

Condalab te invita a un nuevo *Learn and Brunch sobre NGS*

INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN SANITARIA LA FE DE VALENCIA

AVENIDA FERNANDO ABRIL MARTORELL, 106
TORRE A, PLANTA BAJA. 46026 VALENCIA.

2 OCTUBRE
10h - 12h

Las técnicas de secuenciación masiva o NGS se han convertido en una herramienta imprescindible en cualquier estudio genético de hoy en día. Como usuarios es importante conocer las diferentes herramientas que nos ofrece el mercado para estudios de DNA y RNA-seq, lo que te permitirá abordar cualquier proyecto de forma exitosa independientemente de si partes de muestras de buena calidad o muestras complicadas (FFPE) y de poca cantidad de partida.

Desde Condalab, te invitamos a este evento en el que hablaremos del workflow completo de NGS y donde la investigadora Andrea Palomar compartirá su experiencia y resultados con uno de nuestros kits para muestras de RNA de low input.



NGS, SOLUCIONES DE PRINCIPIO A FIN

10:00h

Javier Escalante | Especialista técnico en aplicaciones NGS.

Javier Escalante, con más de 13 años de experiencia en el sector de la NGS como colaborador en el Proyecto Genoma Humano y en el Dpto. de Genética del H. Virgen del Rocío de Sevilla, nos contará su experiencia sobre la importancia de cada uno de los pasos en el flujo de trabajo de la NGS, desde la toma y preservación de las muestras hasta el proceso de normalización. Además, nos hablará de las principales aplicaciones de los kits de preparación de librerías SMARTer y de todas las soluciones que Condalab ofrece dentro del workflow.

BRUNCH | 11.00H

¡RECUPERA ENERGÍAS CON NUESTRA SELECCIÓN DE DULCE, SALADO Y BEBIDAS!



**PERFIL TRANSCRIPTÓMICO DE EMBRIONES ANEUPLOIDES DURANTE EL
DESARROLLO POST-IMPLANTACIÓN REVELA DESTINOS DIVERGENTES SEGÚN
LA CARGA CROMOSÓMICA**

11:30h

Andrea Palomar | PhD. Estudiante, BSc Biotecnología, MSc Biotecnología de la Reproducción Asistida Humana

En la presentación, Andrea compartirá su experiencia con el uso del kit SMARTer Stranded Pico Input V3 en el campo de la reproducción asistida. En la misma, nos hablará sobre uno de sus estudios, el cual tenía como objetivo estudiar el comportamiento transcripcional de los embriones T21 y M21 para descifrar cómo diferentes cargas cromosómicas conducen a distintos destinos de desarrollo embrionario.

CONFIRMAR MI ASISTENCIA