

Temario del Curso Intermedio de Análisis de Secuencias en QIIME2

Contents

Temario	1
TEMA 1 Importar secuencias de otras plataformas de secuenciación	1
TEMA 2 Flujo de análisis para agrupamiento de OTUs	1
TEMA 3 Entrenamiento de clasificadores para sklearn	2
TEMA 4 Ejercicios de filtrado y análisis ecológicos	2
TEMA 5 Predicción funcional con PICRUSt	2
Objetivo del curso	2
Persona a quien va dirigido	3
Requisitos	3
Modalidad	3
Reserva tu lugar	3
Contáctanos y síguenos	4

CURSOS



Sé parte de la era del microbioma

Temario

TEMA 1 Importar secuencias de otras plataformas de secuenciación

1. Importar secuencias de 454/Pyrosequencing
2. Inferencia de ASVs para lecturas de 454/Pyrosequencing
3. Importar secuencias de PacBio
4. Inferencia de ASVs para lecturas de PacBio
5. Importar secuencias single-end de Illumina (estrategia para secuencias de mala calidad)

TEMA 2 Flujo de análisis para agrupamiento de OTUs

1. ¿Qué es una Unidad Taxonómica Operativa (OTU)?
2. Estrategias de agrupamiento

- a. *de novo*
 - b. closed-reference
 - c. open-reference
3. Flujo de trabajo de agrupamiento de OTUs
 4. Desreplicación
 5. Agrupamiento de OTUs
 6. Detección de quimeras
 - a. De novo
 - b. Basado en una referencia
 - c. Filtrado de quimeras de la tabla de frecuencias y de las secuencias

TEMA 3 Entrenamiento de clasificadores para sklearn

1. Dar formato a bases de datos de otros marcadores moleculares
2. Importación de bases de datos de taxonomía y de secuencias
3. Códigos de QIIME2 para entrenamiento de clasificadores
4. Generación de clasificadores ponderados

TEMA 4 Ejercicios de filtrado y análisis ecológicos

• Ejercicios de filtrado

1. ¿Qué es un filtrado positivo y uno negativo?
2. Filtrado de rep_seq por alineamiento.
3. Filtrado de tablas por prevalencia y frecuencia mínima de features.
4. Filtrado de tablas por ASVs en un control negativo (de reactivos).
5. Filtrado de muestras por categoría en el metadata-file.
6. Filtrado de muestras por número mínimo de lecturas.
7. Filtrado de secuencias de acuerdo a una feature_table.
8. Filtrado de matrices de distancia

• Análisis ecológicos

1. Correlaciones de la diversidad alfa y beta (Pearson o Spearman)
2. Correlación entre dos matrices (Prueba de Mantel)
3. Variables ambientales y su efecto en la composición de la comunidad (análisis bioenv)

TEMA 5 Predicción funcional con PICRUST

1. ¿Qué es PICRUST2?
2. Fundamento de la predicción funcional con PICRUST2
3. Limitaciones de la predicción funcional
4. Códigos de QIIME2 para predicción funcional con PICRUST
5. Visualizadores de perfil funcional
 - a. Barplot
 - b. Heatmap
6. Análisis diferencial de abundancia de funciones

Objetivo del curso

Que los asistentes adquieran habilidades prácticas y un conocimiento avanzado sobre las capacidades y aplicaciones que tiene QIIME2 para el análisis de datos de secuenciación masiva.

Al finalizar el curso, los participantes estarán mejor preparados para aplicar plugins avanzados en sus proyectos de investigación y análisis de datos microbiológicos.

Persona a quien va dirigido

Este curso está dirigido a estudiantes y profesionistas que ya tienen conocimientos de línea de comandos y están familiarizados con el uso de plugins básicos de QIIME2. Si deseas dar un paso adelante y expandir tus habilidades de análisis de datos de secuenciación masiva y si ya te sientes cómodo usando QIIME2, este curso es para ti, ya que te proporcionará las herramientas y el conocimiento necesarios para realizar análisis más detallados y específicos para tu investigación de microbioma a través del análisis de secuencias de metabarcodes.

En este curso aprenderás a hacer filtrados más avanzados, análisis de correlaciones, entrenamiento de clasificadores, agrupamiento de OTUs, importar secuencias de otras plataformas de secuenciación como PacBio y análisis en PICRUST para predicción funcional basado en el 16S rRNA.

Requisitos

Para este curso es indispensable que ya tengas conocimientos previos de línea de comandos y plugins básicos de QIIME2 o que hayas tomado el curso de QIIME2 para principiantes. También es indispensable que ya tengas instalado QIIME2 en tu computadora.

En caso de no cumplir con alguno de estos requisitos, ponte en contacto con nosotros enviando un correo a contacto@microbioma-lab.com.

Modalidad

La modalidad es **online y sincrónico**.

- **Plataforma:** Zoom
- **Fecha:** Sábados 8, 15, 22, y 29 de noviembre
- **Horario:** 9 a 13 h
- **Precios:** Inscripción anticipada: \$2,494 MXN; Inscripción después del 25 de octubre: \$2,950
- **Cupo limitado**
- **Modo de pago:** Tranferencia interbancaria y PayPal
- **Requisitos:** Sistema operativo Windows al menos 32 Gb de RAM. Sistema operativo Linux o MacOS al menos 16 Gb RAM

Reserva tu lugar

¡Reserva tu lugar ahora y da el primer paso hacia el dominio del análisis de secuencias microbiómicas!

- **Página web:** https://microbioma-lab.com/inicio/cursos-de-microbioma_y_bioinformatica/
- **Formulario de inscripción:** <https://forms.gle/BMRrrE6B1HAsMy7KA>

Contáctanos y síguenos

✉ contacto@microbioma-lab.com

🔗 <https://microbioma-lab.com>

📘 @microbiomalab

📷 @microbiomalab

📺 microbioma lab

¡GRACIAS POR SER PARTE DE LA ERA DEL MICROBIOMA!

Servicios online permanentes en redes sociales



microbioma lab

Tutoriales en YouTube

- Moving pictures tutorial
- Glosario de términos
- Comandos básicos de linux
- Rstudio básico



@microbiomalab

Información relevante acerca de:

- Laboratorios que estudian microbioma
- Investigadores que estudian microbioma
- Dónde publicar tu investigación de microbioma
- Oportunidades para realizar estudios de posgrado o de trabajo en temas de microbioma.



@microbiomalab