

# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022



## Curso Posgrado

### *Estrategias y herramientas moleculares para el estudio de variantes genéticas en microbiología.*

**Lugar:** Instituto de Virología "Dr. J. M. Vanella" (InViV), Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba. Enfermera Gordillo Gómez s/n- Ciudad Universitaria – CP: 5016.

**Fecha:** 8 al 12 de agosto de 2022

**Horario:** 9:00 a 17:00 hs.

**Duración:** 40 horas (25 hs teóricas 15 hs prácticas)

**DIRECTORES:** Dra. Viviana Ré, Dra. María Belén Pisano

**CONTACTO:** [vivianare@fcm.unc.edu.ar](mailto:vivianare@fcm.unc.edu.ar), [mbelenpisano@gmail.com](mailto:mbelenpisano@gmail.com)

### Docentes:

DOCENTES /Institución	TEMA
<b>Dra. Viviana Ré.</b> InViV- Facultad de Ciencias Médicas, UNC, Argentina. Cátedra de Virología - Fac. Cs Químicas - Universidad Católica de Córdoba	<b>Amplificación de ácidos nucleicos: diseño y optimización de PCR para el estudio de variantes genéticas. Fundamentos.</b>
<b>Dra. María Belén Pisano.</b> InViV- Facultad de Ciencias Médicas, UNC, Argentina. Cátedra de Virología - Fac. Cs Químicas - Universidad Católica de Córdoba	<b>PCR en tiempo real. Secuenciación Sanger. Obtención y análisis de secuencias. Introducción a la bioinformática.</b>
<b>Dra. Gisela Massachessi.</b> InViV - Facultad de Ciencias Médicas, UNC, Argentina.	<b>TP Bioinformática.</b>
<b>Bioq. Esp. Gonzalo Castro.</b> Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba, Argentina.	<b>Aplicación de técnicas moleculares para el estudio y tipificación de microorganismos. TP Secuenciación.</b>
<b>Bioq. Esp. Paola Sicilia.</b> Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba, Argentina.	<b>Aplicación de técnicas moleculares para el estudio y tipificación de microorganismos. TP Secuenciación.</b>
<b>Dr. Andrés Culasso.</b> Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Buenos	<b>Edición y análisis de secuencias con programas bioinformáticos.</b>



# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022



Aires, Argentina.	
<b>Dr. Franco Fernández.</b> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), Córdoba, Argentina.	<b>Tórico-práctico técnicas de NGS. Secuenciación NGS en el contexto de la genómica de microorganismos con impacto en la sanidad.</b>
<b>Bioq. Nestor Portela.</b> LACE Laboratorios.	<b>NGS aplicada al estudio de la microbiota intestinal.</b>
<b>Dr. Pablo Romagnoli.</b>	<b>NGS aplicada al estudio de la microbiota intestinal.</b>

## Introducción

El proceso evolutivo involucra a todas las organizaciones vivientes, de las cuales no se excluyen las bacterias y los virus, particularmente los virus con genoma RNA. La aparición de variantes microbiológicas es un mecanismo evolutivo empleado por los microorganismos para perpetuarse en la naturaleza. Las variaciones genéticas pueden implicar variaciones fenotípicas de los microorganismos, las cuales pueden afectar su capacidad patógena, de transmisión, su eficiencia de infección, la respuesta a los tratamientos, la evasión a la respuesta inmune del hospedador y la protección de las vacunas disponibles, como así también tener implicancias en la sensibilidad y especificidad de las pruebas para diagnóstico que se usan actualmente.

Las estrategias y tecnologías moleculares desarrolladas e implementadas en los laboratorios han tenido en los últimos años repercusiones en todas las vertientes de la biomedicina: diagnóstico, pronóstico y terapéutica.

La reacción en cadena de la polimerasa, conocida como PCR por sus siglas en inglés (*Polymerase Chain Reaction*), es una técnica de biología molecular desarrollada en 1983 por Kary Mullis, cuyo objetivo es obtener un gran número de copias de un fragmento de ADN particular a partir de una única copia de ese fragmento original, o molde. Esto permite identificar con muy alta probabilidad, virus o bacterias causantes de una enfermedad, identificar personas (o cadáveres) o hacer investigación científica sobre el ADN amplificado. Sin lugar a dudas esta técnica constituyó el puntapié inicial de una nueva generación de herramientas de diagnóstico aplicadas al estudio de ADN genómico obtenido de diversas fuentes biológicas y para diferentes fines. Estas técnicas, marcaron un



# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022

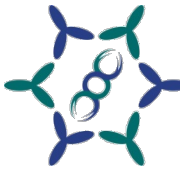


cambio en el protagonismo del diagnóstico microbiológico, pasando de estar relegado a una estrecha franja de la práctica médica a constituir un elemento fundamental en el abordaje de las enfermedades infecciosas no sólo en medicina sino también en veterinaria, agronomía, odontología, entre otros.

La bioinformática (aplicación de tecnología computacional a la gestión y análisis de [datos biológicos](#)) fue una incorporación fundamental para el mejoramiento y sistematización de los análisis. Los términos bioinformática, [biología computacional](#) y, en ocasiones, [biocomputación](#), utilizados en muchas situaciones como [sinónimos](#), hacen referencia a campos de estudios interdisciplinarios muy vinculados, que requieren el uso o el desarrollo de diferentes técnicas que incluyen [informática](#), [matemática aplicada](#), [estadística](#), [ciencias de la computación](#), [inteligencia artificial](#), [química](#) y [bioquímica](#) para solucionar problemas, [analizar datos](#), o [simular sistemas](#) o mecanismos, todos ellos de índole [biológica](#), y usualmente en el nivel molecular. El núcleo principal de estas técnicas se encuentra en la utilización de recursos computacionales para solucionar o investigar problemas sobre escalas de tal magnitud que sobrepasan el discernimiento humano.

Una constante en proyectos de bioinformática y biología computacional es el uso de herramientas matemáticas para extraer [información](#) útil de [datos](#) producidos por técnicas biológicas de alta productividad, como la [secuenciación del genoma](#). La heterogeneidad genética de determinados microorganismos y la diversidad de las secuencias genómicas puede ser examinada mediante el análisis molecular (secuencia de nucleótidos) y bioinformático. A su vez es posible establecer sitios de mutaciones de resistencia a la terapia, sitios claves de ingreso o egreso del microorganismo a la célula huésped, sitios para el diseño de herramientas diagnósticas (específicos, genéricos, filogenia), sitios blanco altamente conservados para inducir respuesta celular y humoral confiables para el diseño de vacunas, entre otros.

Más recientemente, las técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS *new generation sequencing*), destinadas a llevar a cabo la secuenciación masiva a gran escala de cualquier ácido nucleico, han revolucionado las estrategias para el estudio del genoma, facilitando la obtención de resultados en menor tiempo. Con NGS se puede secuenciar genomas completos o también profundizar el estudio restringido a ciertas áreas genómicas de interés. Además, esta tecnología moderna de secuenciación, cada vez más accesible, permite realizar metagenómica (definida como el estudio del material genético, obtenido directamente de muestras ambientales), la cual permite el estudio directo de comunidades de microorganismos y sus interacciones en su entorno natural, evitando la necesidad de aislar y cultivar cada



# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022



una de las especies que componen la comunidad. En los últimos años, NGS se ha tornado esencial en áreas de aplicación como la biotecnología, la virología y el diagnóstico médico. En investigación microbiológica, NGS, ha cobrado aún más importancia con el advenimiento de la pandemia de SARS-COV-2, ya que permitió la secuenciación de genomas completos de manera masiva y en tiempo real, posibilitando la identificación rápida de linajes y variantes.

Conocer en profundidad las metodologías moleculares resulta de interés para el estudio de microorganismos y su interacción con los hospedadores y el ambiente. El curso presentado pretende brindar al participante conocimientos básicos de los aspectos relacionados al estudio de variantes genéticas en microbiología, incorporando metodologías moleculares tradicionales y de avanzada. Así mismo, se espera promover la formación técnico-académica de recursos humanos.

## **Objetivos:**

- Brindar conocimientos básicos de los aspectos relacionados al estudio de variantes genéticas en microbiología, incorporando metodologías moleculares tradicionales y de avanzada.
- Aplicar los conocimientos aprendidos en la resolución de problemas diagnósticos, epidemiológicos y en la práctica científica.

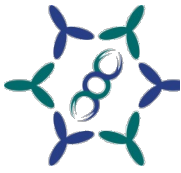
## **Programa Teórico - Práctico**

### **DIA 1 (8/8/2022)**

#### **Teóricos:**

- Amplificación de ácidos nucleicos: diseño y optimización de PCR para el estudio de variantes genéticas. Fundamentos. Técnicas de tipificación post-amplificación. **Dra. Viviana Elizabeth Ré.**
- PCR en tiempo real. **Dra. María Belén Pisano**
- Aplicación de técnicas moleculares para el estudio y tipificación de microorganismos. **Bioq. Esp. Gonzalo Castro y Paola Sicilia.**

**Trabajo Práctico:** Procesamiento y extracción de ARN/ADN a partir de diferentes matrices. Análisis, interpretación y discusión de resultados obtenidos por técnicas de biología molecular. **Dra. M. Belén Pisano, Dra. Gisela Masachessi, Bioq. Guadalupe Di Cola, Biol. Anabella Fantilli.**



# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022



DIA 2  
(9/8/2022)

Teóricos:

- **Secuenciación Sanger. Obtención y análisis de secuencias. Introducción a la bioinformática. Dra. María Belén Pisano.**

Su utilidad como herramienta científica. Diseño de primers y sondas para la implementación de herramientas diagnósticas. Supuestos y limitaciones. Obtención de muestras para la amplificación y secuenciación genómica. Obtención, envío y procesamiento de las muestras. Métodos de Concentración y purificación de ADN. Requerimientos especiales para la secuenciación. Obtención de la información genética. Bases de datos de secuencias: NCBI (GenBank), EMBL, GISAID. Búsquedas de información en las bases de datos. Alineamiento de Secuencias. Formato FASTA. BLAST.

**Trabajo Práctico:** Secuenciación. El TP será realizado en el Laboratorio Central de la Provincia. **Dra. María Belén Pisano, Bioq. Esp. Gonzalo Castro y Paola Sicilia.**

DIA 3 (10/8/2022)

Teóricos:

- **Análisis filogenéticos de secuencias con programas bioinformáticos. Dr. Andrés Culasso.**

**Trabajo Práctico:** Análisis de secuencias con programas bioinformáticos con computadoras. **Dr. Andrés Culasso, Dra. María Belén Pisano, Dra. Gisela Masachessi, Dra. Viviana Ré**

DIA 4 (11/8/2022)

Teórico-práctico:

- **Secuenciación de Nueva Generación (NGS).** 1ra, 2da y 3ra generación de secuenciación. Short reads vs. long reads. Plataformas de secuenciación de 3ra generación. Características relevantes de la plataforma ONT. Plataforma ONT en el contexto de las enfermedades humanas. Plataforma ONT en el contexto de la sanidad vegetal. Fundamentos de las metodologías, preparación de las muestras, utilidad como herramienta científica, beneficios y limitaciones. **Dr. Franco Fernández.**
- **Aplicación de NGS: estudio genómico de SARS-CoV2. Dr. Franco Fernández.**

DIA 5 (12/8/2022)

- **Aplicación de NGS: estudio de composición de microbiota intestinal: experiencia local. Bioq. Néstor Portela.**



# Instituto de Virología "J. M. Vanella"

Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Córdoba  
Ciudad Universitaria  
5000 Córdoba - ARGENTINA  
Tel (54-351) 433-4022



- Aplicación de NGS: estudio de composición de microbiota intestinal en embarazadas. **Dr. Pablo Romagnoli.**
- **Evaluación:** Presentación oral (Power Point de 7-10 min) de un proyecto basado en la aplicación de las estrategias moleculares aprendidas durante el curso. Los alumnos podrán trabajar sobre la base de los modelos de sus respectivos proyectos o de algún modelo a elección. La evaluación será aprobada con nota mayor a 7 en una escala de 1 a 10.

## **BASES**

Destinatarios: Médicos, Bioquímicos, Veterinarios, Biólogos y todos los profesionales del área de la salud interesados en la aplicación de metodología molecular en microbiología.

Cupo máximo: 15 estudiantes.

Los interesados podrán realizar la preinscripción hasta el día 16 de julio del 2022 inclusive y recibirán la comunicación de su aceptación el 18 de julio del 2022.

Se solicita enviar la manifestación de interés junto a una descripción de los antecedentes del postulante o un CV no mayor de 3 páginas y las razones por las que desea hacer el curso a:

mbelenpisano@gmail.com, [vivianare@fcm.unc.edu.ar](mailto:vivianare@fcm.unc.edu.ar).

El costo del curso es de \$15000, a ser abonado en 3 cuotas (\$1800 inscripción en Secretaría de Graduados de la Facultad de Cs. Médicas + \$13200 costo del curso, a ser abonado en 3 cuotas de \$4400).