

# WORKSHOP QIIME2 CDMX

## Contents

<b>Temario</b>	<b>1</b>
<b>Objetivo</b>	<b>1</b>
<b>Persona a quien va dirigido</b>	<b>2</b>
<b>¿Qué obtendrás al unirse a nuestro Workshop de QIIME2?</b>	<b>2</b>
<b>Modalidad</b>	<b>2</b>
<b>Reserva tu lugar</b>	<b>3</b>
<b>Términos y condiciones</b>	<b>3</b>
<b>Contáctanos y síguenos</b>	<b>3</b>

**CURSOS**



*Sé parte de la era del microbioma*

---

## Temario

1. Comandos básicos de Linux y línea de comandos (instalación de terminal)
2. Instalación de conda y ambientes de conda
3. Instalación de QIIME2
4. Calidad de las secuencias
5. Inferencia de ASVs con dada2
6. Entrenamiento de clasificadores
7. Asignación taxonómica con sklearn
8. Filtrado de secuencias o de features
9. Diversidad alfa y beta

## Objetivo

Proporcionar a los participantes las habilidades necesarias para utilizar de manera eficiente la herramienta bioinformática de QIIME2 en sus propias investigaciones, a través de sesiones prácticas donde realizarán el análisis de sus secuencias biológicas.

## Persona a quien va dirigido

Este curso está dirigido a estudiantes de posgrado, profesionistas e investigadores que buscan aprender a utilizar la plataforma QIIME2 para analizar y visualizar datos de secuenciación masiva del 16S rRNA, 18S rRNA o ITS. Durante el taller, estarás inmerso en un entorno de aprendizaje práctico, donde nuestras expertas en bioinformática te guiarán paso a paso para que puedas realizar el análisis de tus secuencias, desde la verificación de la calidad hasta la asignación taxonómica y análisis de diversidad alfa y beta.

Aprenderás a manejar y analizar grandes conjuntos de datos genómicos utilizando QIIME2, una herramienta bioinformática de vanguardia. Nuestro enfoque práctico te brindará la oportunidad de aplicar esta herramienta a conjuntos de datos reales, podrás generar resultados más precisos y confiables, identificar nuevas perspectivas de tus datos y aplicar directamente lo que aprendas en tus proyectos científicos. Al finalizar, los resultados que obtengas los podrás utilizar directamente para tu tesis o artículo científico.

Nuestro equipo de expertas poseen un profundo entendimiento de los desafíos y complejidades del análisis microbiómico. Han trabajado en una variedad de proyectos, abarcando desde estudios ambientales hasta investigaciones en diferentes especies hospedadoras. Su experiencia les permite enfrentar los retos específicos de cada contexto, adaptando las metodologías y enfoques de análisis según sea necesario.

## ¿Qué obtendrás al unirse a nuestro Workshop de QIIME2?

- Completarás el flujo de análisis de tus secuencias.
- Te ayudaremos a instalar QIIME2 en tu computadora.
- Te enseñaremos la línea de comandos de Linux.
- Aprenderás de manera práctica con ejercicios aplicados a tu proyecto.
- Recibirás asesoramiento de expertas en bioinformática y análisis microbiómico.
- Obtendrás acceso a herramientas y recursos de vanguardia, como servidores para análisis de grandes conjuntos de datos.
- Generarás gráficas con calidad para su publicación.

No pierdas la oportunidad de expandir tus habilidades científicas y dar un impulso significativo a tu carrera. Únete a nuestro Workshop QIIME2 y descubre el potencial ilimitado de tus datos microbiómicos.

## Modalidad

La modalidad es **presencial** en la **Ciudad de México, México**

- **Dirección:** Por definir
- **Fecha:** 21 al 23 de julio de 2025
- **Horario:** 10 am a 6 pm (GMT-6)
- **Total de horas:** 24 h
- **Precios:** Inscripción anticipada: \$7,480 Inscripción después del 15 de julio \$8,850.
- **Cupo limitado**
- **Modo de pago:** Tranferencia interbancaria y PayPal

## 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/](https://microbioma-lab.com/inicio/cursos-de-microbioma_y_bioinformatica/)
- **Formulario de inscripción:** <https://forms.gle/X595GMKcnhsm1fWL6>

## Términos y condiciones

- Cada asistente puede participar con cualquier volumen de datos, siempre y cuando estos provengan del mismo proyecto.
- Los datos de secuenciación pueden ser de 16S, 18S o de ITS, y pueden ser de Illumina o PacBio.

## Contáctanos y síguenos

✉ [contacto@microbioma-lab.com](mailto: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