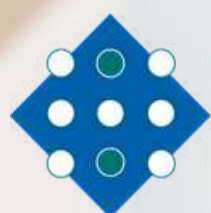


VII Jornades IdISBa

PÒSTERS

Plataformes Cientificotècniques



Institut
d'Investigació Sanitària
Illes Balears

IdISBa

Plataforma Citometria i cultius cel·lulars

Catalina Crespí

Fundació Institut d'Investigació Sanitària Illes Balears – IdISBa

A la plataforma de citometria i cultius cel·lulars de l'IdISBa comptam amb tecnologia puntera que ens permet analitzar múltiples paràmetres cel·lulars. A la plataforma s'ha donat servei a diferents grups d'investigació del camp de la immunologia, oncologia, neurociències, neumologia, lipidòmica, etc. S'han realitzat estudis diversos en línies cel·lulars, cultius primaris, leucòcits, plaquetes.

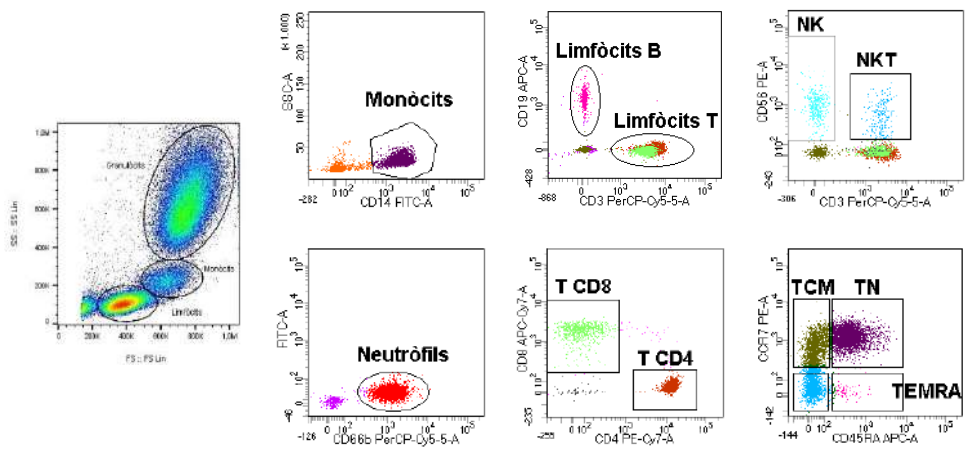
Citometria de flux:

La citometria de flux consisteix en la mesura de propietats de cèl·lules individuals o partícules microscòpiques en suspensió mitjançant marcadors fluorescents. A més de la quantificació d'aquests marcadors en les diferents poblacions cel·lulars, la citometria també possibilita l'aïllament d'aquestes poblacions en funció de les seves característiques (Sorter)

BD FACSVersè



Anàlisi de diferents tipus de cèl·lules del sistema immunitari en una mostra de sang (Grup de lípids en patologia humana).

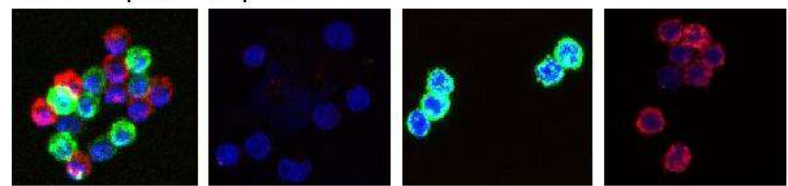


BD FACSAria Fusion



Imatges de microscopia confocal de limfòcits separats al sortir segons els diferents fluorocroms (Grup d'Immunologia).

Sense separar Separades



Sales de cultius:

La plataforma de Citometria i Cultius Cel·lulars posa a disposició dels usuaris la possibilitat de cultivar in vitro i experimentar amb els diferents tipus de poblacions cel·lulars, tant cultius primaris com línies cel·lulars establertes. La plataforma consta de 3 sales de cultiu completament equipades amb incubadors, cambres de flux laminar, microscopis, equipament de crioconservació i altres.

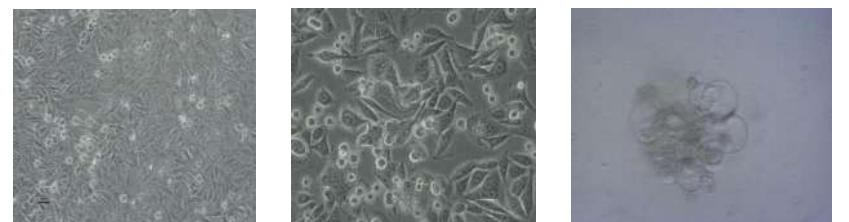
Incubador



Sala de cultius



Imatges al microscopi invertit de dues línies cel·lulars diferents i un organoïde (Grup de Lípids en patologia humana)



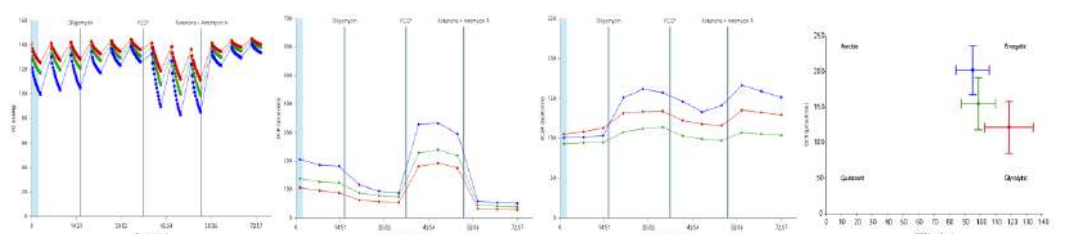
Nou equipament:

Recentment s'ha incorporat a la plataforma l'equip d'Agilent, Seahorse XFe96 que permet mesurar el metabolisme cel·lular (respiració mitocondrial, glucòlisi, producció d'ATP) en cèl·lules vives.

Seahorse XFe96



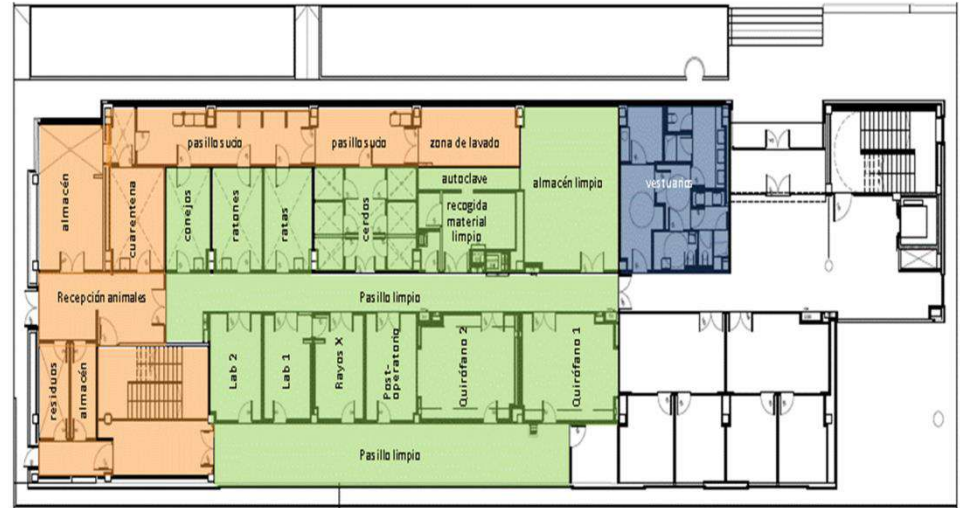
Consum Oxígen, acidificació i mapa energètic en cèl·lules HeLa (Grup de Neurobiologia)



PLATAFORMAS CIENTIFICO-TÉCNICAS

CIRUGÍA EXPERIMENTAL Y ESTABULARIO

La plataforma de Cirugía Experimental y Estabulario del IdISBa, está ubicada en la planta -1 del edificio S del HUSE. Es un centro de experimentación animal autorizado por la Consejería de Agricultura, Pesca y Alimentación con código REGA ES070400006177. Su principal finalidad es la de desarrollar y fomentar la investigación preclínica en modelos animales con especial énfasis en el campo de la cirugía experimental. Consta de una superficie útil de 422 m² y cuenta con unas instalaciones convencionales adecuadas para el desarrollo de actividades con fines experimentales y docentes. Las principales especies con las que se trabaja en el centro son: rata, ratón, conejo y cerdo. El inicio de actividad de la plataforma es relativamente reciente (2016). Durante estos años de actividad, se han puesto en marcha más de 30 proyectos de experimentación animal. La mayoría de los proyectos tienen como finalidad la investigación básica o aplicada. El resto de proyectos tienen como objetivo la realización periódica de cursos o programas de entrenamiento para la adquisición y mejora de habilidades quirúrgicas destinados a residentes y adjuntos de los diversos servicios sanitarios de las Islas.



INSTALACIONES



2 QUIRÓFANOS EXPERIMENTALES



SALA DE RATONES:

- Racks de estabulación convencional. Capacidad para ~2000 ratones.
- Rack Ventilado para animales inmunosuprimidos. Capacidad para 30 jaulas.



SALA DE RATAS:

- Racks de estabulación convencional. Capacidad para ~500 ratas.



SALA DE CONEJOS:

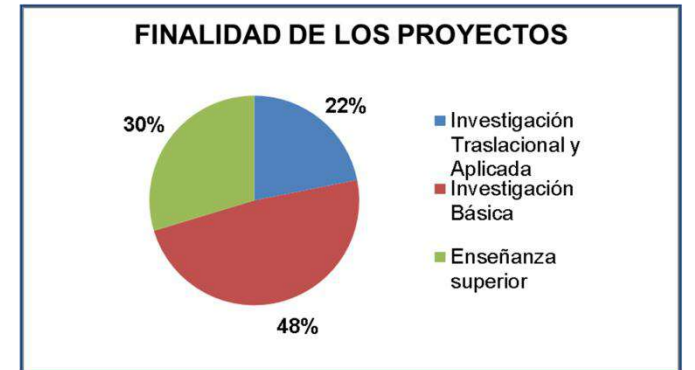
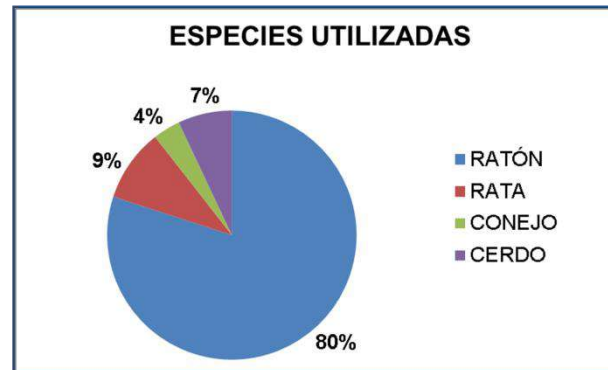
- Jaulas de estabulación interconectables. Capacidad para ~15 conejos.



SALA DE CERDOS:

- Cercado preparado para el alojamiento de hasta 6 cerdos de 3 meses de edad o 30-40 Kg.

MEMORIA DE ACTIVIDAD



SERVICIOS DE LA PLATAFORMA

- 2 VIDEOLAPAROSCOPIOS ENDOEYE FLEX LTF-S190 (OLYMPUS) * Equipos cedido por HUSE
- 2 TORRES DE LAPAROSCOPIA VISERA ELITE (OLYMPUS) * Equipos cedido por HUSE
- MICROSCOPIO QUIRÚRGICO OPMI1FC (ZEISS)
- 2 TORRE SDE ANESTESIA Narkovet (EICKEMEYER)
- ARCO EN C BV300 (PHILIPS)
- EQUIPO RAYOS X PORTÁTIL ORANGE 1040HF

NOVEDADES

- ESTEREOMICROSCOPIO DE FLUORESCENCIA StereoDiscovery v12 (ZEISS)
- IMÁGENES In Vivo & In vitro BIOLUMINISCENCIA Y FLUORESCENCIA

Laura Arbona¹, Ricardo Gonzalo¹, Aarne Fleischer², Josep Muncunill²
 1 Universitat Oberta de Catalunya (UOC), 2 Institut de Investigació Sanitària Illes Balears (IDISBA)

Introducción y Objetivos

Los análisis de enriquecimiento funcional son una de las principales herramientas para facilitar la interpretación de resultados procedentes de análisis de expresión diferencial.

Actualmente hay multitud de programas que ofrecen estos análisis, si bien es cierto que en muchos casos los programas no permiten ajustar las consultas al interés del investigador.

Desde la Plataforma de Genómica i Bioinformàtica, conjuntamente con la Universitat Oberta de Catalunya, se ha desarrollado una aplicación que integra los principales tipos de enriquecimiento así como permite al investigador seleccionar el formato final de los resultados.

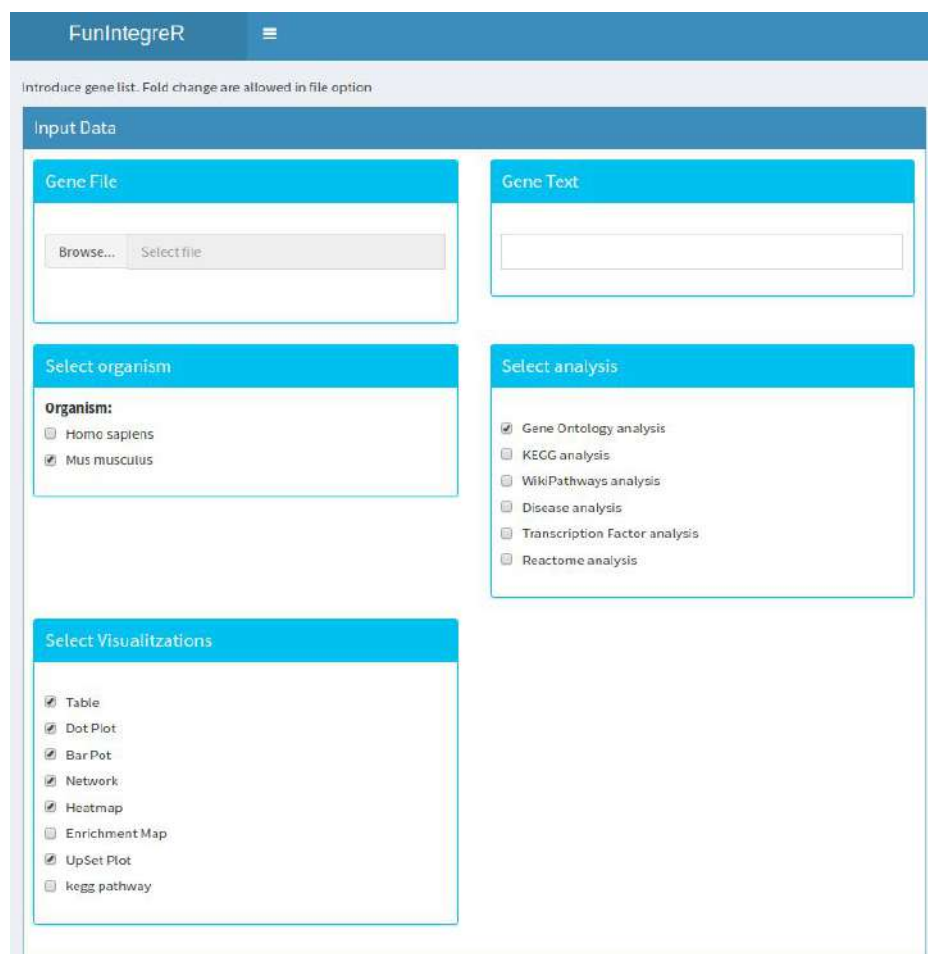
Métodos

La aplicación se ha desarrollado en lenguaje R y Shiny. Los métodos de enriquecimiento incorporados son: GO, KEGG, Wikipathways, Reactome. Para ellos se han usado los packages de R: Go.db, KEGG.db, reactome.db, DO.db y ClusterProfile.

La aplicación permite la modificación de los principales parámetros como el punto de corte del valor p, el método de ajuste para el p valor, o la selección del universo de genes. También permite introducir valores de Fold-Change si se dispone de ellos.

Finalmente el usuario puede seleccionar el estilo de los resultados obtenidos mediante los package ggplot y DT.

Resultados



The screenshot shows the FunIntegreR web application interface. It includes sections for 'Input Data' (Gene File and Gene Text), 'Select organism' (Homo sapiens, Mus musculus), 'Select analysis' (Gene Ontology analysis, KEGG analysis, WikiPathways analysis, Disease analysis, Transcription Factor analysis, Reactome analysis), and 'Select Visualizations' (Table, Dot Plot, Bar Plot, Network, Heatmap, Enrichment Map, UpSet Plot, kegg pathway).

Table

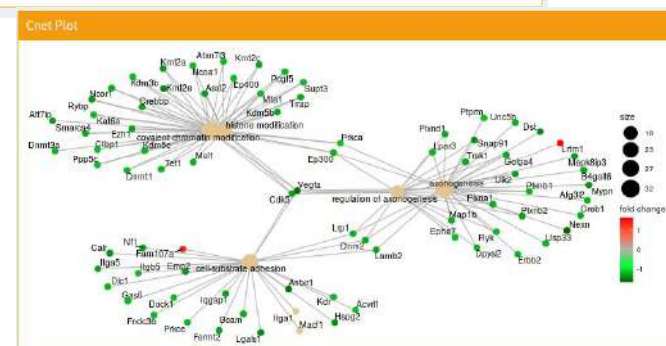
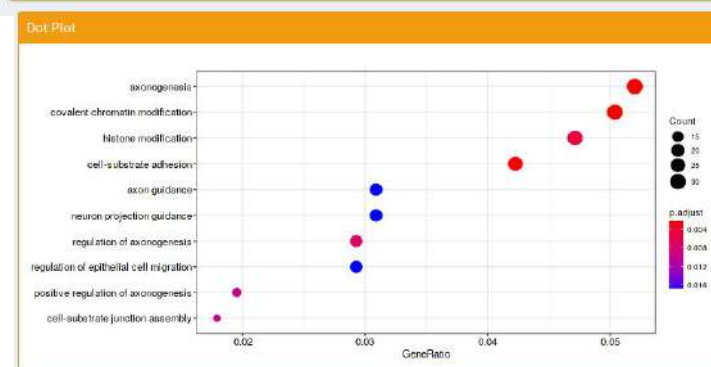
Show 5 entries

Search:

ONTOLOGY	ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adj
GO:0016569	BP	GO:0016569 covalent chromatin modification	31/615	443/23174	0.00000107993467440796	0.0021648589159
GO:0007409	BP	GO:0007409 axonogenesis	32/615	466/23174	0.00000109068541217811	0.0021648589159
GO:0031589	BP	GO:0031589 cell-substrate adhesion	26/615	337/23174	0.0000013390879892559	0.0021648589159
GO:0016570	BP	GO:0016570 histone modification	29/615	426/23174	0.00000411282396058078	0.004986799052
GO:0050770	BP	GO:0050770 regulation of axonogenesis	18/615	201/23174	0.00000751875976020225	0.0072931969673

Showing 1 to 5 of 135 entries

Previous 1 2 3 4 5 ... 27 Next



- La aplicación devuelve los resultados estructurados en tablas y gráficos a criterio del usuario final.
- Dentro de los gráficos se permite seleccionar que gráficos se desea obtener así como descargar el gráfico en el formato y la resolución deseada.

Discusión

La aplicación "FunIntegreR" se presenta como una herramienta para facilitar al investigador la obtención de resultados de enriquecimiento funcional, integrando distintos tipos de análisis en la misma aplicación.

Introducció i Objectius

- Les diferents maneres d'assignar identificadors (ID) als gens poden suposar un inconvenient alhora de fer consultes creuades entre bases de dades, en especial en el cas dels identificadors d'Affymetrix.
- S'ha desenvolupat una aplicació que permet la conversió dels dels IDs entre els principals repositoris així com obtenir la informació més actualitzada associada al gen

Mètodes

- L'aplicació s'ha desenvolupat en R Shiny disponible:
 - Online/Local
- Creació d'una base de dades amb els diferents identificadors (Fig. 1)
- Informació d'Affymetrix referent als arrays* *Homo sapiens* i *Mus musculus*:
 - Clariom D, Clariom S, U133 Plus: Genechip miRNA 3.0 i Genechip miRNA 4.0/3.0 *
- L'aplicació es escalable, permetent introduir noves bases de dades (organismes o identificadors) a petició de l'usuari

* Ampliable a petició de l'usuari

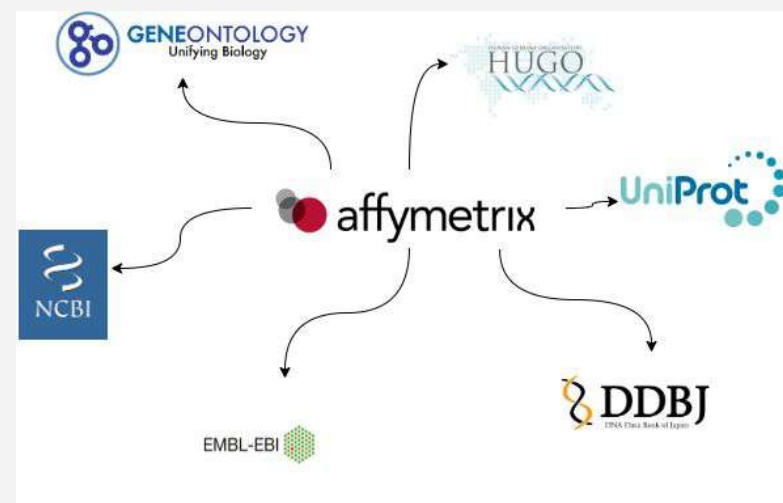


Fig 1. Principals repositoris inclosos a l'aplicació

Resultats

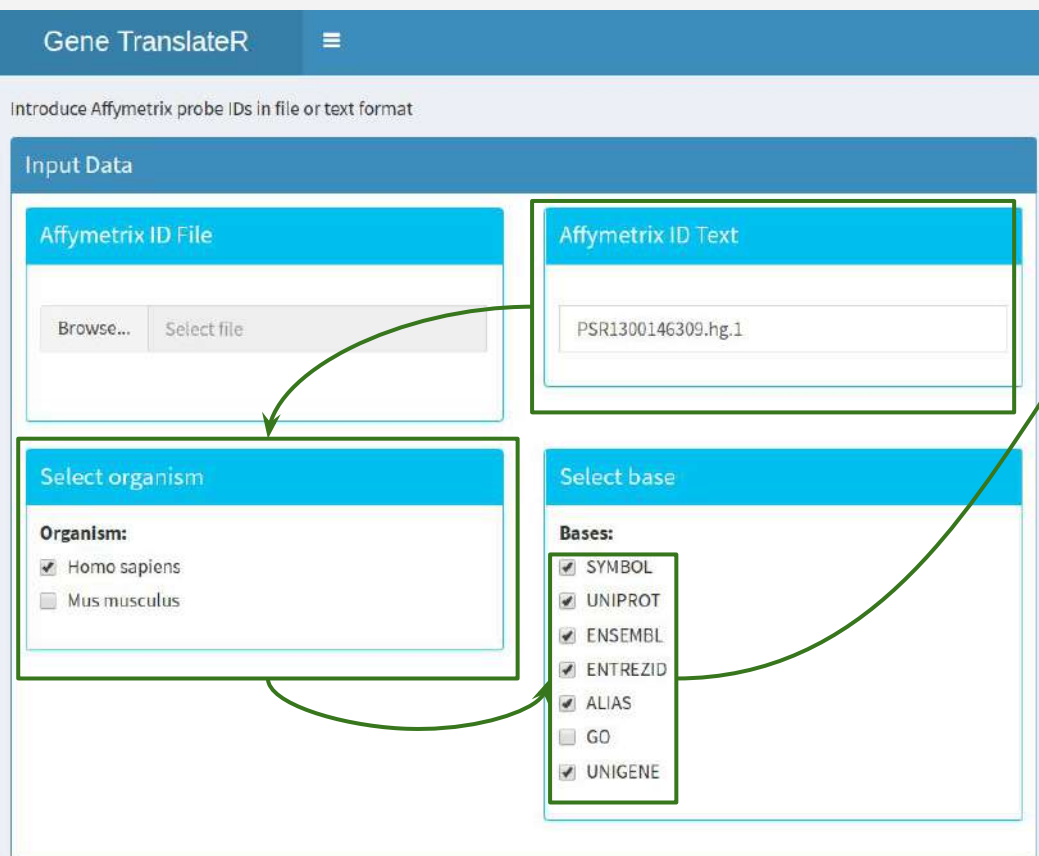


Fig 2. Opcions disponibles a l'aplicació

Results						
	SYMBOL	UNIPROT	ENSEMBL	ENTREZID	ALIAS	UNIGENE
1	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	BRCC2	Hs.34012
2	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	BROVCA2	Hs.34012
3	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	FACD	Hs.34012
4	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	FAD	Hs.34012
5	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	FAD1	Hs.34012
6	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	FANCD	Hs.34012
7	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	FANCD1	Hs.34012
8	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	GLM3	Hs.34012
9	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	PNCA2	Hs.34012
10	BRCA2	P51587	ENSG00000139618	675	XRCC11	Hs.34012

Showing 1 to 10 of 11 entries

Fig 3. Resultats obtinguts de la conversió del ID d'Affymetrix PSR1300146309.hg.1

Discussió

La aplicació GeneTranslateR es presenta com una solució a la conversió d'identificadors de gens, problema comú a la hora de realitzar estudis de expressió diferencial utilitzant diferents programes externs. L'estructura del programa permet introduir de manera sencilla noves bases de dades, ja sigui d'informació de nous organismes com d'altres tipus d'identificadors.