



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2025-02562038- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión
21/07/2025

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Secuenciación de 3ra Generación: Taller de Análisis de Datos** para el año 2025,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 21 de julio de 2025,,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES**

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1°: Aprobar el nuevo curso de posgrado **Secuenciación de 3ra Generación: Taller de Análisis de Datos** de 24 horas de duración, que será dictado por la Dra. Liliana Dain, con la colaboración de los Dres. Laura Kamenetzky, María Sol Ruiz, Ezequiel Petrillo y Matías Blaustein.

ARTÍCULO 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **Secuenciación de 3ra Generación: Taller de Análisis de Datos** que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado durante el invierno de 2025.

ARTÍCULO 3°: Aprobar un puntaje máximo de un (1) punto para la Carrera de Doctorado.

ARTÍCULO 4°: Establecer un arancel de **CATEGORÍA MEDIA**, estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N.º 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 5°: Disponer que, de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6°: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase a FISILOGIA#FCEN y resérvese.

ANEXO

PROGRAMA

Descripción general del curso:

En este curso se abordan los fundamentos de la tecnología de secuenciación de 3ra generación, particularmente la secuenciación de moléculas largas, con especial hincapié en el análisis bioinformático de este tipo de datos, y en las diversas aplicaciones en distintos campos: salud humana, conservación de la biodiversidad, vigilancia epidemiológica, identificación de patógenos, entre otros. Para ello la parte teórica consistirá en clases impartidas por investigadores expertos en los distintos temas, mientras que la parte práctica consistirá en clases de análisis de datos de secuenciación en computadoras. Adicionalmente se realizarán sesiones de pósters en la que los participantes podrán exponer sus resultados de investigación, las cuales serán consideradas como parte de las actividades prácticas del curso. El objetivo del curso es el aprendizaje por parte de los estudiantes de nuevas técnicas y contenidos relacionados al uso de esta tecnología, identificar limitaciones y alcances en su implementación, y proveer una capacitación en el análisis bioinformático de datos.

Audiencia a quien está dirigido el curso:

Estudiantes de doctorado de la FCEN y externos, e investigadores del ámbito académico y profesional de las áreas de biología molecular, genética, biotecnología y bioinformática.

Cronograma del curso (Docente a cargo):

Clase 1: Genómica y Metagenómica (Laura Kamenetzky y Profesor invitado Jeremy Wang).

Clase 2: Transcriptómica (Ezequiel Petrillo, María Sol Ruiz y Profesor invitado Jeremy Wang).

Clase 3: Epigenética y Epitranscriptómica (Ezequiel Petrillo, Profesora invitada Veronica Arana, Profesor invitado Lucas Di Siervi).

Clase 4: Aplicaciones en diagnóstico molecular y vigilancia epidemiológica (Liliana Dain, Profesora invitada Mariana Viegas) + Examen.

Detalle de los contenidos y organización del curso:

Clase 1: Genómica y Metagenómica. Introducción a la tecnología de secuenciación de tercera generación, aplicaciones generales. Genómica aplicada a la identificación de patógenos animales y bacterias patogénicas. Metagenómica para el estudio de

comunidades microbianas en distintos ecosistemas.

Clase 2: Transcriptómica. Secuenciación de ADNc vs. ARN nativo. Aplicación para el diagnóstico y clasificación molecular en oncología. Diseño de clasificadores basados en datos transcriptómicos. Estudio de la diversidad transcripcional en plantas modelo y plantas nativas y su respuesta a factores ambientales.

Clase 3: Epigenética y Epitranscriptómica. Secuenciación de ADN y ARN nativo para la identificación de modificaciones epigenéticas y epitranscriptómicas. Aplicación de la epigenética para el estudio de las bases moleculares de la respuesta de especies vegetales a cambios en el ambiente. Dinámica del transcriptoma a través del estudio de modificaciones post-transcripcionales.

Clase 4: Aplicaciones en diagnóstico molecular y vigilancia epidemiológica. Vigilancia genómica de virus con impacto en salud pública. Diagnóstico de enfermedades genéticas. Comparación entre tecnologías de secuenciación masiva de 2da generación y secuenciación de moléculas largas: limitaciones y potencial de cada estrategia.

Nota final: Examen virtual multiple choice.

BIBLIOGRAFIA

Ament, I. H., DeBruyne, N., Wang, F. & Lin, L. Long-read RNA sequencing: A transformative technology for exploring transcriptome complexity in human diseases. *Mol. Ther.* 33, 883–894 (2025).

Lucas M. C., Novoa, E.M. Long-read sequencing in the era of epigenomics and epitranscriptomics. *Nat Methods.* 20(1):25-29 (2023)

Liu, L., Yang, Y., Deng, Y., Zhang, T. Nanopore long-read-only metagenomics enables complete and high-quality genome reconstruction from mock and complex metagenomes. *Microbiome* 10:209 (2022)

Zerpa-Catanho, D., Zhang, X., Song, J. et al. Ultra-long DNA molecule isolation from plant nuclei for ultra-long read genome sequencing. *STAR Protocols* 2, 100343 (2021).

Wang, J., Bhakta, N., et al. Acute Leukemia Classification Using Transcriptional Profiles From Low-Cost Nanopore mRNA Sequencing. *JCO Precis Oncol.* 6:e2100326 (2022).

