



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado **SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS**  
De: **Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

**VISTO:** El proyecto del Curso de Posgrado **SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS**, modalidad virtual, elevado por el Dr. Diego MARCO Director del Instituto de Patología Experimental (IPE);

**CONSIDERANDO:**

Que tiene como objetivos: Proporcionar una sólida comprensión de la Biología Molecular subyacente a las técnicas de NGS; Desarrollar la capacidad de diseñar y ejecutar experimentos de secuenciación para la identificación y tipificación de micropatógenos; y Fomentar la habilidad crítica para analizar, interpretar y aplicar los datos de secuenciación a problemas reales en el campo de la Microbiología y la Parasitología.

Que el mismo se encuadra en el Convenio marco entre CONICET y la Universidad Nacional de Salta según Res. R N° 775/15.

Que cuenta con informe favorable de la Secretaría de Posgrado y Extensión al Medio de la Facultad.

Que la Comisión de Docencia, Investigación y Disciplina en el despacho N° 193-25 aconseja aprobar la realización del mencionado Curso de Posgrado.

**POR ELLO:** y en uso de las atribuciones que le son propias,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD**

(En Sesión Ordinaria N° 12-25 realizada el 12/08/25)

**RESUELVE**

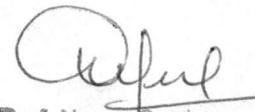
**ARTÍCULO 1°.** – Aprobar la realización del Curso de Posgrado **SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS**, con modalidad virtual, que se realizará durante los meses de septiembre, octubre y noviembre del corriente año, de acuerdo con las especificaciones detalladas en el ANEXO I de la presente.

**ARTÍCULO 2°.** - Publíquese en el Boletín Oficial y comuníquese a: Dr. Diego Marco, Instituto de Patología Experimental, Secretaría de Posgrado, Investigación y Extensión al Medio y siga a la Dirección de Posgrado y Carrera Docente a sus efectos.

HMC.

  
Esp. Paula Cordero Czarnocki  
Sec. Posgrado, Investigación y  
Extensión al Medio  
Fac. de Cs. de la Salud - UNSa



  
Prof. Nancy Cardozo  
Decana  
Fac. de Cs. de la Salud - UNSa



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado **SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS**  
**De: Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

### ANEXO I

#### Proyecto Curso de Posgrado

**Nombre del curso:** "Secuenciación de próxima generación (NGS) aplicada al estudio de micropatógenos"

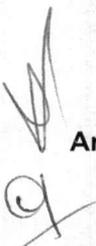
**Comisión Organizadora:** Unidad de Epidemiología Molecular – Instituto de Patología Experimental "Dr. Miguel Ángel Basombrío" – Facultad de Ciencias de la Salud - UNSa

Nombre y Apellido	Rol	DNI	email
Dr. Nicolás Tomasini	Coordinador	30.032.733	biol.nicolas.tomasini@gmail.com
Dra. Noelia Floridia Yapur	Coordinador	34.455.588	narfy89@gmail.com
Dra. Fanny Rusman	Profesor	34.674.310	fannyrusman@gmail.com
Lic. Anahí Díaz	Profesor	35.477.160	anahi1990gd@gmail.com
Lic. Juan José Aguirre	Profesor	35.309.139	juanjo.aguirre9@gmail.com
Lic. Soledad Hodi	Profesor	34.066.435	soledadhodi26@gmail.com

**Fundamentación:** Las enfermedades causadas por micropatógenos impactan significativamente en las sociedades, particularmente en regiones con recursos limitados, afectando la economía y la calidad de vida de las personas. Estas enfermedades contribuyen a la carga socioeconómica global debido a su asociación con la morbilidad, la mortalidad, y la pérdida de productividad. Entre los distintos desafíos para contener el impacto de estas enfermedades se encuentran la detección temprana, el diagnóstico preciso y el tratamiento efectivo. Las tecnologías de Secuenciación de Próxima Generación (NGS) ofrecen soluciones prometedoras debido a su costo cada vez más reducido, permitiendo una identificación rápida y precisa de las especies causantes, favorecen la identificación de nuevas cepas o especies, permiten el estudio y seguimiento de mecanismos de resistencia, lo cual es crucial para la implementación de medidas de control y eliminación. El curso "Secuenciación de Próxima Generación (NGS) Aplicada al Estudio de Micropatógenos" está diseñado en el contexto de una necesidad urgente de innovar en la detección, tipificación y tratamiento de enfermedades causadas por bacterias y parásitos. La tecnología NGS abre nuevas vías para el estudio detallado del genoma y diversidad de estos organismos, promoviendo el desarrollo de métodos diagnósticos avanzados y estrategias de tratamiento más precisas y eficaces.

**Objetivo del curso:** El curso de posgrado "Secuenciación de Próxima Generación (NGS) Aplicada al Estudio de micropatógenos" está diseñado para desarrollar en estudiantes de posgrado y profesionales del área de la biología y las ciencias de la salud las habilidades y conocimientos fundamentales para implementar tecnologías de NGS en la investigación de patógenos. Los objetivos generales del curso son:

- Proporcionar una sólida comprensión de la biología molecular subyacente a las técnicas de NGS,
- Desarrollar la capacidad de diseñar y ejecutar experimentos de secuenciación para la identificación y tipificación de micropatógenos,
- Fomentar la habilidad crítica para analizar, interpretar y aplicar los datos de secuenciación a problemas reales en el campo de la microbiología y la parasitología.

  
Arancel:



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS  
**De: Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

- *Profesionales en ejercicio:* \$140,000
- *Becarios:* \$100,000
- *Extranjeros:* USD 140
- *Estudiantes de grado avanzados:* \$30,000
- *Personal del IPE:* Sin costo.

**Certificado:** Aprobación o asistencia según corresponda.

**Condiciones para certificado de aprobación o de asistencia:** Para recibir el certificado de asistencia se requiere haber resuelto la totalidad de cuestionarios finales de los módulos y un 80% de asistencia a las clases sincrónicas. El certificado de aprobación requiere, además de los requisitos de asistencia, aprobar un examen final con al menos 60% de las respuestas correctas.

Los estudiantes de grado avanzados solo pueden recibir certificados de asistencia.

**Requisitos/conocimientos previos:** Título de grado en carreras afines a la temática (ej. Biología, biotecnología y ciencias de la salud). En el caso de estudiantes de grado avanzados, haber aprobado el 80% de las materias. Conocimientos teóricos básicos de biología molecular (conceptos de ADN, genoma, gen, secuencia, etc). No se requieren conocimientos previos en programación.

**Cupo mínimo de participantes:** 10 personas.

**Modalidad de Trabajo:** El curso se desarrollará íntegramente en modalidad virtual y consta de 6 módulos a ser desarrollados a lo largo de 6 semanas y 2 semanas adicionales para la realización del examen final. Se utilizará un enfoque de aula invertida para maximizar la interacción y el aprendizaje activo de los participantes. La modalidad de aula invertida permitirá que los participantes lleguen a las sesiones sincrónicas con un conocimiento previo suficiente para participar activamente en discusiones y actividades más avanzadas. Este enfoque fomentará el pensamiento crítico y la aplicación práctica de los conocimientos adquiridos.

**Actividades Asincrónicas:** Las actividades asincrónicas estarán diseñadas para que los participantes puedan avanzar a su propio ritmo y comprender los conceptos fundamentales necesarios para las sesiones sincrónicas. Estas actividades estarán desarrolladas en la plataforma Moodle. Estas actividades incluirán:

- **Videos interactivos:** Grabaciones de alta calidad en formato HTML5 que presentarán los temas teóricos esenciales. Estos videos incluirán interacciones, preguntas y ejercicios integrados para facilitar la comprensión y retención de la información.
- **Guías escritas:** Documentos detallados que acompañarán a los videos, proporcionando ejemplos prácticos y pasos a seguir para realizar actividades en plataformas de análisis como Galaxy, Google Colab y otras.
- **Tareas prácticas:** Ejercicios diseñados para aplicar los conocimientos teóricos adquiridos, utilizando datos reales y herramientas bioinformáticas. Los participantes resolverán problemas y completarán actividades que serán evaluadas para asegurar su comprensión.
- **Foros de ayuda y discusión:** Los foros serán una herramienta para ayudar a resolver dudas y de apoyo entre pares.
- **Cuestionarios de finalización de módulo:** De múltiple opción, con retroalimentación y más de un intento constituyen una instancia de evaluación formativa para el alumno que le permite autoevaluarse



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS  
**De: Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

en su progreso en el curso.

**Actividades Sincrónicas :** Las actividades sincrónicas se llevarán a cabo semanalmente mediante videoconferencias en la plataforma Zoom , donde se realizará:

- **Análisis de Resultados:** Discusión y análisis de los resultados obtenidos en las actividades prácticas asincrónicas. Los participantes presentarán sus hallazgos y recibirán retroalimentación del equipo docente.
- **Sesiones de Preguntas y Respuestas:** Espacios dedicados a resolver dudas y profundizar en temas específicos a solicitud de los participantes.
- **Debates y Discusiones:** Intercambio de ideas y reflexiones sobre los análisis realizados y sus fortalezas y posibles puntos débiles, promoviendo un aprendizaje colaborativo y crítico.

**Carga horaria:** 80 horas de teórica y práctica virtual distribuidos en 40 horas de carga sincrónica y 40 horas asincrónicas.

### **Contenidos/Módulos**

#### **Módulo 1. Introducción al Curso.**

El papel de la NGS en la investigación moderna de microorganismos patógenos. Introducción a la secuenciación de nueva generación. Bases de datos de secuencias. Introducción a plataformas de análisis utilizadas en el curso: Galaxy, Google Colab y Qiita.

#### **Módulo 2. Fundamentos de biología molecular.**

Principios de la extracción de ADN en cultivos y muestras biológicas. Diferentes métodos de extracción utilizados para NGS. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Fundamentos y aplicaciones para el estudio de patógenos. Puesta a punto de la PCR. Diseño de cebadores. Secuenciación de Sanger.

#### **Módulo 3. Tecnologías de Secuenciación de Próxima Generación.**

Fundamentos y aspectos generales de las diferentes estrategias de secuenciación de próxima generación. Comparación técnica entre Illumina y Nanopore: Ventajas y limitaciones de cada plataforma. Consideraciones para la selección de la tecnología en proyectos de estudio de patógenos. Kits y Equipos: Descripción y selección de kits y equipos de Illumina y Nanopore. Multiplexación: Técnicas de multiplexación en NGS. Formatos de archivo, calidad de bases. Servicios de Secuenciación Externos: Estrategias y logística para el envío de muestras.

#### **Módulo 4. Amplicon sequencing y tipificación de micropatógenos mediante genes ribosomales.**

Fundamentos del *amplicon sequencing*. Aplicaciones generales. Amplicon sequencing del gen 16s en bacterias. *Amplicon sequencing* del gen 18s en eucariotas. Selección de pares de cebadores. Construcción de Bibliotecas para Illumina y Nanopore. Análisis de costos de secuenciación y determinación del número de lecturas a secuenciar. Pre-procesamiento de datos: *trimming*, filtrado, *merge*, *denoising*, *clustering*. Análisis específicos: estudio de la diversidad alfa y beta, y herramientas de asignación taxonómica. Análisis estadístico. Uso de Qiime en Google Colab y en otras plataformas.

#### **Módulo 5. Identificación de linajes y especies de tripanosomátidos mediante Amplicon Sequencing.**



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS  
**De: Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

Características generales de los tripanosomátidos. Tipificación. Características de la mitocondria. Estructura del kinetoplasto. Maxicírculos y minicírculos. Tipificación de parásitos utilizando mHVRs. Construcción de bibliotecas de amplicón. Uso de Google colab para identificar linajes de *Trypanosoma cruzi* mediante secuenciación profunda de mHVRs.

**Módulo 6. Ensamblado de genomas.**

Estrategias de ensamblado: contra referencia y *de novo*. Ensamblado de lecturas cortas, largas y estrategias híbridas. Pulido de ensamblado. Evaluación de calidad de ensamblado. Mapeo de lecturas. Llamado de variantes. Determinación de ploidía. Anotación automatizada.

**Programa/Cronograma**

Semana	Contenido
22 al 27 de septiembre de 2025	Módulo 1 y 2
29 de septiembre al 4 de octubre de 2025	Módulo 3
6 al 11 de octubre de 2025	Módulo 4 Parte I
13 al 18 de octubre de 2025	Módulo 4 Parte II
20 al 25 de octubre de 2025	Módulo 5
27 de octubre al 1 noviembre de 2025	Módulo 6
<b>Fecha límite para examen final: 15 de noviembre de 2025</b>	

**Presupuesto:**

El arancel se factura a través del sistema de STAN de CONICET. El monto de cada inscripción se distribuye de la siguiente manera:

5% Fundación INNOVA-T (encargada de la facturación)

5% CONICET

5% Universidad Nacional de Salta

85% Instituto de Patología Experimental "Dr. Miguel A. Basombrío" (IPE). \*

\* Los docentes no cobran por el dictado de curso. El total de lo recaudado por el IPE es destinado a gastos de funcionamiento y financiar líneas de investigación.

**Bibliografía (a modo de referencia, puede modificarse en el dictado)**

Bharti, R., & Grimm, D. G. (2021). Current challenges and best-practice protocols for microbiome analysis. *Briefings in Bioinformatics*, 22(1), 178–193. <https://doi.org/10.1093/bib/bbz155>

Cannon, M. V., Bogale, H., Rutt, L., Humphrys, M., Korpe, P., Duggal, P., Ravel, J., & Serre, D. (2018). A high-throughput sequencing assay to comprehensively detect and characterize unicellular eukaryotes and



Resolución de Consejo Directivo **464 / 2025 - SAL -UNSa**  
Expte. N° 439 / 2025 - SAL -UNSa - Aprobar la realización del Curso de  
Posgrado SECUENCIACIÓN DE PRÓXIMA GENERACIÓN (NGS) APLICADA  
AL ESTUDIO DE MICROPATÓGENOS  
**De: Salud - Dpto. Posgrado**



Salta,  
29/08/2025

helminths from biological and environmental samples. *Microbiome*, 6(1), 195. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0581-6>

Edward, P., & Handel, A. S. (2021). Metagenomic Next-Generation Sequencing for Infectious Disease Diagnosis: A Review of the Literature With a Focus on Pediatrics. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society*, 10(Supplement\_4), S71–S77. <https://doi.org/10.1093/jpids/piab104>

Florida-Yapur, N., Rusman, F., Diosque, P., & Tomasini, N. (2021). Genome data vs MLST for exploring intraspecific evolutionary history in bacteria: Much is not always better. *Infection, Genetics and Evolution*, 93, 104990. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104990>

Kulski, J. K. (Ed.). (2016). Next Generation Sequencing - Advances, Applications and Challenges. InTech. doi: 10.5772/60489.

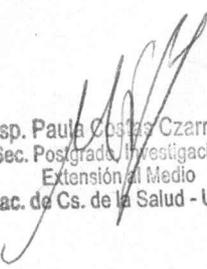
Liu, Y.-X., Qin, Y., Chen, T., Lu, M., Qian, X., Guo, X., & Bai, Y. (2021). A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. *Protein & Cell*, 12(5), 315–330. <https://doi.org/10.1007/s13238-020-00724-8>

Nafea, A. M., Wang, Y., Wang, D., Salama, A. M., Aziz, M. A., Xu, S., & Tong, Y. (2023). Application of next-generation sequencing to identify different pathogens. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1329330. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1329330>

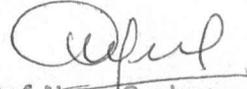
Notario, E., Visci, G., Fosso, B., Gissi, C., Tanaskovic, N., Rescigno, M., Marzano, M., & Pesole, G. (2023). Amplicon-Based Microbiome Profiling: From Second- to Third-Generation Sequencing for Higher Taxonomic Resolution. *Genes*, 14(8). <https://doi.org/10.3390/genes14081567>

Rusman, F., Díaz, A. G., Ponce, T., Florida-Yapur, N., Barnabé, C., Diosque, P., & Tomasini, N. (2023). Wide reference databases for typing *Trypanosoma cruzi* based on amplicon sequencing of the minicircle hypervariable region. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 17(11), e0011764. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011764>.

HMC.

  
Esp. Paula Costas Czarnecki  
Sec. Posgrado, Investigación y  
Extensión al Medio  
Fac. de Cs. de la Salud - UNSa



  
Prof. Nancy Cardozo  
Decana  
Fac. de Cs. de la Salud - UNSa