

BARCELONA EN EL PUNTO DE MIRA DE LA BIOINFORMÁTICA Y LA BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

- **A partir de hoy y hasta el miércoles 6 de abril, Barcelona acoge por segunda vez consecutiva la conferencia internacional ‘Next Generation Sequencing’ (NGS).**
- **El evento, que se centra en la anotación de genomas, está organizado por la International Society for Computational Biology (ISCB) y el Centro de Regulación Genómica (CRG) y reúne a científicos destacados en biología computacional y bioinformática.**
- **Al alojar este evento, Barcelona y el CRG consolidan su posición como punto de referencia en la investigación genómica.**

Tras sólo 15 años después de descodificar el genoma humano y gracias a enormes avances tecnológicos, las ciencias –ómicas se han convertido en uno de los pilares de la investigación y la innovación.

La *International Society for Computational Biology* (ISCB) y el Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, acogen la edición de 2016 de la conferencia internacional ‘Next Generation Sequencing’. El evento, que cuenta con 185 participantes de 32 países diferentes, tiene lugar en el Centro de Regulación Genómica desde hoy hasta el miércoles 6 de abril.

“Barcelona y los científicos que trabajan en genómica desde esta ciudad, ya se encuentran en una posición de liderazgo en este campo de la investigación. Alojar la conferencia NGS por segunda vez consecutiva demuestra que Barcelona se encuentra en el punto de mira de la bioinformática y la biología computacional,” afirma Alfonso Valencia, presidente de la *International Society for Computational Biology*, director del nodo español de ELIXIR y del Programa de Biología Estructural y Biocomputación en el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO).

La edición de este año se centra en la anotación de genomas, que son los métodos de análisis genómico que nos permiten incorporar información biológica a las secuencias del genoma. Se trata de una conferencia dedicada a aproximaciones innovadoras y punteras sobre el procesamiento y el análisis de métodos para la anotación de genomas donde se destacan proyectos y mejoras en esta línea. La conferencia reúne a investigadores que desarrollan nuevos métodos de anotación de genomas junto con biólogos interesados en establecer dichos métodos para nuevos genomas de referencia. Se abordará un gran abanico de temas incluyendo la anotación de genomas basados en secuenciación de ARN, análisis de ARN no codificante, integración de datos de proteómica y visualización de datos. También habrá tiempo para nuevas tendencias emergentes en genómica así como análisis de ecosistemas y genomas noveles de referencia.



“Se ha avanzado mucho en la investigación en bioinformática pero todavía queda mucho por recorrer. Gracias a conferencias y reuniones como NGS, los científicos que trabajamos en diferentes aspectos de la investigación genómica podemos compartir no sólo nuevas herramientas y mejoras sino también casos de éxito o proyectos desafiantes que nos permiten avanzar,” explica Cedric Notredame, jefe de grupo senior en el Centro de Regulación Genómica y coorganizador de la conferencia. *“Aunque abordemos los proyectos de forma distinta, todos contribuimos a mejorar el procesamiento y el análisis de los datos genómicos, y ello es clave para comprender la evolución y los aspectos biológicos y médicos del genoma,”* concluye Notredame.

La conferencia ha contado con el apoyo de sponsors y colaboradores como Illumina, Qiagen Bioinformatics, Univa, IMP, EMC, Elixir, Omicia, Atos, f1000 Research, y Bioinformatics Barcelona (BiB).

MÁS INFORMACIÓN:

Conferencia NGS 2016:

- Página web: <http://www.iscb.org/ngs2016>
- Ponentes destacados: <http://www.iscb.org/ngs2016-keynote-speakers>

Organizadores:

- International Society for Computational Biology (ISCB): <http://www.iscb.org>
- Centre for Genomic Regulation (CRG): www.crg.eu

Contacto para medios:

Laia Cendrós – Oficina de prensa – Centro de Regulación Genómica (CRG)
email: laia.cendros@crg.eu - Tel. +34 93 316 02 37- Móvil +34 607 611 798