
Curso presencial organizado por la RED Latinoamericana STEC/SUH
Programa preliminar

Herramientas de genómica, de biología celular y estructural y del diseño racional de fármacos para el diagnóstico y la prevención de las infecciones por *E.coli* diarreogénico de transmisión alimentaria.

Coordinadoras: Isabel Chinen, Rosa Guillén, Cristina Ibarra

Lugar: Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, UNA, Paraguay

Dirigido a: estudiantes de grado, maestría, doctorado y profesionales de la salud

Fecha: 3 al 5 de agosto 2026

El curso abordará distintos aspectos del estudio genómico aplicado a la caracterización de *E. coli* diarreogénico de transmisión alimentaria, mediante el uso de secuenciación y el análisis bioinformático de genomas completos. Asimismo, explorará el desarrollo de estrategias de prevención basadas en la biología estructural de la toxina Shiga incluyendo el diseño racional de moléculas con actividad anti-toxina para prevenir el Síndrome Urémico Hemolítico (SUH). Finalmente, analizará modelos celulares para el estudio de los mecanismos de virulencia de estas cepas y la resolución de un caso clínico de SUH mediante técnicas de biología celular y molecular.

3 de agosto

8:00 – 8:30. Acreditación

8:30-9:00 Apertura del Evento. Autoridades de IICS-UNA. Autoridades de OPS

Estación 1: GENÓMICA APLICADA A LA CARACTERIZACIÓN DE *E. coli* DIARREIGÉNICO

9:00 – 10:00

Genoma bacteriano de *E coli* - Clasificación de las distintas categorías y ventajas de la secuenciación

10:00 – 10:30 Café

10:30 – 13:00

Introducción y fundamentos de la tecnología Oxford Nanopore
Configuración del equipo.

13:00 – 14:00 Almuerzo

14:00 – 17:30 Prácticas de laboratorio

Preparación de bibliotecas
Cebado y carga de la celda de flujo – MK1B
Configuración de la ejecución – MinKnow

17:30 – 18:00 Café

Estación 2: RESPUESTA FISIOPATOLÓGICA EN EL SUH ASOCIADO A INFECCIONES POR *E. coli* PRODUCTOR DE TOXINA SHIGA

9:00 – 10:00

Situación del SUH en América Latina. Fisiopatología intestinal por infecciones con STEC.

10:00 – 10:30 Café

10:30 – 13:00

Fisiopatología renal por infecciones por STEC: de la lesión renal aguda en pacientes con SUH y su evolución a la cronicidad.

Fisiopatología renal en modelos experimentales en cultivos primarios renales y en animales de experimentación

13:00 – 14:00 Almuerzo

14:00 – 17:00 Prácticas de laboratorio

Análisis de un caso clínico de SUH
Observaciones en microscopio óptico de preparados histológicos renales e intestinales (teñidos con PAS o Tricrómico de Mason) de animales inoculados con Stx2.
Cuestionario sobre el caso clínico y para el registro de las observaciones histológicas.
Trabajo de evaluación de los resultados.

17:00 – 17:30 Café

4 de agosto

Estación 1: GENÓMICA APLICADA A LA CARACTERIZACIÓN DE *E. coli* DIARREIGÉNICO

9:00 – 10:30

Formatos de archivos. Análisis en base a plataformas en línea (online).

10:30 – 11:00 Café

11:00 – 13:00

Calidad y ensamble

Identificación de las distintas categorías

Caracterización completa: serotipificación, genes de virulencia y resistencia, plásmidos y MLST.

Anotación

Análisis de brotes

13:00 – 14:00 Almuerzo

14:00 – 18:00 Prácticas de BIOINFORMÁTICA aplicada al análisis de genomas completos

Métricas de calidad

Ensamble y calidad de la secuencia ensamblada

Caracterización completa: serotipificación, genes de virulencia y resistencia, plásmidos y MLST

Anotación

18:00 – 18:30 Café

Estación 2: LA BIOLOGÍA ESTRUCTURAL DE TOXINA SHIGA Y EL DISEÑO DE MOLÉCULAS CON ACTIVIDAD ANTITOXINA. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO

9:00 – 10:00

Introducción al análisis bioinformático de proteínas bacterianas: relación entre la Biología Estructural de proteínas y el diseño racional de fármacos. Moléculas pequeñas con actividad anti-toxina Shiga.

10:30 – 11:00 Café

11:00 – 13:00

1) Manejo de bases de datos de estructuras de proteínas. Diferencias entre las bases de datos de estructuras proteicas experimentales (*Protein Data Bank*) y de estructuras proteicas predichas (Ej: *AlphaFold Protein Structure Database*, *SWISS-MODEL Repository*)

2) El uso de softwares libres en el análisis estructural de proteínas: i- búsqueda y reconocimiento de blancos proteicos en la toxina Shiga de tipo 2 (Stx2); ii- *docking* molecular “proteína-ligando”; iii- un acercamiento a la Dinámica Molecular de proteínas y de complejos proteína-ligando.

13:00 – 14:00 Almuerzo

14:00 - 18:00 Trabajo Práctico:

Uso de bases de datos de proteínas (Protein Data Bank) y de herramientas bioinformáticas disponibles para el hallazgo y/o diseño de moléculas drogables (softwares libres), su manejo y utilización para la búsqueda y reconocimiento de *bolsillos drogables* en las toxinas Shiga.

Evaluación y análisis de interacciones moleculares y energías de unión entre Stx2 y ligandos pasibles de funcionar como fármacos.

Reposicionamiento de drogas que muestran actividad anti Stx2.

5 de agosto

Estación 1: GENÓMICA APLICADA A LA CARACTERIZACIÓN DE *E. coli* DIARREIGÉNICO

9:00 – 13:00 Prácticas de BIOINFORMÁTICA aplicada al análisis de genomas completos

Continuación práctica del día anterior: caracterización completa y anotación

Análisis de brotes.

Trabajo de evaluación de los resultados.

Estación 2: LA BIOLOGÍA ESTRUCTURAL DE TOXINA SHIGA Y EL DISEÑO DE MOLÉCULAS CON ACTIVIDAD ANTITOXINA. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO

9:00 – 13:00

Trabajo práctico guiado: Las herramientas bioinformáticas aplicadas al hallazgo y/o diseño de moléculas drogables y al reposicionamiento de fármacos que muestran actividad anti-Stx2

Continuación de la Práctica guiada del día anterior

Evaluación del grupo de alumnos mediante el diseño de un “Flujo de trabajo” aplicando las bases de datos y softwares aprendidos durante el curso (PDB, ZINC, ChimeraX, PockDrug, AutoDock Vina etc).

13:00 – 14:00 Almuerzo

Estación 1 y 2:

14:00 – 15:00 Conclusiones y Entrega de certificados

15:00 – 15:30 Café

15:30 – 17:00 Reunión de la RED STEC/SUH. Programa CYTED

Docentes

Elizabeth Miliwebsky, Claudia Carbonari, Cynthia Maiztegui, Chintya Díaz, Fátima Rodríguez, Magali Martínez, Roxana Toriano, Elsa Zotta, Claudia Silberstein, Federico Ochoa, Daiana Gioia, Isabel Chinen, Rosa Guillén, Cristina Ibarra.