

## PROGRAMA PRELIMINAR

Día 1		
09:00 - 09:20hs	Bienvenida a cargo del comité organizador local. Detalles del curso.	
9:20 - 10:20hs	Organización y comportamiento de las abejas melíferas	Ciro Invernizzi
10:20 - 10:40hs	<i>Corte para café</i>	
10:40 - 11:40hs	Plagas y patógenos de las abejas melíferas	Ciro Invernizzi/ Karina Antúnez
11:40 - 12:40hs	Microbiota intestinal de las abejas melíferas	Karina Antúnez
12:40 - 14:00hs	<i>Almuerzo</i>	
14:00 - 16:00hs	Presentaciones de los estudiantes	Estudiantes
16:00-18:00hs	<b>Actividad práctica (a elegir entre las actividades 1, 2 o 3)</b>	Arredondo, Castelli, Branchiccela, Vázquez, Palacios, Alarcón
Día 2		
9:00-9:50hs	Conceptos básicos de los ácidos nucleicos. ADN y ARN. Métodos de extracción de DNA and RNA a partir de matrices complejas.	Belén Branchiccela
9:50-10:40hs	Aspectos básicos de PCR y qPCR. Uso de PCR y qPCR para la detección y cuantificación de patógenos de abejas melíferas.	Karina Antúnez
10:40 - 11:00hs	<i>Corte para café</i>	
11:00-13:00hs	Conceptos básicos de la secuenciación masiva. Definición de las ómicas.	Yanina Panzera
13:00 - 14:20hs	<i>Almuerzo</i>	
14:20-18:00hs	<b>Actividad práctica (a elegir entre las actividades 1, 2 o 3)</b>	Arredondo, Castelli, Branchiccela, Vázquez, Palacios, Alarcón
Día 3		
09:00-9:50hs	Uso de las ómicas para el estudio de la salud de las abejas	Robert Paxton
9:50-10:40hs	Marcadores genéticos para el monitoreo de la salud de las abejas.	Marisol Vargas
10:40 - 11:00hs	<i>Corte para café</i>	
11:00-11:40hs	Uso de secuenciación masiva para el análisis de la microbiota intestinal de las abejas	Loreley Castelli
11:40-12:20hs	Uso de secuenciación masiva para el estudio de los viomas de las abejas melíferas.	Daniela Arredondo
12:20-13:00hs	Uso de la secuenciación masiva para el análisis de la transcriptómica de las abejas melíferas.	Belén Branchiccela / Diego Vázquez
13:00 - 14:20hs	<i>Almuerzo</i>	

14:20-18:00hs	<b>Actividad práctica (continuación de las actividades 1, 2 o 3)</b>	Arredondo, Castelli, Branchiccela, Vázquez, Palacios, Alarcón
<b>Día 4</b>		
9:00 - 10:40hs	Uso de la secuenciación masiva para el estudio de los viromas de las abejas melíferas.	Andrés Cañedo
10:40 - 11:00hs	<i>Corte para café</i>	
11:00-13:00hs	<b>Actividad práctica (actividades 4 o 5)</b>	Loreley Castelli/ Diego Vázquez/ Matilde Alarcón/ Sofía Palacios/ Andrés Cañedo/ Daniela Arredondo
13:00 - 14:20hs	<i>Almuerzo</i>	
14:20-18:00hs	<b>Actividad práctica (continuación de las actividades 4 o 5)</b>	
<b>Día 5</b>		
09:00-10:40hs	<b>Actividad práctica (continuación de las actividades 4 o 5)</b>	Loreley Castelli/ Diego Vázquez/ Matilde Alarcón/ Sofía Palacios/ Andrés Cañedo/ Daniela Arredondo
10:40 - 11:00hs	<i>Corte para café</i>	
11:00-13:00hs	<b>Actividad práctica (continuación de las actividades 4 o 5)</b>	
13:00 - 14:00hs	<i>Almuerzo</i>	
14:00-16:20hs	<b>Actividad práctica (continuación de las actividades 4 o 5)</b>	
16:20 - 16:40hs	<i>Corte para café</i>	
16:40-18:00hs	<b>Tiempo libre para la preparación de las presentaciones de los estudiantes</b>	
<b>Día 6</b>		
9:00 - 10:00hs	<b>Workshop: Cría de larvas y de Abejas adultas bajo condiciones controladas de laboratorio para su uso como modelos experimentales</b>	Daniela Arredondo, Diego Vázquez, Loreley Castelli and Belén Branchiccela
10:00-11:00hs	<b>Workshop: Abordajes metodológicos usando colonias de abejas melíferas en condiciones de campo</b>	Belén Branchiccela, Ciro Invernizzi
11:00 - 11:20hs	<i>Corte para café</i>	
11:20 - 13:00hs	<b>Examen final: presentación de estudiantes</b>	
13:00hs	<b>Lunch and Closure</b>	
<b>Actividad práctica 1</b>	Procesamiento de Abejas	Daniela Arredondo, Matilde Alarcón
	Extracción de AND	
	Multiplex PCR para la detección de <i>Nosema apis</i> y <i>Nosema ceranae</i>	
	Electroforesis en gel de agarosa	
	Análisis de resultados	

<b>Actividad práctica 2</b>	Procesamiento de abejas	Belén Branchiccela, Sofía Palacios
	Extracción de ARN, gADN digestión, RT	
	qPCR para la detección de DWV	
	Análisis de resultados	
<b>Actividad práctica 3</b>	Procesamiento de abejas	Loreley Castelli, Diego Vázquez
	Extracción de AND	
	qPCR de bacterias totales (16S rARN)	
	Análisis de resultados	
<b>Actividad práctica 4</b>	Análisis de datos obtenidos mediante secuenciación masiva: análisis de viromas	Andrés Cañedo/ Daniela Arredondo
	Análisis estadísticos utilizando el software R	
<b>Actividad práctica 5</b>	Análisis de datos obtenidos mediante secuenciación masiva: análisis de microbiomas	Loreley Castelli/ Diego Vázquez/ Matilde Alarcón/ Sofía Palacios
	Análisis estadísticos utilizando el software R	