

Curso de Doctorado: Curso de Introducción a la Metagenómica

Unidad Académica organizadora:

- Doctorado en Ciencias Biológicas

Responsable Académico:

- Dra. Estela Cecilia Mlewski

Temario a Desarrollar (resumen)

Este curso ofrecerá una visión integral de los enfoques metagenómicos para estudiar comunidades microbianas, abordando la secuenciación de metagenomas con tecnologías avanzadas y su análisis mediante métodos bioinformáticos. Los participantes aprenderán a procesar y analizar conjuntos de datos metagenómicos, con énfasis en amplicones, desde las secuencias crudas hasta la aplicación de algoritmos. A través de ejercicios prácticos y discusiones sobre diseño experimental, podrán consolidar y aplicar sus conocimientos. En resumen, el curso abarca todo el proceso, desde la preparación de muestras hasta el análisis de datos *in silico*.

Objetivos del curso

El curso tiene como objetivo proporcionar una formación integral en metagenómica, cubriendo tanto los aspectos teóricos como prácticos. Los estudiantes desarrollarán habilidades básicas de bioinformática, metabarcoding, interpretación de resultados y extrapolación a sus investigaciones.

Contenidos mínimos

Las clases incluirán contenido esencial, como la recolección de muestras, diseño experimental, extracción de ADN, descripción de construcción de bibliotecas y descripción de diferentes tecnologías y estrategias de secuenciación. La parte práctica se centrará en adquirir habilidades bioinformáticas dirigidas al procesamiento de datos utilizando el programa QIIME2, interpretación de resultados taxonómicos y funcionales.

Resumen de contenidos:

1. Módulo teórico:

- Recolección de muestras y diseño experimental. Métodos de extracción de ADN y sesgos. Preparación y estandarización de bibliotecas.
- Tecnologías de secuenciación y su impacto en la ecología microbiana (ejemplo de casos).
 - Biodiversidad en diversos ambientes (extremos, agro-industriales, aguas, aire).
 - Microbiomas y su potencial biotecnológico
 - Estrategias de secuenciación: metabarcoding, metagenómica (Whole Genome and Shotgun Sequencing) y metatranscriptómica.
 - Introducción al procesamiento de datos: curación, ensamblaje y anotación de Genomas Microbianos Ensamblados (MAGs).

2. Módulo práctico:

- Conceptos básicos de informática, incluyendo el trabajo local o en la nube. Línea de comandos utilizando el sistema operativo Linux.
- Análisis de un conjunto de datos de amplicones a partir de datos crudos de comunidades microbianas utilizando QIIME2. Se cubrirán todos los pasos básicos,

incluyendo asignación taxonómica, análisis de diversidad alfa y beta, y métodos estadísticos para evaluar los resultados, inferencia de metabolismos.

- Recursos alternativos en línea para el análisis de secuencias de amplicones.

Nombre de el/los disertante/s (se adjuntan CVs reducidos)

Profesores locales

- Dra. Cecilia Mlewski (Investigadora Adjunta, IMBIV-CONICET, CERNAR-UNC)
- Dr. Daniel Kurth (Investigador Adjunto, PROIMI-CONICET)
- Dr. Luis Saona (Estudiante Postdoctoral, USACH-CONICYT)
- Dr. Martín Espariz (Investigador Independiente, UNR)

Profesores invitados:

- Biol. Micaela Gallinger (Becaria Doctoral, IMBIV-CONICET, CERNAR-UNC)
- Biol. Natalia Domig (Bióloga, CERNAR-UNC)

Destinatarios de la actividad

Este curso está dirigido a estudiantes del doctorado en Ciencias Biológicas y afines con interés en la aplicación de tecnologías de secuenciación en sus proyectos. No se requiere experiencia previa. Cada alumno deberá traer su propia computadora.

Fecha de realización

- Del 23 al 27 de Junio de 2025

Duración y programa de actividad diaria

- Duración: 40 hs.

Metodología a utilizar en el dictado

Clases teóricas y prácticas con uso intensivo de computadoras.

Este curso está dirigido a estudiantes de posgrado interesados en aplicar tecnologías de secuenciación en sus proyectos. Aparte de los conocimientos básicos de microbiología y ecología (dependiendo el caso), no se requiere experiencia previa. El curso permitirá adquirir habilidades básicas en informática y conocimientos teóricos para comenzar a trabajar en el análisis de datos de secuencias. Se espera que los estudiantes lleven sus computadoras portátiles para las sesiones prácticas.

Referencias

1- Almirón, C., Petitti, T. D. Ponso, M.A., Romero, A.M., Areco, V.A., Bianco, M.I., Espariz, M.*, Pablo Marcelo Yaryura*. "Functional and genomic analyses of plant growth promoting traits in *Priestia aryabhattai* and *Paenibacillus* sp. isolates from tomato rhizosphere". *Sci Rep* 15, 3498 (2025). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-87390-0>

2- Matías R Migueletti, Julieta García Rey, Josefina Micheloni, Camila Lomanto, Elisa Martelli, Gastón Sánchez, Julián M Colombo, Luciano M Vallecillo,

Francisco Lamagni, Tomás Giusti, Fabrina Acosta, Franco Villagrán, Martín Gvozdenovich, Abril Pricco Frakich, Tulio Pianesi, Gonzalo Tulin, Florencia C Mascali, Tomás D Petitti, Mariano A Torres Manno, Corina M Fusari, Laura Buttigliero, María Florencia Giordana, Hugo Gramajo, Lautaro Diacovich*, Martín Espariz*, María Alejandra Mussi*. "Complete genome sequence of the *Microbacterium foliorum* bacteriophage Garey24". *Microbiol Resour Announc.* (2024); e0121523. doi: 10.1128/mra.01215-23

3- Kurth D, Elias D, Rasuk MC, Contreras M, Farías ME (2021) Carbon fixation and rhodopsin systems in microbial mats from hypersaline lakes Brava and Tebenquiche, Salar de Atacama, Chile. *PLoS ONE* 16(2): e0246656. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246656>

4- Enrique R, Kurth D, Ibarra-Laclette E, Noguera A, Welin B, Castagnaro AP. Identification of transgene flanking sequences in a pre-market safety assessed sugarcane in Argentina. *Crop Breed Appl Biotechnol.* 2021; 21:e36862133. doi:10.1590/1984-70332021v21n2a42

5- Exploring Soil Bacterial Diversity in Relation to Edaphic Physicochemical Properties of High-altitude Wetlands from Argentine Puna. Mlewski, E. C., Saona, L. A., Boidi, F. J., Chiappero, M. F., Vaieretti, M. V., Soria, M., Farías, M. E., Izquierdo, A. E. (2024). *Microbial Ecology*, 87(1), 6.

6-High ectomycorrhizal relative abundance during winter at the treeline. Saona, L.A., Oporto C.I., Villarreal, P., Urbina K., Correa C., Quintero-Galvis J.F., Moreno-Meynard P., Piper F., Vianna J.A., Nespolo R.F., and Cubillos F.A. (2025). *ISME Comm*, <https://doi.org/10.1093/ismeco/ycaf010>.

7- "Phosphate-Arsenic Interactions in Halophilic Microorganisms of the Microbial Mat from Laguna Tebenquiche: from the Microenvironment to the Genomes". Saona L.A., Soria M., Durán-Toro V., Wörmer L., Milucka J., Castro-Nallar E., Meneses C., Contreras M., Farias M.E. (2021) *Microb Ecol* 81, 941–953.

8- Barbero MF, Dominchin MF, Verdenelli RA, Frasier I, Restovich SV, Campilongo Mancilla EJ, Mlewski EC, Labuckas D, Vargas Gil S, Meriles JM. (2024) Impact of land use changes on soil chemical properties, enzyme activities and microbial communities in two contrasting localities of the Argentinian Pampas. *Applied Soil Ecology*.

9- Douglas GM, Maffei VJ, Zaneveld JR, Yurgel SN, Brown JR, Taylor CM, Huttenhower C, Langille MGI. PICRUSt2 for prediction of metagenome functions. *Nat Biotechnol.* 2020 Jun;38(6):685-688. doi: 10.1038/s41587-020-0548-6.

Páginas web

Evaluación final, metodología y profesores propuestos para realizarla

- **Evaluación:** SI

La evaluación final del curso consistirá en la presentación de un trabajo final por escrito, que cada estudiante deberá defender oralmente en modalidad virtual, diez días después de finalizado el dictado del curso. Este trabajo podrá ser realizado en forma grupal (grupos de hasta 2-3 estudiantes) pero será evaluado de forma individual.

- **Aranceles:** \$ 65.000 estudiantes externos.
\$ 52.000 estudiantes de la Carrera de Doctorado en Ciencias Biológicas de la FCEFyN, UNC).
- **Cupo:** 10 alumnos mínimo; 20 máximo.

Presupuesto estimativo y prioridades para la asignación de recursos (puede variar según fecha de realización de curso e índice de inflación)

Reconocimiento de gastos:

- Fotocopias (x 200): \$ 20.000
 - Resma papel A4 (x2): \$ 14.895
 - Toner Impresora HP LaserJet MFP M130fw (x1): \$ 25.000
 - Baterías AAA (x2) para puntero láser: \$ 5.000
 - Marcadores para pizarra blanca (x 8): \$ 10.500

 - Pasaje ida del Dr. Kurth y Dr. Espariz : \$ 120.000
 - Pasaje vuelta del Kurth y Dr. Espariz : \$ 120.000
 - Estadía \$ 140000 (23 a 27 – 4 noches)
- Honorarios: a convenir con el Doctorado

TOTAL APROXIMADO: \$ 33000

Entidad que operará como unidad ejecutora de recursos

- Doctorado en Ciencias Biológicas