



Inmunoterapia en cáncer y Medicina de Precisión: Herramientas Computacionales Aplicadas al Análisis “Omico” de Células Individuales

Organizadores

Dr. Mariana Maccioni. FCQ-UNC.

Departamento de Bioquímica Clínica

Facultad de Ciencias Químicas. CIBICI-CONICET.

Universidad Nacional de Córdoba.

Haya de la Torre y Medina Allende. Ciudad Universitaria. Córdoba. Argentina

<https://cibici.conicet.gov.ar/inmunologia-laboratorio-de-inmunologia-humana-y-traslacional/>

https://scholar.google.com/citations?user=Za6Fq_YAAAAJ&hl=es

e-mail: mariana.maccioni@unc.edu.ar

Dr. Nicolás Gonzalo Nuñez

Departamento de Bioquímica Clínica

Facultad de Ciencias Químicas. CIBICI-CONICET.

Universidad Nacional de Córdoba.

Haya de la Torre y Medina Allende. Ciudad Universitaria. Córdoba. Argentina

<https://cibici.conicet.gov.ar/inmunologia-laboratorio-de-inmunologia-humana-y-traslacional/>

e-mail: nicolas.nunez@unc.edu.ar

Docentes Invitados

Dr. Burkhard Becher

University of Zurich, Institute of Experimental Immunology

Winterthurer Strasse 190, CH-8057 Zürich, Suiza

<http://www.immunology.uzh.ch>

<https://scholar.google.com/citations?user=zVJVxScAAAAJ&hl=en>

e-mail: becher@immunology.uzh.ch

Dra. Eliane Piaggio

Director of INSERM unit

Translational Immunotherapy

U932.Immunity and Cancer

Institut Curie

26 rue d'Ulm

75248 Paris cedex 05 - France

Tel.+33 (0)1 56 24 55 00

<https://institut-curie.org/team/piaggio>

e-mail: eliane.piaggio@curie.fr



Dra. Jimena Tosello

Institut Mondor de Recherche Biomedical

IMRB - Inserm U955

Faculté de Médecine de Créteil

8 rue du Général Sarrail

94010 Créteil cedex

[institutmondor@inserm.fr](mailto:jimena.tosello-boari@inserm.fr)

<https://scholar.google.com/citations?user=No4V1FkAAAAJ&hl=es>

e-mail: jimena.tosello-boari@inserm.fr

Dr. Rodrigo Nalio Ramos, MSc. PhD.

Young Leader Investigator

Service of Hematology, Faculty of Medicine,

University of São Paulo, Brazil D'Or Institute for Research and Education,

São Paulo, Brazil

https://en.idor.org/post_scientists/rodrigo-nalio-ramos/

<https://scholar.google.com/citations?hl=es&user=Nezcz7EAAAAJ>

e-mail: rodrigo.nalio@hc.fm.usp.br

Dr. Helder Nakaya, Ph.D.

Associate Professor

School of Pharmaceutical Sciences

University of São Paulo, Brazil

Head of [Computational Systems Biology Laboratory](#)

<https://www.csbiology.org/team/HelderNakaya>

<https://scholar.google.com/citations?user=eywDYbcAAAAJ&hl=en>

e-mail: hnakaya@usp.br

Objetivo General:

Este curso tiene como objetivo integrar los fundamentos biológicos y clínicos de la inmunoterapia en cáncer con las herramientas *ómicas* y computacionales que están transformando la medicina de precisión. Se abordarán los principios inmunológicos del cáncer, los mecanismos de acción de las terapias inmunomoduladoras (bloqueo de puntos de control, CAR-T, vacunas terapéuticas y anticuerpos biespecíficos), así como la identificación de biomarcadores y mecanismos de resistencia mediante análisis transcriptómicos y proteómicos de células individuales.

Esta nueva propuesta desarrolla la inmunoterapia tumoral y la búsqueda de biomarcadores predictivos de respuesta, integrando conocimientos biológicos y clínicos del cáncer con los enfoques *ómicos* y computacionales. Se analizará la aplicación de estas tecnologías a la inmunoterapia del cáncer, en la identificación de firmas moleculares predictivas de respuesta y en el fortalecimiento del módulo de transcriptómica e



imagenología espacial, que justamente en el marco de la inmunoterapia en cáncer cobra un significado crucial.

Duración total: 45 horas distribuidas en 5 días intensivos (9 horas diarias).
Componente práctico: 50% del total, cumpliendo con los requerimientos de la modalidad B del CABBIO.

Lugar:

El curso tendrá lugar en el Aula H de la Facultad de Ciencias Químicas, UNC. En Ciudad Universitaria, Córdoba, Argentina.

Breve descripción

El curso está orientado a estudiantes de posgrado y jóvenes investigadores latinoamericanos, y combina formación teórica con entrenamiento práctico en análisis de datos *ómicos*. Por las mañanas, se discutirán los aspectos conceptuales y clínicos de la inmunoterapia y las tecnologías de análisis de célula única, acompañados de conferencias dictadas por especialistas invitados. Por las tardes, los participantes recibirán entrenamiento personalizado en métodos computacionales y estadísticos en R, aplicando herramientas como Seurat y ArchR para el análisis de datos de transcriptómica y accesibilidad cromatínica de célula única, así como el módulo espacial de Seurat y cytomappper para la exploración y visualización de datos de transcriptómica espacial e imagenología multiplex (incluyendo plataformas como Akoya Phenolmager). Se introducirá además el flujo general de procesamiento de datos de célula única (por ejemplo, pipelines como CellRanger) para contextualizar las etapas previas al análisis.

Cada grupo de 4–5 estudiantes trabajarán junto a un docente en el análisis de un *dataset* asignado, culminando con una presentación final de resultados. Este formato intensivo y presencial busca fomentar el intercambio científico, fortalecer capacidades regionales en bioinformática aplicada a las ciencias biomédicas y promover una red colaborativa de investigadores en biotecnología aplicada a la salud humana.

Esperamos fomentar discusiones productivas y de alto nivel, y crear un ambiente de apoyo para investigadores y aprendices en etapas tempranas de sus carreras, lo que impactará en la calidad de nuestra investigación, enseñanza y sistemas de salud.

Destinatarios

- El curso está destinado a estudiantes graduados que se encuentran realizando su doctorado, así como becarios postdoctorales e investigadores jóvenes involucrados en la investigación en ciencias biomédicas. Se prevé un mínimo de 20 alumnos y un máximo de 40, considerando las 13 vacantes distribuidas por país: hasta 5 estudiantes de Argentina; 3 de Brasil, a 2 de Uruguay, 1 de Paraguay, 1 de Colombia y 1 de Perú. Se considerarán hasta 5 vacantes adicionales para el sector privado/regulatorio. Los candidatos deberán



demostrar conocimientos y experiencia en el uso del lenguaje de programación "R" y una buena comprensión del inglés.

Todas las solicitudes serán revisadas por los organizadores y en caso de que el número de participantes supere el máximo establecido, se realizará una selección en función de su formación académica y científica, distribución geográfica y equilibrio de género. Se tendrá en cuenta a las madres científicas que deseen participar.

Los participantes deben enviar un currículum vitae y un resumen de su trabajo. Se requerirá una carta de motivación que justifique la necesidad de utilizar estas herramientas. Además, se promoverá la participación de profesionales del sector regulatorio y biotecnológico (empresas de diagnóstico o farmacéuticas nacionales) para fortalecer el vínculo entre la investigación básica y su aplicación clínica y productiva.

Justificación e impacto esperado:

El curso busca consolidar un nodo latinoamericano de formación en bioinformática aplicada a la inmunoterapia, promoviendo la transferencia de conocimiento desde instituciones de excelencia (Institut Curie, USP, University of Zurich) hacia grupos emergentes de la región. Esta formación es estratégica para América Latina, donde el acceso a tecnologías de célula única y espacial es aún limitado. El fortalecimiento de estas capacidades permitirá a los participantes aplicar los conocimientos adquiridos en contextos locales, mejorando el diagnóstico y la investigación traslacional en cáncer e inmunología.

Objetivos Específicos

1. Comprender los fundamentos inmunológicos y moleculares del cáncer y las bases biológicas de las principales estrategias de inmunoterapia. Analizar los mecanismos de reconocimiento y evasión tumoral, así como los principios de acción del bloqueo de puntos de control inmunitario, las terapias celulares (CAR-T y TILs), las vacunas oncológicas y los anticuerpos biespecíficos.
2. Integrar enfoques transcriptómicos, epigenómicos y proteómicos de célula única para el estudio de la respuesta inmune en cáncer y en la medicina de precisión.
3. Introducir las tecnologías de transcriptómica, citometría multimodal (CITE-seq) y transcriptómica espacial, y su aplicación en la identificación de biomarcadores de respuesta o resistencia a terapias inmunomoduladoras.
4. Desarrollar habilidades prácticas en el análisis e interpretación de datos *ómicos* de células inmunitarias utilizando herramientas bioinformáticas actuales, como Seurat (para scRNA-seq y transcriptómica espacial) y ArchR (para scATAC-seq) y cytomappper (para imagenología multiplex), aplicadas al procesamiento, integración y visualización de datos reales.
5. Entrenar a los participantes en la integración de datos multimodales (scRNA + scATAC + CITE-seq + spatial/imaging), **orientada a la** búsqueda de firmas moleculares predictivas de respuesta a inmunoterapia.



6. Fomentar el pensamiento crítico, la colaboración interdisciplinaria y la formación de redes regionales en inmunología computacional y biotecnología en salud.
7. Promover la discusión científica entre investigadores y la elaboración conjunta de análisis y presentaciones basadas en datos experimentales, fortaleciendo capacidades locales en investigación traslacional.

CRONOGRAMA DE ACTIVIDADES

El cronograma de actividades está dividido en bloques de contenido teórico o teórico.práctico por las mañanas (4.5hs) y por las tardes se desarrolla la parte práctica computacional (4.5hs)

Día 1 — Fundamentos de inmunología tumoral y tecnologías de perfilado celular

Mañana (teórico): *Mariana Maccioni- Eliane Piaggio (4.5hs)*

- Bienvenida e introducción al curso.
- Inmunidad antitumoral y mecanismos de evasión inmune.
- Fundamentos de la inmunoterapia en cáncer: bloqueo de puntos de control, terapias celulares y vacunas.
- Introducción a las tecnologías de caracterización de células inmunes: de la citometría a ómicas de célula única.

Tarde (práctico): *Nicolás Nuñez-Rodrigo Nalio Ramos*

- Introducción al entorno R / RStudio y estructura de datos ómicos.
- Taller: control de calidad y exploración de datos de scRNA-seq en Seurat.
- Ejercicio guiado: visualización de poblaciones inmunes en datasets de bancos públicos

Día 2 — scRNA-seq en inmunoterapia: identificación y caracterización de poblaciones inmunes

Mañana (teórico): *Jimena Tosello- Nicolas Nuñez- Rodrigo Nalio Ramos (4.5hs)*

- Principios del scRNA-seq: diseño experimental, normalización y reducción de dimensionalidad.
- Aplicaciones de scRNA-seq para evaluar la respuesta a inmunoterapia.
- biomarcadores transcripcionales predictivos de respuesta y resistencia

Tarde (práctico): *Jimena Tosello- Nicolas Nuñez- Rodrigo Nalio Ramos (4.5hs)*

- Análisis con Seurat: filtrado, clustering, anotación de subpoblaciones T y mieloides.
- Análisis diferencial entre respondedores y no respondedores.
- Visualización y generación de UMAPs, dot plots y heatmaps.

Día 3 — Citometría espectral, CITE-seq y scTCR-seq: del fenotipo a la clonalidad

Mañana (teórico): *Burkhard Becher- Nicolás Nuñez*



- Introducción a la citometría espectral: principios, diseño de paneles y análisis multiparamétrico.
- Aplicaciones en inmunoterapia: seguimiento de poblaciones T y mieloides.
- CITE-seq: principios, diseño, aplicaciones
- Fundamentos del scTCR-seq: diversidad clonal y seguimiento de clones tumor-reactivos.

Tarde (práctico): *Nicolás Nuñez- Jimena Tosello (4.5hs)*

- Análisis de citometría espectral con *FlowJo* y *Spectre* (en R).
- Análisis de datos de CITE-seq
- Procesamiento de datos scTCR-seq con *scRepertoire* e integración con Seurat.
- Visualización de clonalidad y repertorios TCR en pacientes tratados.

Día 4 Vacunología sistémica, Medicina de precisión y Transcriptómica espacial: hacia una visión multimodal

Mañana (teórico): *Helder Nakaya – Jimena Tosello- Rodrigo Nalio Ramos- Nicolas Nuñez*

- Introducción a la vacunología sistémica.
- Integración de datos transcriptómicos y epigenómicos en células inmunes.
- Conceptos de transcriptómica espacial: microambiente tumoral e infiltrado inmune.
- Inmunofluorescencia Multiplex
- Cartografía espacial de la respuesta inmune en tumores sólidos.

Tarde (práctico):

- Procesamiento de datos scATAC-seq con *ArchR*.
- Identificación de regiones abiertas y predicción de reguladores transcripcionales.
- Introducción al análisis de *spatial transcriptomics* con Seurat (módulo espacial).
- Exploración de datos de **imagenología multiplex obtenidos con el sistema Akoya Phenolmager** mediante **cytomapper**.
- Ejercicio: correlación entre expresión génica e infiltrado inmune tumoral.

Día 5 — Integración, biomarcadores y presentación de resultados

Mañana (teórico): *Helder Nakaya (4.5hs)*

- Integración de datos multimodales (scRNA + scATAC + spatial + citometría).
- Identificación de biomarcadores y mecanismos de resistencia a inmunoterapia.
- De los datos ómicos a la medicina de precisión en oncología.
- Preparación de resultados y discusión grupal.

Tarde (práctico): *Mariana Maccioni- Eliane Piaggio- Burkhard Becher (4.5hs)*

- Análisis final de datasets en grupos (4–5 estudiantes).
- Preparación y presentación oral de resultados (10–15 min por grupo).
- Evaluación final y cierre del curso.