



**EXTENDING AND ENHANCING DNA BARCODING  
RESEARCH IN ARGENTINA AND NEIGHBORING  
COUNTRIES**

**9<sup>th</sup> Leading Labs Training Workshop**

**Museo Argentino de Ciencias Naturales  
“Bernardino Rivadavia”**

**Buenos Aires, Argentina  
29 de mayo al 2 de junio, 2017**



## Instructores

### **Pablo L. Tubaro**

Director del MACN  
Investigador de CONICET  
Email: pltubaro@gmail.com

### **Paul Hebert**

Director del BIO, University of Guelph  
Director Científico, iBOL  
Email: phebert@uoguelph.ca

### **Darío A. Lijtmaer**

Investigador de CONICET  
Email: dariolijtmaer@gmail.com

### **Ana S. Barreira**

Investigadora de CONICET  
Email: asbarreira@gmail.com

### **Cecilia Kopuchian**

Investigadora de CONICET  
Email: ckopuchian@gmail.com

### **Belén Bukowski**

Becaria doctoral CONICET  
Email: belenbukowski@gmail.com

### **Natalia C. García**

Becaria doctoral CONICET  
Email: natigarcia86@gmail.com

### **Priscila Hanisch**

Becaria doctoral CONICET  
Email: dierosen@gmail.com

### **Pablo D. Lavinia Oblanca**

Becario doctoral CONICET  
Email: pablodlo23@gmail.com

### **Ezequiel Nuñez Bustos**

Técnico de CONICET  
Email: argentinebutterflies@hotmail.com

### **Elisabet Vilacoba**

Técnica profesional de CONICET  
Email: evilacoba@gmail.com

## Colaboradores del BIO/CCDB

### **Alex Borisenko**

Director of International Programs  
Email: aborisen@uoguelph.ca

### **Megan Milton**

Project Manager, BOLD  
Email: mmilton@boldsystems.org

## Asistentes en la instrucción u organización

Natalí Attina

María Laura Barone

Sebastián Cabanne

Yolanda Davies

María Cecilia Estalles

Ana Faigón

María José Rodríguez

Natalia Trujillo Arias

## Programa

### Lunes 29: Actividades introductorias

(Instructores: Pablo Tubaro, Paul Hebert, Darío Lijtmaer, Cecilia Kopuchian, Pablo Lavinia, Elisabet Vilacoba).

8:30-9:30. Acreditación

9:30-9:45. Bienvenida

9:45-10:30. Introducciones personales

- Breves introducciones de los instructores y participantes

10:30-11:15. Introducción a los códigos de barras genéticos

- El concepto de códigos de barras genéticos
- El proyecto Barcode of Life, su organización y sus objetivos
- Aplicaciones de los códigos de barras genéticos
- Programa de actividades del workshop

11:15-11:45. Café y medialunas

11:45-12:30. Introducción al procesamiento de ejemplares, muestras y datos

- El procesamiento de ejemplares, muestras y datos: primeras etapas del proceso de obtención de los códigos de barras genéticos
- Desafíos y soluciones asociadas a la interfase entre las colectas (o colecciones preexistentes) y el análisis de códigos de barras a gran escala
- Aproximaciones analíticas para diferentes tipos de actividades con los códigos de barras: la generación de la biblioteca de secuencias barcode
- Protocolos compatibles con la recuperación de ADN de alta calidad
- Requerimientos relacionados con los especímenes
- Puntos salientes del workshop sobre procesamiento de ejemplares, muestras y datos

12:30-13:15. Conceptos básicos de técnicas moleculares aplicadas a los códigos de barras genéticos

- Extracción de ADN
- Principios y lógica de la PCR
- Elección y diseño de primers: primers únicos, cocktails, primers degenerados
- Secuenciación

13:15-14:45. Almuerzo

14:45-15:30. Introducción a los protocolos de laboratorio

- Diferentes escalas de trabajo en el laboratorio
- Extracción de ADN a partir de diferentes organismos
- Amplificación de ADN (PCR) a partir de diferentes organismos
- Buenas prácticas de laboratorio

15:30-16:15. Introducción a BOLD

- El rol de BOLD en el proyecto Barcode of Life
- BOLD como repositorio global de códigos de barras genéticos
- BOLD como plataforma de trabajo
- BOLD como herramienta de identificación genética de especies a partir de secuencias incógnitas
- BOLD 4.0

16:15-17:00. El proyecto Barcode of Life en Argentina

- Argentina como nodo regional del iBOL
- El fondo iBOL Argentina
- Laboratorios barcode de referencia en Argentina
- El proyecto global de trampas Malaise: participación de la Argentina

17:00-17:15. Preguntas y discusión

17:15-17:30. Asignación de los participantes a los grupos de las sesiones prácticas de los días 31 de mayo y 1 y 2 de junio.

### **Martes 30, miércoles 31 y jueves 1: sesiones prácticas**

(Instructores: Darío Lijtmaer, Ana Barreira, Cecilia Kopuchian, Pablo Lavinia, Natalia García, Belén Bukowski, Priscila Hanisch, Ezequiel Nuñez Bustos, Elisabet Vilacoba).

Los participantes que asisten por primera vez al workshop se dividirán en 3 grupos y rotarán en 3 sesiones: sesión de especímenes, sesión de laboratorio y sesión de bioinformática

Esquema de horarios:

9:00-11:00.	Sesión 1
11:00-11:30.	Café y medialunas
11:30-13:30.	Sesión 2
13:30-15:00.	Almuerzo
15:00-17:00.	Sesión 3

Los participantes que ya habían asistido previamente al workshop y en esta oportunidad traen material propio trabajarán con Cecilia y Ezequiel en la sesión de entrenamiento práctico y procesamiento de especímenes, muestras y datos.

### **Martes 30**

#### Sesión de especímenes

- Planillas de datos: colecta y muestreo
- Eventos de colecta, especímenes y lotes de especímenes
- Conversión y estandarización de datos
- Envío de datos a BOLD

### Sesión de laboratorio

- Descripción de los reactivos y protocolos de extracción para diferentes organismos
- Lisis de tejido

### Sesión de bioinformática

- BOLD: Recursos para el usuario público (identificación de secuencias incógnitas, búsqueda de registros, herramientas generales)
- BOLD: interfaz y estructura básica
- Creación de cuentas de usuario
- Creación de proyectos, propiedades de los mismos y niveles de acceso a la información
- Carga y descarga de información
- Visualización y edición de registros
- Búsqueda, filtrado y agrupamiento de información en BOLD

### Sesión de procesamiento de especímenes, muestras y datos

#### Actividades de la mañana:

- Discusión de los requerimientos básicos asociados a las muestras y los datos
- Discusión de las herramientas y protocolos que facilitan el procesamiento de especímenes, datos e imágenes a gran escala
- Establecimiento de las necesidades de cada participante (cantidad y tipo de muestras/especímenes, grupo/s taxonómico/s, actividades a desarrollar)
- Armado del equipo necesario y estaciones de trabajo

#### Actividades de la tarde:

- Organización de los materiales de cada participante en un formato compatible con trabajo a gran escala
- Digitalización y transformación de los datos, llenado de planillas y envío de los datos a BOLD
- Comienzo de la toma de imágenes y obtención de muestras/submuestras

## **Miércoles 31**

### Sesión de especímenes

- Importancia del etiquetado y fotografía de especímenes
- Set-up para fotografiar diversos tipos de especímenes: insectos pinchados, especímenes conservados en fluidos, pieles de estudio, plantas
- Carga de imágenes de especímenes en BOLD

### Sesión de laboratorio

- Extracción de ADN

### Sesión de bioinformática

- Obtención y manejo de secuencias
- Alineamiento de secuencias
- Carga y descarga de secuencias en BOLD
- BOLD como plataforma de trabajo: herramientas de análisis global y avanzado
- Introducción a otras herramientas útiles para el análisis de secuencias genéticas

### Sesión de procesamiento de especímenes, muestras y datos

- Toma de imágenes y obtención de muestras/submuestras y envío de los datos y fotografías a BOLD (continuación)

## **Jueves 1**

### Sesión de especímenes

- Kits para toma de muestras usados en el CCDB: tubos, placas, “blotting cards”
- Registro de datos de las muestras
- Cómo tomar muestras de tejidos de diversos grupos de organismos ( artrópodos, vertebrados, plantas).

### Sesión de laboratorio

- Amplificación de ADN (PCR)
- Visualización de producto en geles (e-gels)

### Sesión de bioinformática

- BOLD como plataforma de trabajo: continuación
- BOLD 4.0: cambios y agregados de la nueva versión de BOLD

### Sesión de procesamiento de especímenes, muestras y datos

- Finalización de toma de imágenes y obtención de muestras/submuestras y envío de los datos y fotografías a BOLD

## **Viernes 2: Proyectos actuales de códigos de barras genéticos en la región, interacción con los Sistemas Nacionales, reglamentaciones sobre colecta y movimiento de material científico y discusión sobre el proyecto en Argentina** (Instructores: Pablo Tubaro, Paul Hebert, Darío Lijtmaer y expositores invitados)

9:00-10:00. Presentaciones de proyectos de códigos de barras genéticos en Argentina y otros países de la región.

10:00-10:45. BOLD 4.0 (Megan Milton desde Canadá)

10:45-11:15. Café y medialunas

11:15-12:00. Regulación vigente sobre la colecta e intercambio de material científico: la situación en Argentina (disertantes del Ministerio de Ambiente y Desarrollo sustentable)

12:00-13:30. Almuerzo

13:30-14:00. Interacción entre el proyecto de códigos de barras genéticos y el Sistema Nacional de Datos Biológicos (expositor invitado: Martín Ramírez)

14:00-14:30. El Sistema Nacional de Datos Genómicos y su interacción con los códigos de barras genéticos (expositor invitado: Adrián Turjanski)

14:30-16:30. Discusión general sobre el proyecto Barcode of Life en Argentina

- Introducción y discusión sobre manejo de proyectos y diferentes opciones de involucramiento en barcoding
- Discusión sobre los proyectos de cada grupo/investigador y los objetivos y resultados esperados
- Dudas y consultas generales
- Objetivos de corto, mediano y largo plazo

16:30-16:45. Cierre

16:45. Entrega de certificados