis, H. spp.
- Muestras de la glándula digestiva de un caracol de agua dulce (Pomacea canaliculata).
- Ovinos.
- Plumas de mar antártico.
- Pomacea canaliculata.
- Secuenciación parcial de genomas: Caiman latirostris y Salvator merianae.
- Células epiteliales intestinales porcinas (células PIE)
- Potamolithus agapetus, P. buschii
- Lymnaea spp, Physa spp, Biomphalaria spp, - Chilina spp
- Helicoverpa gelotopoeon, H. zea y H. armigera (Lepidoptera)

Hongos 17%

- Basidiomicetes y ascomicetes
- División Ascomycota
- Sclerotinia sclerotiorum (GenBank JF277567)
- División Basidiomycota
- Saccharomyces cerevisiae
- Fusarium Solani

Bacterias 15%

- Bacillus amyloliquefaciens
- Bacterias lacticas: Lactobacillus
- Clostridium spp
- Leptospira spp.
- Salmonella spp.
- Bacterias endosimbiontes de diversas especies sudamericanas del género Aphis y de Metopolophium dirhodum (Aphididae)
- Bacterias celulolíticas del intestino de Nasutitermes aquilinus, N. corniger y Cortaritermes fulviceps (Termitidae)
- Vibrio cholerae
- Listeria spp.
- Paenibacillus
- Shigella sonnei
- Cohnellia
- Azospirillium

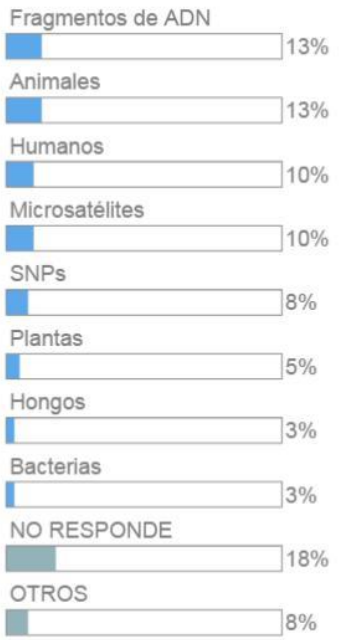
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

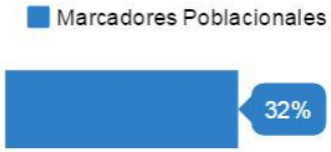
Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Marcadores Poblacionales · Análisis por tipo de secuenciación

¿Qué se secuenció?

Base: 40 respuestas.





Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Marcadores Poblacionales · Selección de respuestas textuales

¿Qué se secuenció?

Base: 88 respuestas.

Fragmentos de ADN 13%

- Secuenciación de genes ribosomales 16S.
- Secuencias mitocondriales: Citocromo b, Región control, COI, NADH
- Segmento parcial del gen COI I
- Fragmentos de ADN mitocondrial
- Secuenciación del gen citocromo b, COI, 12s y 16s en diferentes especies.

Humanos 10%

- Diversos marcadores mitocondriales y nucleares, tanto somaticos como ligados al sexo genes HLA
- Loci anónimos (ADN nuclear)

Microsatélites 10%

- Microsatélite DS01
- Marcadores microsatélites de árboles

Animales 13%

- Desarrollo y Caracterización de marcadores STR de la especie Llama: LAB1, LAB2, LAB6, LAB7, LAB13, LAB14, LAB15, LAB16, LAB17
- Desarrollo y Caracterización de marcadores STR de la especie Guanaco: GLM2, GLM4, GLM5, GLM6, GLM11
- Análisis de la Región Control mitocondrial de Camélidos sudamericanos
- Análisis de la Región Control mitocondrial de Graomys griseoflavus
- Marcadores mitocondriales y nucleares de aves y mamíferos
- Secuenciación de marcadores SNPs de especies y complejos de especies (varias poblaciones) de lagartijas de Argentina.
- Secuenciación del gen citocromo b, COI, 12s y 16s en diferentes especies.

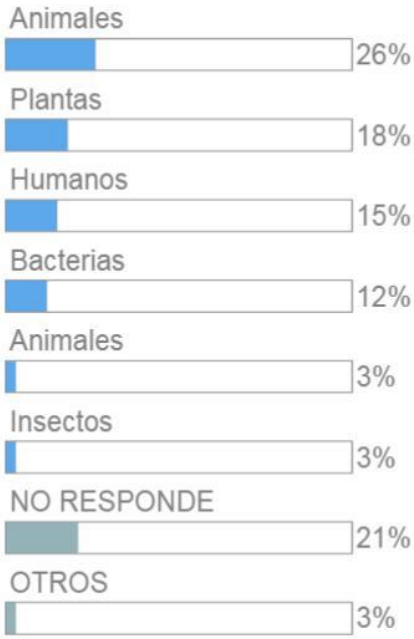
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

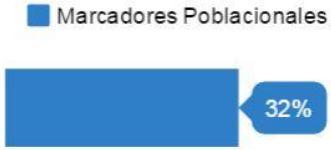
Especies secuenciadas

Marcadores Poblacionales · Análisis por tipo de especie

Especies que son fuente de los datos

Base: 34 respuestas.





Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies secuenciadas

Marcadores Poblacionales · Selección de respuestas textuales

Especies que son fuente de los datos

Base: 34 respuestas.

Animales 26%

- Códigos de barras genéticos de los lepidópteros de Argentina.
- Alouatta caraya
- Anuros
- Aves y mamíferos
- Mamíferos nativos en riesgo de extinción: aguará guazú, ctenomys, venado de las pampas, gato montés, yaguareté, mono aullador, taruka
- Platalea ajaja, Mycteria americana, Ardea alba, Bubulcus ibis, Penelope spp., Pipile jacutinga, Crax fasciolata, Jabiru mycteria, Plegadis chihi
- Secuenciación del gen citocromo b, COI, 12s y 16s: Caiman latirostris, Leptodactylus latrans y L. chaquensis, Limnoperna fortunei.
- Petrichus spp (Araneae, Philodromidae), Tympanoctomys barrerae (Rodentia, Octodontidae), Pomacea canaliculata (Mollusca, Ampullariidae), diferentes especies de coleópteros de la familia Scarabaeidae.
- Animales domésticos: vacas y caballos

Plantas 18%

- Eucaliptus
- Calceolaria polyrhiza
- Mericlones de Ajo y especies silvestres de papa - (Solanum microdontum y S. kurtzianum)
- Nothofagus obliqua
- Solanum lycopersicum transgenicas
- Anartrhophyllum desideratum

Humanos 15%

- Homo sapiens
- Humanos

Bacterias 12%

- Rhizobium
- Wolbachia sp
- Bacillus safensis
- Mycobacterium tuberculosis (varias cepas)

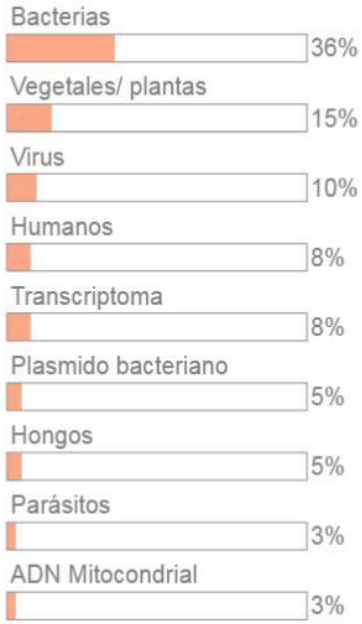
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Genoma completo o Draft · Análisis por tipo de secuenciación

¿Qué se secuenció?

Base: 39 respuestas.



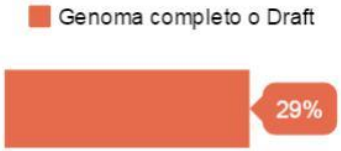
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Genoma completo o Draft · Selección de respuestas textuales

¿Qué se secuenció?

Base: 39 respuestas.



Bacterias 36%

- El genoma completo de Brevibacterium sp. AE038-8, bacteria resistente a compuestos de arsénico.
- Genoma completo de la arquea Acidianus copahuensis y el de una nueva especie de bacteria del género Desulfotomaculum.
- Genomas bacterianos Draft.
- Genomas Bacterianos de cepas PGPR
- Genomas bacterianos y transcriptoma de células bovinas.
- Genomas de bacterias lácticas inmunomoduladoras.
- Secuenciamos fragmentos del gen 16S y 18S para analizar biodiversidad de bacterias y picoeucariotas en sistemas acuáticos.

Vegetales/ plantas 15%

- El Genoma del Tomate cultivado: Solanum Lycopersicum genoma cloroplastidico.
- Genoma completo de Solanum Tuberosum
- Genoma de 2 especies vegetales, transcriptoma de plantas transgénicas, pequeños ARNs y metilomas de híbridos experimentales de plantas.

Virus 10%

- Genoma enterovirus, poliviorus, rabia.
- Genomas de bacteriofagos.

Humanos 8%

- Secuenciación de genes humanos.
- Marcadores poblacionales, metilación génica.

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies secuenciadas

Genoma completo o Draft · Análisis por tipo de especie

Especies que son fuente de los datos

Base: 40 respuestas.

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies secuenciadas

Genoma completo o Draft · Selección de respuestas textuales

Especies que son fuente de los datos

Base: 40 respuestas.

Bacterias 33%

- Adenovirus, Dengue, St. Louis Encefalitis, Sincicial
- Respiratorio, Influenza, Parainfluenza, Sarampion, Rubeola, Humano
- Bacillus subtilis
- Bacterias, picoeucariotas y nanoeucariotas (algas, flagelados heterotróficos y ciliados)
- Brucella ovis
- E. coli
* Genes, cepas, consorcios y poblaciones bacterianas de suelo degradadoras de PAH
- Genoma de cepas de Mycobacterium tuberculosis
- Genomas bacteriofagos y profagos
- Genomas completos de Acidianus copahuensis y Desulfotomaculum sp.
- Genomas de bacterias con mecanismos de resistencia a los antimicrobianos
- Geobacillus sp., Thermus sp., Bacillus thuringiensis

Humanos 13%

- Homo Sapiens
- Humanos
- Genes metabolicos varios

Vegetales/ Plantas 13%

- Ilex
- Nothofagus nervosa, Austrocedrus chilensis
- Sachicereus pringlei
- Solanum lycoperiscum y Solanum pennellii

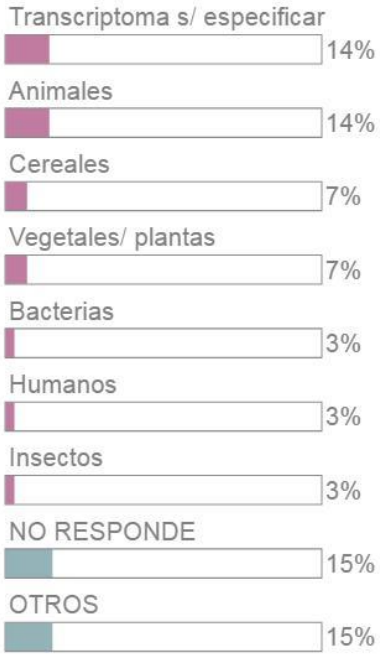
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

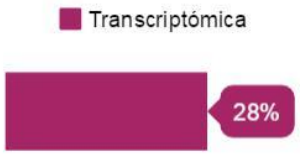
Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Transcriptómica · Análisis por tipo de secuenciación

¿Qué se secuenció?

Base: 29 respuestas.





Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Secuenciaciones realizadas en los últimos 10 años

Transcriptómica · Selección de respuestas textuales

¿Qué se secuenció?

Base: 29 respuestas.

Animales 14%

- Transcriptoma de células bovinas.
- RNA mensajero de FGF-8 completo de Rhinella arenarum y RNA mensajero de Beta catenina parcial de Rhinella erenarum.
- Secuenciación de transcriptomas de especies de lagartijas de Argentina.
- Secuencias parciales en Animales

Cereales 14%

- Transcriptoma trigo
- Transcriptomica de trigo infectado con el virus del Mal de Río Cuarto

Vegetales/ plantas 7%

- Genoma y Transcriptoma vegetal, secuencias parciales en Animales
- Transcriptoma de planta Arabidopsis

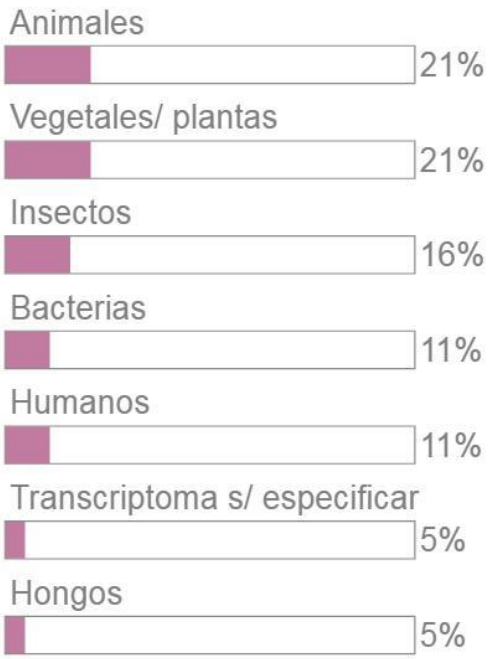
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies secuenciadas

Transcriptómica · Análisis por tipo de especie

Especies que son fuentes de los datos

Base: 19 respuestas.



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies secuenciadas

Transcriptómica · Selección de respuestas textuales

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Especies que son fuentes de los datos

Base: 19 respuestas.

Animales 21%

- Pre-adipocitos y adipocitos porcinos (celulas PIP)
- Rhinella arenarum
- Secuencias de un/dos marcador/es mitocondrial/es de poblaciones representativas de todo el rango de distribución de la gran mayoría de los complejos de especies. Secuenciación de marcadores SNP del complejo.
- Liolaemus kingii y de Homonota darwinii.
- Transcriptoma de células inmune bovinas.

Insectos 16%

- C. capitata
- Códigos de barras genéticos de la entomofauna Argentina.
- Triatoma infestans

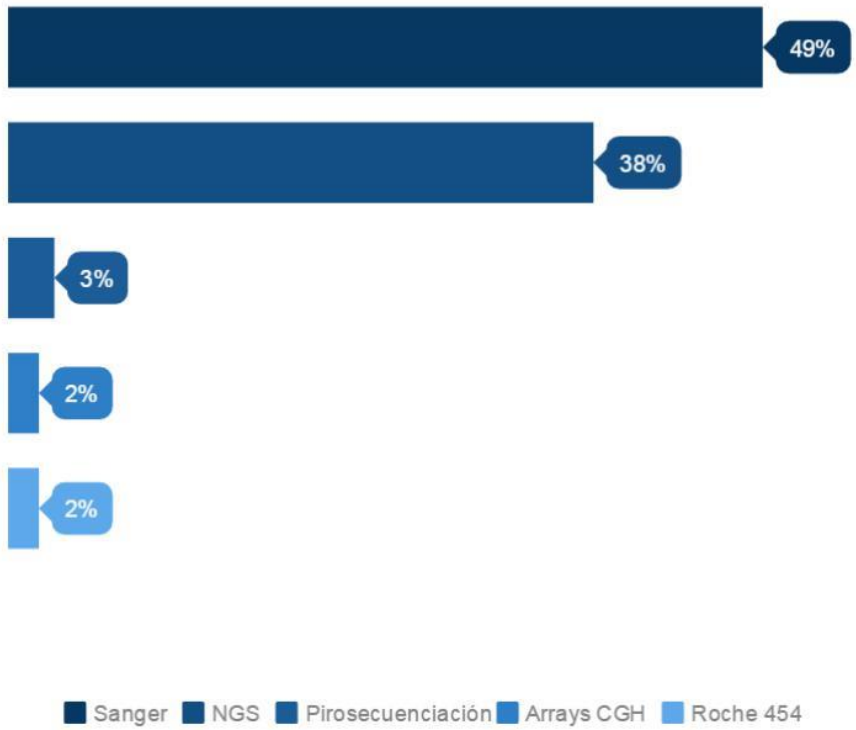
Vegetales/ plantas 21%

- Arabidopsis
- Citrus paradisi
- Hojas y raices de Lotus tenuis sometidas a estres alcalino vs control.
- Soja

Tecnología utilizada en las secuenciaciones realizadas

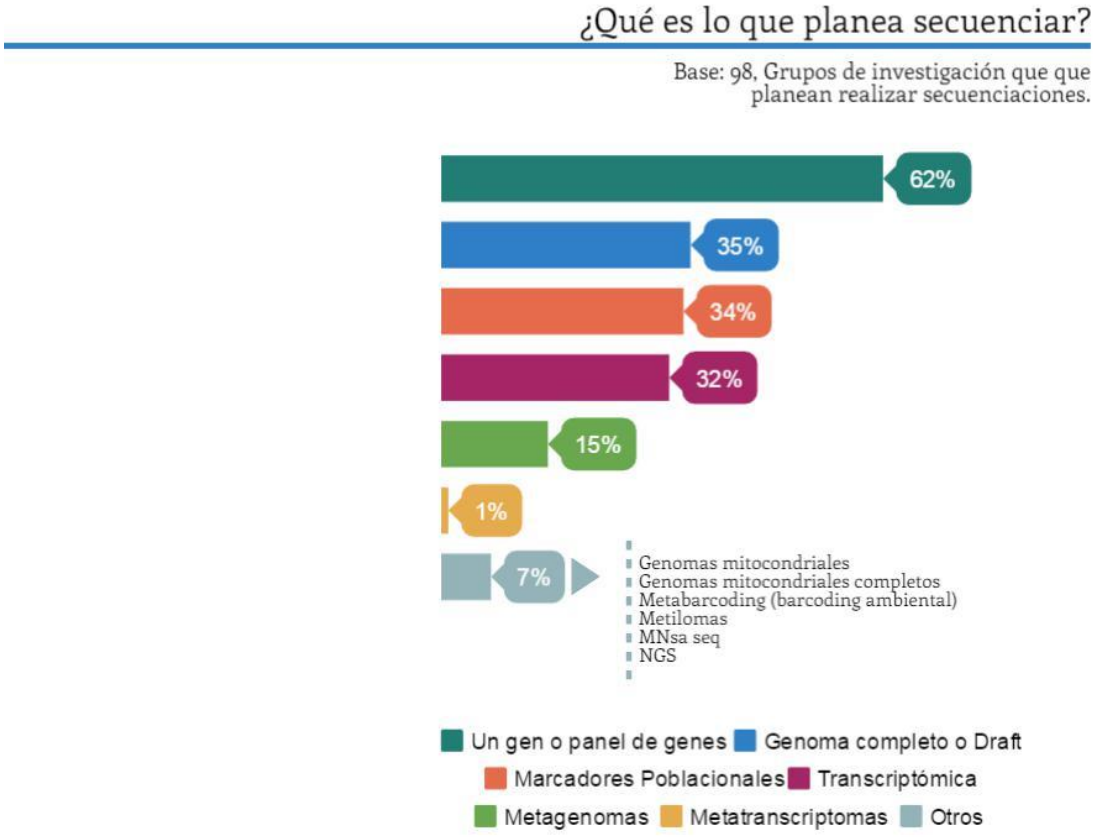
¿Con qué tecnología ha realizado las secuenciaciones?

Base: 121 respuestas.



Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Experimentos de secuenciación a realizar en los próximos 3 años



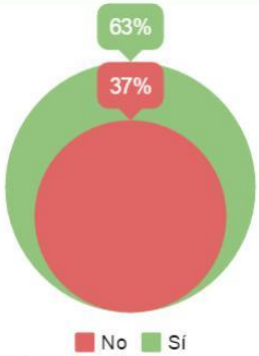
Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

Conocimiento y participación en los Sistemas Nacionales de Grandes Instrumentos y Bases de Datos

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

¿Conoce los Sistemas Nacionales de Grandes Instrumentos y Bases de Datos?

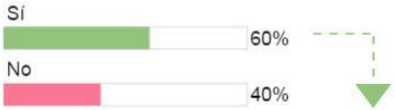
Base: 108, Total grupos de investigación encuestados.



Sistemas Nacionales
Grandes Instrumentos y Bases de Datos

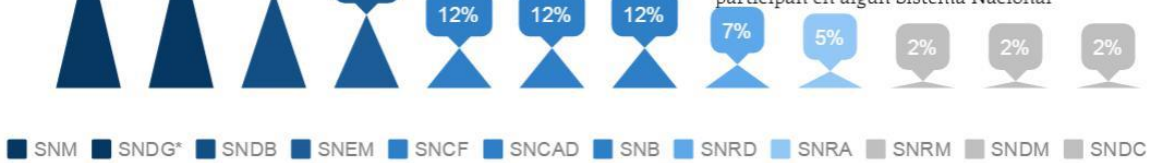
¿Participa en alguno?

Base: 68, grupos de investigación encuestados que conocen los Sistemas Nacionales.



¿En cuáles?

Base: 41, grupos de investigación que participan en algún Sistema Nacional



*Con excepción de 1 caso, estas respuestas pertenecen a miembros del CA y/o de instituciones adheridas al SNDG y a miembros de aquellas que están en proceso de adherirse.

Sistemas Nacionales
Datos Genómicos

¡Muchas gracias!

Más información - Contacto

http://www.datosgenomicos.mincyt.gob.ar/

sndg@mincyt.gob.ar