



LUIZA BERNÁ ZANOTTA

Dra.

lberna@pasteur.edu.uy

Mataojo 2020, CP11400, Montevideo, Uruguay
+59825220910

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas
Categorización actual: Nivel I (Activo)

Fecha de publicación: 31/05/2018
Última actualización: 10/05/2018

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Institut Pasteur de Montevideo/ Institut Pasteur de Montevideo / Unidad de Biología Molecular / Uruguay

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas
Dirección: Mataojo 2020 / 11400 / Montevideo / Uruguay
Teléfono: (00598) 25220910 / 121
Correo electrónico/Sitio Web: lberna@pasteur.edu.uy

Formación

Formación académica

CONCLUIDA**DOCTORADO****(2007 - 2010)**

Open University, Inglaterra
Título de la disertación/tesis: Comparative analysis of deuterostome genome
Tutor/es: Giuseppe D'Onofrio
Obtención del título: 2010
Institución financiadora: Open University , Inglaterra
Palabras Clave: Genome deuterostome
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

GRADO**Licenciatura en Bioquímica (1999 - 2007)**

Universidad de la República - Facultad de Ciencias - UDeLaR, Uruguay
Título de la disertación/tesis: Comparative genomic and annotation of coding genes of VSG in African trypanosomes
Tutor/es: Fernando Álvarez-Valín
Obtención del título: 2007
Palabras Clave: bioinformática genoma trypanosomas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Formación complementaria

CONCLUIDA**POSDOCTORADOS****Genome level analysis of Next Generation Sequences of Saccharomyces cerevisiae strains (2011 - 2013)**

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Università degli Studi di Firenze , Italia
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

Bioinformatica

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Urugenomes - training in ew sequencing and mapping technologies (04/2018 - 04/2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Macrogen Korea , Corea del Sur

70 horas

Palabras Clave: PacBio Oxford Nanopore 10X Genomics Bionano Hi-C Iso-Seq

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Bioinformática

Wellcome Genome Campus Advanced Courses - Working with Parasite Database Resources (01/2016 - 01/2016)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Medicina - UDeLaR, Uruguay

35 horas

Palabras Clave: Parasite Database

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Computational biology: Genomes to systems (01/2014 - 01/2014)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / European Molecular Biology Organization , Chile

48 horas

Bioinformatics and Comparative Genome Analysis course (01/2009 - 01/2009)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institut Pasteur , Hong Kong

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica comparativa

Temporal aspects in genetic analysis (01/2008 - 01/2008)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Proust , Estonia

50 horas

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genetics

Exploring Modular Protein Architecture (01/2008 - 01/2008)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / European Molecular Biology Laboratory , Alemania

Palabras Clave: Protein Architecture

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

Bioinformatica

Statistics and Introduction to R-programming (01/2008 - 01/2008)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Open University , Italia

Palabras Clave: Estadística

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Estadística

Corso di Biologia Computazionale: Modelli, Dinamica ed Identificazione (01/2008 - 01/2008)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universita degli Studi di Napoli Federico Secondo , Italia

Segunda Escuela Argentina de Biomatemática (01/2007 - 01/2007)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Programa de Biomatemática , Argentina

80 horas

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Biomatemática

Introducción a la programación de aplicaciones bioinformáticas en Bash (01/2007 - 01/2007)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR ,
Uruguay
20 horas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Biomatemática

Genómica e Introducción a las herramientas de bioinformática (01/2005 - 01/2005)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR ,
Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Bioinformática

Genética Molecular y Biotecnología Vegetal (01/2005 - 01/2005)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR ,
Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genetics

Introducción a la Bioinformática (01/2004 - 01/2004)

Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay Dámaso Antonio Larrañaga
/ Universidad Católica del Uruguay , Uruguay

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

Sociedad Brasileira de Protozoologia (2017)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SBPz, Brasil
Palabras Clave: TRYPANOSOMA CRUZI LONG READS Assembly Annotation
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Bioinformática

REUNIÓN CONJUNTA DE SOCIEDADES DE BIOCIENCIAS (2017)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: Sociedad Argentina Protozoologia, Argentina
Palabras Clave: Trypanosoma cruzi ensamblaje familias multigénicas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Bioinformatics & Computational biology for innovative genomics (2016)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SolBio, México
Palabras Clave: Transcriptomic
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

ISCB Latin America 2016 (2016)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: ISCB, Argentina
Palabras Clave: Biología computacional

Modeling and Data Analysis for the Healthy Human Global Project (2015)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay
Palabras Clave: Research Camp
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

Joint Meeting AGI-SIBV-SIGA (2011)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: SIGA, Italia

Palabras Clave: Next-Generation Sequencing genomics genetics

7th Annual RECOMB Satellite on Systems Biology, (2011)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: IDIBELL institute, España

Palabras Clave: Systems Biology Regulatory Genomics

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Systems Biology

Molecular Evolution in the Genomic Era (2011)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: Roma Tre, Italia

Palabras Clave: Evolution

Bioinformatica e Biologia Computazionali in Campania (2007)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Istituto di Scienze dell'Alimentazione, Italia

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biomatemática

Políticas de Estado para el Desarrollo de la Biotecnología: la experiencia chilena (2006)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Fundación Zonamérica, Uruguay

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biotecnología

Promoviendo la innovación y el espíritu emprendedor en América Latina y el Caribe: Estrategias y Alianzas (2006)

Tipo: Taller

Institución organizadora: INGENIO, Uruguay

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biotecnología

Phred-Phrap-Consed / CAP3 / Blast (2006)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Universidad de la Republica, Uruguay

Perspectivas para el desarrollo de la bioinformática en Uruguay (2005)

Tipo: Taller

Institución organizadora: INGENIO, Uruguay

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Idiomas

Inglés

Entiende muy bien / Habla bien / Lee muy bien / Escribe muy bien

Italiano

Entiende muy bien / Habla muy bien / Lee muy bien / Escribe bien

Español

Entiende muy bien / Habla muy bien / Lee muy bien / Escribe muy bien

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Bioquímica y Biología Molecular /Bioinformática

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Biología y Biología de la Evolución/Evolución Molecular

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Biología y Biología de la Evolución/Genómica Evolutiva

Actuación profesional

SECTOR ORGANIZACIONES PRIVADAS SIN FINES DE LUCRO/SOCIEDADES CIENTÍFICO-TECNOLÓGICAS - INSTITUT PASTEUR DE MONTEVIDEO - URUGUAY

Institut Pasteur de Montevideo

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (10/2013 - a la fecha)

Postdoctorado ,40 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

1 - Estudio genómico y de expresión de familias multigénicas codificantes de proteínas de superficie en *Trypanosoma cruzi* (01/2014 - a la fecha)

Trypanosoma cruzi es un protozoo flagelado, agente causal de la enfermedad de Chagas. Esta enfermedad afecta más de 6 millones de personas principalmente en América Latina, y casi exclusivamente a personas de bajos recursos que viven en poblaciones rurales. Nuestro laboratorio tiene una larga trayectoria en el estudio de este parásito y estamos especialmente enfocados en el estudio de las bases moleculares de la interacción hospedero patógeno. En este marco, nuestro objetivo es el estudio de la expresión y la secuenciación enriquecida de las proteínas de superficie durante los cuatro estadios que conforman su ciclo de vida. A su vez pretendemos estudiar la variación en la composición génica de estas familias en cepas de *T. cruzi* pertenecientes a distintos subgrupos filogenéticos y con distinta virulencia. Las proteínas de superficie tienen un rol fundamental en la prevalencia y la reproducción del parásito. Su estudio es fundamental no solo para identificar las distintas familias proteicas y sus componentes en cada estadio, las relaciones entre ellas y sus funciones específicas, sino también para determinar las ventajas selectivas que le confieren al parásito. Este estudio se propone aportar nuevos conocimientos de la dinámica y función de la superficie de *T. cruzi* que pueden ser fundamentales para la identificación de nuevas estrategias terapéuticas. En particular nos enfocaremos en el estudio de las proteínas MASP (Mucin-associated surface proteins), las mucinas y las ransialidasas. Estas proteínas conforman familias multigénicas fundamentales para la invasión de *T. cruzi* y la evasión del sistema inmune.

Mixta

20 horas semanales , Coordinador o Responsable

Equipo: G. GREF , C. ROBELLO , CHIRIBAO, ML.

Palabras clave: trypanosomatidos membrane

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática, Genómica comparativa

2 - Alternativas tecnológicas de alto impacto para el diagnóstico temprano y vigilancia de tuberculosis bovina (10/2014 - a la fecha)

El diagnóstico de la TBb se realiza a través de la prueba de tuberculina, test mediante el cual se mide la reacción de hipersensibilidad retardada al PPD bovis (Derivado proteico purificado) de *M. bovis*. Esta prueba presenta una sensibilidad del 77 al 95 % y una especificidad del 90%, implicando que más del 10% de los animales no son detectados. Las desventajas de esta prueba son el error en la interpretación por parte del operador, la reacción cruzada con micobacterias ambientales, la anergia hasta en un 20% de los casos por infecciones recientes, severas o generalizadas, manejo excesivo de los animales y el requerimiento de un intervalo mínimo de 60 días entre las pruebas. La utilización de otras pruebas de diagnóstico, fundamentalmente in vitro,

detectando tanto inmunidad celular como humoral a fin de completar la detección de animales enfermos de los establecimientos, permitirá tanto conocer mejor el impacto de la misma en los rodeos como la eliminación de animales positivos, no quedando en el predio animales falsos negativos que continuarán difundiendo la enfermedad. El desarrollo de pruebas moleculares de diagnóstico, permite contar con un test, aunque significativamente más costoso, pero más sensible y específico. La comparación de las diferentes pruebas resultará fundamental a fin de poder establecer la estrategia diagnóstica más eficiente y aplicable a cada situación epidemiológica. La tipificación molecular de las cepas aisladas es una herramienta para poder realizar estudios epidemiológicos de diferentes cepas y su variabilidad, así como también determinar cuántos tipos de cepas son las causantes de los casos de Tuberculosis. La genotipificación permite también la comparación de familias de *M. bovis* en las bases de datos internacionales existentes. Los métodos de genotipado son variados y se diferencian en su poder de discriminación y en el marcador genético utilizado.

Aplicada

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo / DILAVE, Unidad de Biología Molecular, Integrante del equipo
Equipo: G. GREF, C. ROBELLO, LASSERRE, M., NUÑEZ A., CASTRO, M.

Palabras clave: tuberculosis tipificación *Mycobacterium bovis*

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Genómica comparativa

DOCENCIA

Unidad de Posgrado y Educación Permanente de la Facultad de Agronomía (05/2017 - 05/2017)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Herramientas para el análisis de GWAS en cultivos, 40 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

PEDECIBA (10/2015 - 10/2015)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Untangling Genomes through bioinformatics using R/Bioconductor and tools for pathway analysis, 40 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática - NGS

(09/2015 - 09/2015)

Perfeccionamiento

Invitado

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática, Genómica comparativa

(05/2015 - 05/2015)

Especialización

Invitado

Asignaturas:

Curso de Introducción a la genómica funcional, 24 horas, Teórico-Práctico

PEDECIBA (12/2014 - 12/2014)

Especialización

Invitado

Asignaturas:

Hands-on course on High- Throughput Sequencing data analysis, 30 horas, Teórico-Práctico

PEDECIBA (11/2014 - 11/2014)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Functional Genomics and its applications in biomedicine Host-Pathogen interaction, 30 horas,
Teórico-Práctico

Unidad de Posgrado y Educación Permanente de la Facultad de Agronomía (03/2014 - 03/2014)

Maestría

Invitado

Asignaturas:

Búsqueda de variantes tipo SNPs en genomas completos utilizando el programa GATK., 30 horas,
Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática
- Genómica comparativa

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ITALIA

Università degli Studi di Firenze

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (08/2013 - a la fecha)

,5 horas semanales

Funcionario/Empleado (03/2011 - 08/2013)

Posdoctorado ,40 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

3 - Genómica comparativa y estudio de poblaciones de levaduras (03/2012 - a la fecha)

La levadura es un modelo fundamental para el estudio de la arquitectura de los genomas, y la relación de esta con la evolución de redes regulatorias que controlan la expresión génica. Su fácil manipulación (cultivarla es sencillo y se duplica cada 90 minutos), la posibilidad de modificarla genéticamente, su genoma relativamente pequeño, son algunas de las características que la han convertido en un importante modelo biológico, convirtiéndose en 1998 en el primer organismo eucariota en ser completamente secuenciado. Más recientemente ha sido usada en la aplicación de secuenciamiento genómico para el estudio de genética de poblaciones. En efecto, recientes estudios de variación nucleotídica (secuenciamiento/microarrays) en grupos de cepas derivados de diferentes nichos ha permitido asociar la variación genética con el origen de la cepa, indicando la influencia de la geografía o del medio ambiente en el que viven, (incluyendo la aplicación biotecnológica o la producción de alimentos para los cepos industriales). La investigación de polimorfismos a escala genómica son una importante herramienta que permite actualmente no solo el estudio de poblaciones, determinar relaciones filogenéticas, cruzamientos, híbridos, sino también la identificación de mutaciones genéticas relacionadas a fenotipos concretos. Más aún, la secuenciación de cepas de levadura, permite analizar la variabilidad intrapoblacional de este genoma en detalle. En lo específico permite identificar inserciones/deleciones, adquisición/creación de nuevos genes, analizar genes indispensables, genes bajo presión selectiva, etc. A nivel genómico, es fundamental para estudiar la arquitectura, la conservación, la sintenia y cambios en el contenido de GC. Además la disponibilidad de esta gran cantidad de información incentiva el desarrollo de métodos bioinformáticos que permitan interpretar los datos genómicos en el contexto de vías celulares y redes de regulación. En este sentido nuestra contribución ha consistido en el desarrollo de una herramienta computacional para detectar genes capaces de describir la estructura de la población (marcadores). Así identificamos 13 genes en levadura, cuya variabilidad puede ser usada para recapitular una filogenia realizada con toda la información genómica. Esta herramienta potencialmente puede ser utilizada para otras poblaciones de individuos dada la disponibilidad de secuencias genómicas. Por otro lado, contamos con la secuenciación de 30 cepas de *S. cerevisiae* (reads illumina, paired end), con los cuales estamos actualmente trabajando. Nos interesa estudiar la variabilidad genética y la relación de esta con el origen y el fenotipo de estas cepas. Hasta el momento obtenido los polimorfismos (SNP/Indel) de cada cepa, así como hemos realizado la predicción de pérdida, duplicación y adquisición de genes.

5 horas semanales

Dipartimento di Farmacologia, Dipartimento di Farmacologia , Integrante del equipo

Equipo: IRENE STEFANINI , DUCCIO CAVALIERI , V. CAPPELLETTI , MONICA DIPAOLA , IRENE STEFANINI , DUCCIO CAVALIERI , V. CAPPELLETTI , MONICA DIPAOLA

Palabras clave: Next-Generation Sequencing Evolution

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genética de poblaciones

4 - Metagenómica comparativa (03/2011 - 08/2013)

La metagenómica comparativa se basa en la secuenciación y el estudio de microorganismos presentes en un mismo ambiente, intenta relacionar especies con funciones y funciones con hábitats. Específicamente en este proyecto estudiamos la biodiversidad y estructura de comunidades microbianas del intestino humano, comparando dos poblaciones, niños del Burkina Faso y niños Europeos, los cuales presentan una gran diferencia en la dieta. Particularmente estudiamos el contenido génico y la función de comunidades microbianas en estas poblaciones en relación a las fuentes de alimentación de los individuos. Centrándonos en determinar no solo las diferencias taxonómicas que presentan estas dos poblaciones en el intestino, si no las funciones que se desarrollan, las diferentes vías metabólicas y enzimáticas que están presentes.

15 horas semanales

Dipartimento di Farmacologia -Unifi, Dipartimento di Farmacologia , Integrante del equipo

Equipo: MATTEO RAMAZZOTTI , DUCCIO CAVALIERI , CARLOTTA DE FILIPPO , MONICA DI PAOLA , MATTEO RAMAZZOTTI , DUCCIO CAVALIERI , CARLOTTA DE FILIPPO , MONICA DI PAOLA

Palabras clave: dieta metagenómica

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ITALIA

Stazione Zoológica de Napoli

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Becario (12/2007 - 12/2010)

Estudiante de Doctorado ,40 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

4 -Comparative genome analysis of Deuterostomes (12/2007 - 12/2010)

The ascidian species *C. intestinalis* and *C. savignyi* belong to tunicates, a family of great biological interest from several point of view. Indeed, ascidians provide a simple experimental system to investigate the molecular mechanisms underlying cell-fate specification during chordate development. Moreover, they have a small and completely sequenced genome (~160Mb), and they occupy a crucial phylogenetic position, since sister group of vertebrates. Incidentally, both genomes are AT rich and highly polymorphic, showing a high recombination rate. All those features attracted our attention and the first step towards a better understanding of ascidian genomes was to assess how fast is the substitution rate in tunicates. A common feature characterized the genomes so far analyzed: an accelerated substitution rate. Indeed, a high substitution rate was found in both species, estimated to be 1.5 times faster than that of vertebrates, even higher in the larvacean *O. dioica*, being two times faster than that of *Ciona*. At present *O. dioica* could be considered one of the "fastest evolving" metazoans. Further, a molecular clock calibrated on fossil records of vertebrates let us to infer the time of divergence between *C. intestinalis* and *C. savignyi*, estimated to be nearly 180 My. To tackle the problem of the very low GC content, compositional analyses were achieved and significant differences were found between *C. intestinalis* and *C. savignyi*, being the latter GC-richer, especially at the third codon positions (GC3). Multivariate statistical analysis, showed that gene expression levels, indeed, shape codon usage in both species, and translationally preferred codons were identified. The above results were discussed in the light of current neutral and selective hypotheses proposed to explain the nature of the forces driving the base composition evolution of genomes, namely: the biased gene conversion, the breakpoints distribution, the thermal stability and the metabolic rate. All the data produced in the present thesis converged towards the metabolic rate hypothesis, further supported by the analyses of fish and mammalian

genomes.

40 horas semanales

Laboratory of Animal Physiology and evolution, - Evolutionary Genomics - , Integrante del equipo

Equipo:

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Cultivo invitro de plantas

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA - URUGUAY

Facultad de Ciencias - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (08/2006 - 11/2007)

Ayudante ,25 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

5 - Anotación y genómica comparativa de genes codificantes deVSGs en trypanosomas africanos (08/2006 - 11/2007)

En este trabajo se realizó la identificación y anotación de genes codificantes de VSG, así como de las restantes proteínas del genoma de los trypanosomas africanos *T. vivax* y *T. congolense*. Para identificar los genes no codificantes de VSG se utilizó la clásica estrategia de transferencia de información por homología, utilizando como organismo de referencia a *T. brucei*. De esta forma, se lograron identificar y anotar 6411 proteínas en *T. congolense* (296 correspondientes a pseudogenes) y 4346 en *T. vivax* (267 correspondientes a pseudogenes). A partir de las proteínas VSG ya identificadas tanto para *T. congolense* como para *T. vivax* (obtenidas de ARNm y de GeneDB) se logró identificar por homología (TBLASTN) 228 y 439 secuencias utilizando el criterio estricto, 820 y 400 utilizando el criterio más amplio para *T. vivax* y para *T. congolense* respectivamente. En una primera instancia y utilizando frecuencias aminoacídicas se validaron como secuencias codificantes de VSG las 228 secuencias de *T. vivax* y 143 secuencias completas de *T. congolense* (ambos grupos de secuencias obtenidas por el criterio estricto). Con el fin de validar o descartar aquellas secuencias identificadas mediante el criterio amplio se realizaron análisis estadísticos multivariados (análisis de componentes principales) utilizando como variables las frecuencias de tri y tetranucleótidos independiente del marco de lectura. Para *T. vivax* la validación se pudo extender a la mayoría de las secuencias obtenidas utilizando el criterio más amplio. Encontrándose un grupo de genes que consideramos como sospechosos cuya validación final requiere análisis adicionales. En el caso de *T. congolense* el grupo de secuencias obtenidas por el criterio amplio se divide en dos sub-grupos, uno de los cuales efectivamente parece estar formado por secuencias codificantes de proteínas VSG y otro grupo que probablemente no correspondan a proteínas VSG o fragmentos de los mismos. La distribución espacial de los genes codificantes de proteínas VSG, al igual que ocurre en *T. brucei*, consiste en tandem arrays y los genes se ubican en la misma hebra en ambos trypanosomas africanos analizados en este trabajo. En otras palabras, los tres trypanosomas africanos son muy similares en este aspecto. Por último, el análisis de la organización jerárquica de las familias de proteínas VSG para los tres trypanosomas arroja resultados claramente diferentes. Mientras que para *T. brucei* los genes de VSG no muestran una clusterización relevante, las 228 secuencias VSG analizadas para *T. vivax* son extremadamente estructuradas y presentan clara presencia de clusterización con alta identidad aminoacídica dentro de cada cluster, pero gran divergencia entre diferentes clusters. El caso de las 143 proteínas VSG completas de *T. congolense* presentan una distribución intermedia, entre los casos anteriores, presentando clusters de genes VSG, pero con valores de identidad claramente inferiores a los observados para las secuencias de *T. vivax* y definitivamente superiores a los presentados en *T. brucei*.

40 horas semanales

Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Sección Biomatemática , Integrante del equipo

Equipo: Fernando Álvarez-Valín

Palabras clave: Evolucion seleccion

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución Molecular

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Development of informatics resources in genomic annotation (08/2006 - 11/2007)

25 horas semanales

Departamento de Biomatemática , Bioinformática

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Remuneración

Equipo: Fernando Álvarez-Valín (Responsable) , Capdeville F (Responsable) , Ponce de León, M ,

LAMOLLE GUILLERMO , GARAYCOCHEA S

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN AGROPECUARIA - URUGUAY

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (03/2005 - 02/2006)

Asistente ,30 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Establecimiento de suspensiones celulares de *Achyrocline flaccida* (Weinm.) DC. (Asteraceae) y condiciones para su micropropagación (03/2005 - 02/2006)

Achyrocline flaccida (Weinm.) DC. (Asteraceae), comúnmente conocida como marcela amarilla, es una especie de importancia medicinal debido a su alto contenido de flavonoides y otros metabolitos secundarios con propiedades antioxidantes. Sus inflorescencias son usadas para el tratamiento de un gran número de enfermedades, lo que la ha convertido en una especie en riesgo de extinción debido al gran interés de los colectores de hierbas medicinales. Por esta razón, es muy importante el establecimiento de técnicas de propagación vegetativa con fines comerciales, que permitan la producción de un gran número de plantas, libre de patógenos, en un corto plazo. Además, la producción directa de metabolitos secundarios de *Achyrocline* es crucial para la investigación y la producción con fines comerciales ya que son sistemas controlados donde es posible aumentar fácilmente la escala de producción. Además de ser utilizados con fines comerciales, los cultivos de células presentan grandes ventajas como sistema para el estudio de vías metabólicas y el descubrimiento de nuevas moléculas. Los objetivos de este trabajo fueron la optimización de métodos de micropropagación in vitro de *A. flaccida* y el establecimiento de cultivo de suspensiones celulares para determinar las condiciones óptimas de crecimiento celular como primer paso hacia la producción de metabolitos secundarios. Se determinó que DKW sin reguladores del crecimiento es el medio adecuado para la micropropagación de esta especie. Además, este estudio permitió el establecimiento de suspensiones celulares de *A. flaccida*. La obtención de callos friables se optimizó en medio MS suplementado con 0.5 mg L⁻¹ de 2,4-D mientras que las suspensiones celulares se obtuvieron y mantuvieron en medio DKW suplementado con 1 mg L⁻¹ de 2,4-D.

30 horas semanales

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Unidad de Biotecnología , Integrante del equipo

Equipo: VICTORIA BONNECARRÈRE , ALICIA CASTILLO

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Estadística

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Cell cultures of *Achyrocline* sp. for the obtention fo secondary metabolites of cosmetic and pharmacolgal interest (03/2005 - 02/2006)

30 horas semanales

Unidad de biotecnología

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

Equipo: Bonnecarrère, V. (Responsable)
Palabras clave: suspensiones celulares
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Farmacognosia

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: Sin horas
Carga horaria de investigación: 40 horas
Carga horaria de formación RRHH: 10 horas
Carga horaria de extensión: Sin horas
Carga horaria de gestión: 2 horas

Producción científica/tecnológica

Genómica comparativa y evolución molecular.

Las nuevas técnicas de secuenciación permiten obtener las secuencias de genomas enteros a un relativamente bajo costo y rápidamente. Esto ha llevado a la disponibilidad de grandes volúmenes de información. En particular actualmente es posible tener acceso a información genética, genómica y transcriptómica de una gran gama de organismos, desde bacterias hasta eucariotas superiores. Esto permite la investigación a nivel genómico y transcriptómico de aspectos fundamentales de la evolución y el desarrollo de los organismos, así como la posibilidad de entender la arquitectura genómica y los cambios o modificaciones que estos sufrieron a lo largo del tiempo. Se puede investigar cómo evolucionan y cooperan los genes de un individuo particular, y explorar cómo los individuos adaptan sus genes/genomas a diferentes ambientes y fenotipos. Más recientemente se han desarrollado técnicas que permiten estudios metagenómicos (secuenciación de poblaciones/individuos), ribosome profiling, dual rna-seq y secuenciación de células únicas que amplían los límites de la observación de la biología aportando una gran cantidad de información donde es necesario el análisis bioinformático.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

Whole genome sequencing of the monomorphic pathogen *Mycobacterium bovis* reveals local differentiation of cattle clinical isolates. (Completo, 2018)

LASSERRE, M., Fresia P, GREIF, G., IRAOLA G., CASTRO-RAMOS M, Arturo JUAMBELTZ MARTINEZ, Alvaro NÚÑEZ FERNANDEZ, NAYA H, ROBELLO, C., BERNA, L.
BMC Genomics, 2018

Palabras clave: *Mycobacterium Tuberculosis* genomic population evolution

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14712164

DOI: 10.1186/s12864-017-4249-6.

<https://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-017-4249-6>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Expanding an expanded genome: long-read sequencing of *Trypanosoma cruzi*. (Completo, 2018)

BERNA, L., Rodríguez, M., Chiribao, ML., PARODI-TALICE, A., PITA, S., RIJO, G., ALVAREZ, F., ROBELLO, C.

Microbial Genomics, 2018

Palabras clave: Assembly Genomics *Trypanosoma cruzi* long reads

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 2057-5858

DOI: 10.1099/mgen.0.000177.

<http://mgen.microbiologyresearch.org/content/journal/mgen>

Transcriptomic analysis reveals metabolic switches and surface remodeling as key processes for stage transition in *Trypanosoma cruzi* (Completo, 2017)

BERNA, L. , CHIRIBAO, ML. , G. GREF , RODRIGUEZ, M. , Fernando Álvarez-Valín , C. ROBELLO
PeerJ, v.: 5 e3017 , 2017

Palabras clave: metabolism Transcriptomic T. cruzi

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 21678359

DOI: 10.7717/peerj.3017

<https://peerj.com/articles/3017/>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Genome-wide diversity and differentiation in New World populations of the human malaria parasite *Plasmodium vivax* (Completo, 2017)

THAIS C. DE OLIVEIRA , PRISCILA T. RODRIGUES , MARIA JOSÉ MENEZES , RAQUEL M. GONÇALVES-LOPES , MELISSA S. BASTOS , NATHÁLIA F. LIMA , SUSANA BARBOSA , ALEXANDRA L. GERBER , GUILHERME LOSS DE MORAIS , BERNA, L. , JODY PHELAN , C. ROBELLO , ANA TEREZA R. DE VASCONCELOS , JOÃO MARCELO P. ALVES , MARCELO U. FERREIRA

PLoS Neglected Tropical Diseases, 2017

Palabras clave: genomics plasmodium polymorphism

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19352735

DOI: 10.1371/journal.pntd.0005824

<http://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0005824>

WEB OF SCIENCE™

Genomic and phenotypic variation in morphogenetic networks of two *Candida albicans* isolates subtends their different pathogenic potential (Completo, 2017)

DUCCIO CAVALIERI , MONICA DI PAOLA , LISA RIZZETTO , NOEMI TOCCI , CARLOTTA DE FILIPPO , PAOLO LIONETTI , ANDREA ARDIZZONI , BRUNA COLOMBARI , SIMONA PAULONE , IVO G. GUT , BERNA, L. , MARTA GUT , JULIE BLANC , MISHA KAPUSHESKY , ELISABETTA BLASI , SAMUELE PEPOLONI

Frontiers in Immunology, v.: 2017 01997 , 2017

Palabras clave: Candida albicans Host Adaptation Biofilm pathogenic traits

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 16643224

DOI: 10.3389/fimmu.2017.01997

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2017.01997/abstract>

Social wasps are a *Saccharomyces* mating nest (Completo, 2016)

IRENE STEFANINI , DAPPORTO, L. , BERNA, L. , POLSINELLI, M. , TURILLAZZI, S. , DUCCIO CAVALIERI

Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v.: 113 8 , p.:2247 - 2251, 2016

Palabras clave: yeast Saccharomyces cerevisiae Saccharomyces paradoxus hybrid social wasps

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00278424

DOI: 10.1073/pnas.1516453113

<http://www.pnas.org/content/113/8/2247.abstract>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Hsp12p and PAU genes are involved in ecological interactions between natural yeast strains (Completo, 2015)

RIVERO, D. , BERNA, L. , IRENE STEFANINI , BARUFFINI, E , BERGERAT, A. , CSIKÁSZ-NAGY A ,

DUCCIO CAVALIERI
Environmental Microbiology, 2015
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 14622912
DOI: 10.1111/1462-2920.12950
dx.doi.org/10.1111/1462-2920.12950
Scopus WEB OF SCIENCE™

riboFrame: an improved method for microbial taxonomy profiling from non-targeted metagenomics (Completo, 2015)

MATTEO RAMAZZOTTI , BERNA, L. , DONATI, C. , DUCCIO CAVALIERI
Frontiers in Genetics, 2015
Palabras clave: Community profiling Metagenomics 16S gene Variable Region (VR)
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Bioinformática - NGS
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 16648021
DOI: 10.3389/fgene.2015.00329
http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fgene.2015.00329/abstract
Scopus

Evolutionary volatile Cysteines and protein disorder in the fast evolving tunicate *Oikopleura dioica* (Completo, 2015)

BERNA, L. , Fernando Álvarez-Valín
Marine Genomics, v.: 15 300013 1, p.:1 - 7, 2015
Palabras clave: Evolution Oikopleura Disorder Cysteine
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Evolutionary
Genomics
Medio de divulgación: Internet
Escrito por invitación
ISSN: 18747787
DOI: 10.1016/j.margen.2015.07.007
http://dx.doi.org/10.1016/j.margen.2015.07.007
Scopus WEB OF SCIENCE™

Whole-Genome Sequences of *Mycobacterium bovis* Strain MbURU-001, Isolated from Fresh Bovine Infected Samples (Completo, 2015)

LASSERRE, M. , BERNA, L. , G. GREF , DÍAZ-VIRAQUÉ, F. , G. IRAOLA , H. NAYA , CASTRO-RAMOS
MIGUEL , JUAMBELTZ, ARTURO. , C. ROBELLO
Genome Announcements, v.: 3 3 , p.:1 - 2, 2015
Palabras clave: tuberculosis
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 21698287
DOI: 10.1128/genomeA.01237-15
http://genomea.asm.org/content/3/6/e01237-15.long

Whole-Genome Sequencing of an Isoniazid-Resistant Clinical Isolate of *Mycobacterium tuberculosis* Strain MtURU-002 from Uruguay (Completo, 2014)

BERNA, L. , G. IRAOLA , G. GREF , C. COITINHO , H. NAYA , C. ROBELLO
Genome Announcements, v.: 00655 14 , 2014
Palabras clave: Genome Mycobacterium Sequencing
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática
- Genómica comparativa
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 21698287
DOI: 10.1128/genomeA.00655-14.
http://genomea.asm.org/content/2/4/e00655-14.long

Complete Genome Sequence of Mycobacterium tuberculosis Strain MtURU-001, Isolated from a Rapidly Progressing Outbreak in Uruguay (Completo, 2014)

G. GREF, G. IRAOLA, BERNA, L., C. COITINHO, C. M. RIVAS, H. NAYA, C. ROBELLO

Genome Announcements, v.: 2 3, 2014

Palabras clave: Genome tuberculosis

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica comparativa

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática - Genómica comparativa

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 21698287

DOI: 10.1128/genomeA.01220-13.

<http://genomea.asm.org/content/2/1/e01220-13.full?sid=e1715668-0c02-492b-a362-68e492a63e09>

Evolutionary Genomics of Fast Evolving Tunicates (Completo, 2014)

BERNA, L., Fernando Álvarez-Valín

Genome Biology and Evolution, v.: 6 7, p.:1724 - 1738, 2014

Palabras clave: positive selection genome plasticity Oikopleura

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática - Genómica comparativa

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 17596653

DOI: 10.1093/gbe/evu122

<http://gbe.oxfordjournals.org/content/6/7/1724.long>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Genome sequence of the native apiculate wine yeast Hanseniaspora vineae T02/19AF (Completo, 2014)

FACUNDO M. GIORELLO, BERNA, L., G. GREF, LAURA CAMESASCA, VALENTINA SALZMAN, KARINA MEDINA, C. ROBELLO, CARINA GAGGERO, PABLO S. AGUILAR, FRANCISCO CARRAU

Genome Announcements, 2014

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática - Genómica comparativa

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 21698287

DOI: 10.1128/genomeA.00530-14

<http://genomea.asm.org/content/2/3/e00530-14.long>

Length and GC Content Variability of Introns among Teleostean Genomes in the Light of the Metabolic Rate Hypothesis (Completo, 2014)

ANKITA CHAURASIA, ANDREA TARALLO, BERNA, L., M. YAGI, CLAUDIO AGNISOLA, G. DONOFRIO

PLoS ONE, v.: 9 8, p.:1 - 11, 2014

Palabras clave: Evolution introns

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática - Genómica comparativa

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19326203

DOI: 10.1371/journal.pone.0103889

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0103889>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

The genome sequence of the hydrocarbon-degrading Acinetobacter venetianus VE-C3 (Completo, 2013)

FONDI M, BERNA, L., FANI R

Research in Microbiology, 2013

Palabras clave: Genome Acinetobacter

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 09232508

DOI: 10.1016

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0923250813000466>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

A computational pipeline to discover highly phylogenetically informative genes in sequenced genomes: application to *Saccharomyces cerevisiae* natural strains (Completo, 2012)

MATTEO RAMAZZOTTI , BERNA, L. , IRENE STEFANINI , DUCCIO CAVALIERI

Nucleic acids research (Online), v.: 40 9 , p.:3834 - 3848, 2012

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Oxford University Press

ISSN: 13624962

DOI: 10.1093/nar/gks005

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3351171/?tool=pubmed>

Peculiar patterns of amino acid substitution and conservation in the fast evolving tunicate *Oikopleura dioica* (Completo, 2011)

BERNA, L. , GIUSEPPE DONOFRIO , Fernando Álvarez-Valín

Molecular Phylogenetics and Evolution, v.: 62 2 , p.:708 - 717, 2011

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución

Medio de divulgación: Papel

Lugar de publicación: Elsevier Inc.

ISSN: 10557903

DOI: 10.1016/j.ympev.2011.11.013

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790311004842>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Metabolic rate and genomic GC. What we can learn from teleost fish (Completo, 2010)

ERMINIA ULIANO , ANKITA CHAURASIA , BERNA, L. , CLAUDIO AGNISOLA , GIUSEPPE DONOFRIO

Marine Genomics, v.: 3 p.:29 - 34, 2010

Palabras clave: metabolic rate fish GC Genome evolution

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 18747787

DOI: 10.1016/j.margen.2010.02.001

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

How fast is the sessile *Ciona*? (Completo, 2009)

BERNA, L. , Fernando Álvarez-Valín , GIUSEPPE DONOFRIO

Comparative and Functional Genomics, v.: 2009 p.:1 - 6, 2009

Palabras clave: Genome *Ciona* molecular rate divergence

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15326268

DOI: 2009:875901

<http://www.hindawi.com/journals/cfg/2009/875901.html>

Scopus[®]

Establishment of micropropagation and cell suspension culture conditions on *Achyrocline flaccida* (Weinm.) DC. (Asteraceae). (Completo, 2009)

VICTORIA BONNECARRÈRE , BERNA, L. , A. CASTILLO

Agrociencia (Uruguay), v.: XIII p.:1 - 6, 2009

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Cultivo invitro de plantas

Medio de divulgación: Papel

Lugar de publicación: Uruguay

ISSN: 15100839

[latindex](#)

NO ARBITRADOS

The footprint of metabolism in the organization of mammalian genomes (Completo, 2012)

BERNA, L. , ANKITA CHAURASIA, CLAUDIA ANGELINI , CONCETTA FEDERICO , SALVATORE SACCONI , GIUSEPPE DONOFRIO

BMC Genomics, v.: 13 174, 2012

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolucion

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

Bioinformatica

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: BioMed Central Ltd.

ISSN: 14712164

DOI: 10.1186/1471-2164-13-174

<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/13/174/>

LIBROS

Advances in Zoology Research (2013)

Participación

BERNA, L. , ANKITA CHAURASIA, ANDREA TARALLO , CLAUDIO AGNISOLA , GIUSEPPE DONOFRIO

Número de volúmenes: 5

Edición: ,

Editorial: ,

Palabras clave: GC content vertebrates metabolism

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Medio de divulgación: Internet

ISSN/ISBN: 9781624178023

https://www.novapublishers.com/catalog/product_info.php?products_id=41590

Capítulos:

The Shifting and the Transition Mode of Vertebrate Genome Evolution in the Light of the Metabolic Rate Hypothesis: A Review

Organizadores: Owen P. Jenkins

Página inicial 65, Página final 94

Fish Ecology (2011)

Participación

ANKITA CHAURASIA, ERMINIA ULIANO , BERNA, L. , CLAUDIO AGNISOLA , GIUSEPPE DONOFRIO

Edición: ,

Editorial: Nova Science Publishers, Huppauge, NY (USA)

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología / Evolucion

Medio de divulgación: Papel

ISSN/ISBN: 9781613242827

https://www.novapublishers.com/catalog/product_info.php?products_id=23526

Capítulos:

Does habitat affects the genomic GC content? A lesson from teleostean fish a mini review

Organizadores: Sean P. Dempsey

Página inicial 61, Página final 80

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Estudio genómico de proteínas MASP en Trypanosoma cruzi (2014)

Resumen

BERNA, L. , Fernando Álvarez-Valín , C. ROBELLO

Evento: Nacional

Descripción: XV Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Ciudad: Piriapolis

Año del evento: 2014

Serie: S2_009

Página inicial: 99

Página final: 99

Palabras clave: Trypanosoma proteínas de superficie desorden

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática - Genómica comparativa

Medio de divulgación: Papel

<https://docs.google.com/viewer?>

[a=v&pid=sites&srcid=ZmNpZW4uZWR1LnV5fHN1YnxneDo0YjI2YjYzM2I1YTg1NjBm](https://docs.google.com/viewer?a=v&pid=sites&srcid=ZmNpZW4uZWR1LnV5fHN1YnxneDo0YjI2YjYzM2I1YTg1NjBm)

Identificación y anotación de genes codificantes de proteínas variables de superficie en tripanosomas africanos (2007)

Resumen

BERNA, L. , Fernando Álvarez-Valín

Evento: Internacional

Descripción: XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , Minas - Uruguay , 2007

Ciudad: Minas - Uruguay

Año del evento: 2007

Anales/Proceedings: Actas de Fisiología

Volumen:11

Página inicial: 106

Página final: 106

Publicación arbitrada

Editorial: Comunidad del Sur

Ciudad: Montevideo - Uruguay

Palabras clave: genómica

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Estadística

Medio de divulgación: Papel

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

COMITÉ EDITORIAL

Gene journal (2014 / 2014)

Cantidad: Menos de 5

<http://www.journals.elsevier.com/gene/>

REVISIONES

Standards in Genomic Sciences (2016)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

EVALUACIÓN DE PREMIOS

Beca de Doctorado (2007 / 2010)

Italia

Cantidad: Menos de 5
Stazione Zoologica A. Dohrn - Open University

Formación de RRHH

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Genómica comparativa funcional de *Mycobacterium bovis*: aproximaciones epidemiológicas y filogenéticas (2014)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Uruguay
Programa: PEDECIBA
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Moira Lasserre
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Mycobacterium
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Bioinformática
- Genómica comparativa

OTRAS

Caracterización in silico de retrotransposones en el genoma de *Trypanosoma cruzi* (2017)

Otras tutorías/orientaciones
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Uruguay
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Gastón Rijo
Medio de divulgación: Internet
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Trypanosoma cruzi Retrotransposones Anotación
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Otros datos relevantes

PRESENTACIONES EN EVENTOS

XXXIII Annual Meeting of the Brazilian Society of Protozoology / XLIV Annual Meeting on Basic Research in Chagas' Disease (2017)

Congreso
Trypanosoma cruzi long reads based assembly: revealing the real extent of genome complexity
Brasil
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 24
Nombre de la institución promotora: SBPz
Palabras Clave: genomics T. cruzi pacbio
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Reunión conjunta de sociedades de Biociencias (2017)

Congreso
Trypanosoma cruzi long reads based assembly: revealing the real extent of genome complexity
Argentina
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: SAP y otras sociedades
Palabras Clave: Genome Sequencing

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Bioinformatics & Computational Biology for Innovative Genomics (2016)

Congreso

Transcriptomic analysis reveals that metabolic switch and surface remodeling are key processes for stage transition in *Trypanosoma cruzi*

México

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 24

Nombre de la institución promotora: SolBio IC&W

Palabras Clave: metabolism *Trypanosoma cruzi* surface RNA-seq

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (2015)

Congreso

Social Wasps are Mating Nests for Yeasts

Italia

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 48

Nombre de la institución promotora: Fondazione Edmund Mach

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología

Social Wasps are Mating Nests for Yeasts Irene Stefanini¹, Leonardo Dapporto², Luisa Berná³, Mario Polsinelli⁴, Stefano Turillazzi^{4,5}, Duccio Cavalieri^{1,6} ¹Centre for Research and Innovation, Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige, Trento, Italy; ²Department of Biological and Medical Sciences, Oxford Brookes University, Headington, Oxford, OX3 0BP, UK, ³Molecular Biology Unit, Institut Pasteur, Montevideo, Uruguay, ⁴Department of Biology, University of Florence, Italy, ⁵Centro di Servizi di Spettromeria di Massa, University of Florence, Florence, Italy, ⁶Department of Neuroscience, Psychology, Drug Research and Child's health, University of Florence, Florence, Italy

27º International conference on yeast genetics and molecular biology (2015)

Congreso

C. albicans With Different Genomic Background Reveal Diverse Host Adaptation And Differential Processing By Phagocytes

Italia

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 48

Nombre de la institución promotora: Fondazione Edmund Mach

C. albicans With Different Genomic Background Reveal Diverse Host Adaptation And Differential Processing By Phagocytes Lisa Rizzetto¹, Monica Di Paola², Bruna Colombari³, Carlotta De Filippo¹, Andrea Ardizzone², Luisa Berná⁴, Noemi Tocci¹, Paolo Lionetti², Elisabetta Blasi³, Duccio Cavalieri³, Samuele Peppoloni¹ ¹Research and Innovation Centre, Fondazione Edmund Mach, S. Michele all'Adige (TN), Italy; ²Dip. di Neuroscienze, Psicologia, Area del Farmaco e Salute del Bambino, Università di Firenze, Firenze, Italy; ³Dip. di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica, Università di Modena e Reggio Emilia, Modena, Italy; ⁴Unidad de Biología Molecular, Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (2015)

Congreso

Hsp12p And PAU Genes Are Involved In Ecological Interactions Between Natural Yeast Strains.

Italia

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 48

Nombre de la institución promotora: Fondazione Edmund Mach

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología

Hsp12p And PAU Genes Are Involved In Ecological Interactions Between Natural Yeast Strains. Damariz Rivero¹, Luisa Berná², Irene Stefanini³, Enrico Baruffini⁴, Agnes Bergerat⁵, Attila Csikász-Nagy³, Carlotta De Filippo³ and Duccio Cavalieri^{1,3} ¹ Department of Neurosciences, Psychology, Drug Research and Child Health, University of Florence, Florence, Italy. ² Molecular Biology Unit, Institut Pasteur, Montevideo, Uruguay. ³ Centre for Research and Innovation, Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige, Trento, Italy. ⁴ Department of Life Sciences, University of Parma, Parma, Italy. ⁵ Department of Pathology, Boston University School of Medicine, Boston, USA

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (2015)

Congreso

Population Genomics of *Saccharomyces cerevisiae* Human Isolates Reveals Adaptation to the Gastrointestinal Tract.

Italia

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 48

Nombre de la institución promotora: Fondazione Edmund Mach

Population Genomics of *Saccharomyces cerevisiae* Human Isolates Reveals Adaptation to the Gastrointestinal Tract. Monica Di Paola¹, Carlotta De Filippo², Irene Stefanini², Lisa Rizzetto², Luisa Berná³, Matteo Ramazzotti⁴, Leonardo Dapporto⁵, Damariz Rivero¹, Ivo G Gut⁶, Jean-Luc Legras^{7,8,9}, Noemi Tocci², Marcello S. Lenucci¹⁰, Luigina Romani¹¹, Paolo Lionetti¹, Duccio Cavalieri^{1,2} ¹ Department of Neuroscience, Psychology, Drug Research and Child Health, Meyer Children Hospital, University of Florence, Viale G. Pieraccini 6, 50139 Florence, Italy. ² Fondazione E. Mach, Research and Innovation Centre, Via E. Mach 1, 38010 San Michele all Adige (Trento), Italy. ³ Unidad de Biología Molecular, Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay. ⁴ Department of Experimental and Clinical Biomedical Sciences, University of Florence, viale Morgagni 50, 50134 Florence, Italy. ⁵ Department of Biological and Medical Sciences, Oxford Brookes University, Headington, Oxford, OX30BP, UK. ⁶ Centro Nacional d'Anàlisi Genòmica, CNAG, Parc Científic de Barcelona 08028 Barcelona, Spain. ⁷ Institut National de la Recherche Agronomique, INRA, Unité Mixte de Recherche Sciences pour l'Oenologie, UMR1083, F-34060 Montpellier, France. ⁸ Montpellier SupAgro, Unité Mixte de Recherche Sciences pour l'Oenologie, UMR1083, F-34060 Montpellier, France. ⁹ Université Montpellier I, Unité Mixte de Recherche Sciences pour l'Oenologie, UMR1083, F-34060, Montpellier, France. ¹⁰ Dipartimento di Scienze e Tecnologia Biologiche ed Ambientali (Di.S.Te.B.A.), Università del Salento, via Prov.le Lecce-Monteroni, 73100 Lecce, Italy. ¹¹ Department of Experimental Medicine and Biochemical Sciences, Polo Unico Sant'Andrea delle Fratte, University of Perugia, piazza Università 1, 06132 Perugia, Italy.

International Workshop on Human and Bovine Tuberculosis (2015)

Simposio

Tuberculosis humana y bovina

Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 16

Nombre de la institución promotora: Institut Pasteur Montevideo

Palabras Clave: tuberculosis Mycobacterium One health

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Experimental Approaches to Evolution and Ecology using Yeast & other Model Systems (2014)

Congreso

Experimental Approaches to Evolution and Ecology using Yeast & other Model Systems - Social wasps are mating nests for yeasts

Alemania

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: EMBO Conference Series

Social wasps are mating nests for yeasts Stefanini I.1, Dapporto L.2, Berná L.3, Polsinelli M.4, Turillazzi S.4,5, Cavalieri D.1,6

Microbiology after the genomics revolution: Genomes 2014 (2014)

Congreso

Microbiology after the genomics revolution: Genomes 2014 - Genome-wide characterization of *Mycobacterium tuberculosis* outbreaks in the low-risk uruguayan population

Francia

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: EMBO Conference Series

Genome-wide characterization of *Mycobacterium tuberculosis* outbreaks in the low-risk uruguayan population

Symbiomes: Systems Metagenomics of Host Microbe interactions (2013)

Congreso

International 3-day Workshop and Winter School of FIRS> PhD Programme. Symbiomes: Systems Metagenomics of Host Microbe interactions

Italia

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 24

Nombre de la institución promotora: Fondazione Edmund Mach

Palabras Clave: metagenomica levadura

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Evolutionary genomics of *Saccharomyces cerevisiae* populations. Using next generation sequencing to describe evolutionary trajectories at individual level

SNP calling of M28 strains, finding morphology genes (2012)

Seminario

Istituto Agrario di San Michele Alladige

Italia

Tipo de participación: Expositor oral

Palabras Clave: variacion genetica polimorfismos

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Molecular Evolution in the Genomic Era (2011)

Congreso

Molecular Evolution in the Genomic Era

Italia

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 26

Nombre de la institución promotora: Universidad de Roma III. Revista Genome Biology and Evolution

Palabras Clave: Evolucion genómica

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución Molecular

"Fast evolving Tunicates, Patterns and rates of amino acid evolution"

4th Joint RECOMB Conference on Regulatory Genomics, Systems Biology, and DREAM Challenges (2011)

Congreso

4th Joint RECOMB Conference on Regulatory Genomics, Systems Biology, and DREAM Challenges

España

Tipo de participación: Poster

Carga horaria: 18

Palabras Clave: Systems Biology Networks

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución Molecular

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformatica

Phylogenomics applied to *Saccharomyces cerevisiae* strains reveals genes with high evolutionary resolution

Joint Meeting AGI-SIBV-SIGA (2011)

Congreso

Joint Meeting AGI-SIBV-SIGA

Italia

Tipo de participación: Poster

Palabras Clave: Systems Biology

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

Friend or Foe: Using System Biology to elucidate the interaction between fungi and their hosts

Internal Seminar SZN (2010)

Seminario

Comparative genome analyses of Deuterostomes

Italia

Tipo de participación: Expositor oral

"Metabolism and base compositions of tunicates, fish and mammals genomes"

Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (2010)

Congreso

Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution

Francia

Tipo de participación: Poster

Palabras Clave: Evolution GC content

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Metabolic rate and genomic GC. What we can learn from teleost fish

(2009)

Congreso

150 years of Darwins Evolutionary Theory: a South American Celebration

Uruguay

Tipo de participación:

Palabras Clave: Evolution

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias (2007)

Congreso

Identificación y anotación de genes codificantes de proteínas variables de superficie en tripanosomas africanos

Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral

Palabras Clave: Evolucion

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Estadística

V Reunión de la Sociedad Latinoamericana de Fitoquímica (2006)

Congreso

Establecimiento de suspensiones celulares de *Achyrocline flaccida* para el estudio y producción de metabolitos secundarios

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Palabras Clave: Cultivo celular metabolitos secundarios

V Reunión de la Sociedad Latinoamericana de Fitoquímica (2006)

Congreso

Estudio de la producción de fenólicos en cultivos in vitro de *Achyrocline flaccida*

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Palabras Clave: Cultivo celular

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	26
Artículos publicados en revistas científicas	22
Completo	22
Trabajos en eventos	2
Libros y Capítulos	2
Capítulos de libro publicado	2
EVALUACIONES	2

Evaluación de publicaciones	2
FORMACIÓN RRHH	2
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	2
Tesis de maestría	1
Otras tutorías/orientaciones	1