



Vigilancia genómica de virus relevantes para Una Salud mediante secuenciación de nueva generación

Fecha de inicio: 20 de mayo de 2026

Fecha de finalización: 8 de junio de 2026

Lunes, miércoles y viernes de 14 a 19 hs

- **Docentes Responsables:** Dres. Ana Marandino, Gonzalo Tomás y Claudia Techera
- **Docentes participantes:** Dres. Lucía Calleros, Yanina Panzera, Ruben Pérez
- **Estudiantes de posgrado colaboradores:** Maila Barcellos, Sofía Grecco, Joaquín Williman y Josefina Escardo.

PROGRAMA

Objetivo:

Transferir a los participantes estrategias metodológicas actualizadas para el estudio genómico de virus mediante secuenciación masiva (NGS). El curso se focaliza en virus relevantes para el enfoque Una Salud, tales como el virus de la influenza aviar, el virus de la encefalitis equina del Oeste y SARS-CoV-2.

La capacitación abarca el flujo de trabajo completo, desde el tratamiento de la muestra y la preparación de librerías, hasta la ejecución de corridas de secuenciación y el análisis bioinformático de los datos generados.

Semana 1

Teoría de los métodos de secuenciación de alto rendimiento

Análisis bioinformático de datos masivos

Día 1, de 14 a 19 hs. Presencial y transmisión por Zoom

Teórico. Secuenciación de ácidos nucleicos (primera y segunda generación).

Teórico. Diferentes estrategias de secuenciación de alto rendimiento aplicada a virus.

Día 2, de 14 a 19 hs. Presencial y transmisión por Zoom

Teórico. Herramientas bioinformáticas para el manejo de datos masivos. Ensamblado, edición y anotación de genomas.

Teórico/Práctico informático. Uso de herramientas bioinformáticas, interfaces gráficas amigables. Ensamblado y anotación de genomas virales.

Día 3, de 14 a 19 hs. Presencial

Práctico informático. Análisis bioinformáticos de datos masivos. Ensamblaje usando secuencias de referencia y de *novó*. Anotación genómica.

Práctico informático. Uso y generación de base de datos virales.

Semanas 2 & 3

Preparación del “input” de ácidos nucleicos y corrida de secuenciación Análisis bioinformático de los datos obtenidos

Día 4, de 14 a 19 hs. Presencial

Práctico Laboratorio. Preparación del input de DNA para la realización de las bibliotecas Illumina utilizando como modelo al virus de Influenza Aviar.

Día 5, de 14 a 19 hs. Presencial

Práctico Laboratorio. Preparación del input de DNA: generación de bibliotecas Illumina.

Día 6, de 14 a 19 hs. Presencial

Práctico Laboratorio. Corrida de secuenciación en la Plataforma Genómica de Facultad de Ciencias (equipo Illumina).

Día 7, de 14 a 19 hs. Presencial y transmisión por Zoom

Teórico. Análisis de los parámetros post-corrida.

Práctico informático. Análisis de los datos de secuencias generados.

Día 8, de 14 a 19 hs. Presencial y transmisión por Zoom

Práctico informático. Análisis de los datos de secuencias generados.

Día 9, de 14 a 19 hs. Presencial y transmisión por Zoom

Seminario: Presentación y discusión de resultados.