



microbioma lab

QIIME 2 para principiantes

Análisis reproducible de secuencias del gen 16S rRNA

Modalidad

En línea y asincrónica

Duración

20 horas · acceso durante 3 meses

Inversión

\$1,800 MXN · IVA incluido

Sé parte de la era del microbioma

Microbioma Lab · Tlaxcala, México · ventas@microbioma-lab.com · 246 179 2564

Tabla de contenidos

Presentación del curso	3
Objetivo general	3
Público al que va dirigido	3
Requisitos técnicos	3
Temario	4
Módulo 1. Básicos de Unix y conda, e instalación de QIIME2	4
¿Qué es Unix?	4
¿Qué es conda?	4
Módulo 2. ¿Qué es QIIME2?	4
¿Qué es QIIME2?	4
Insumos para el análisis	4
Verificación de la calidad	4
Módulo 3. Inferencia de ASVs con DADA2	5
Módulo 4. Asignación taxonómica y análisis diferencial de abundancia	5
Asignación taxonómica	5
Análisis diferencial de abundancia	5
Módulo 5. Diversidad alfa y beta	5
Modalidad y materiales incluidos	6
Sesiones mensuales de resolución de preguntas	6
Inversión e inscripción	6
Paso 1. Prerregistro	6
Paso 2. Pago	6
Contacto	7

Presentación del curso

QIIME 2 es una plataforma bioinformática diseñada para realizar análisis reproducibles y trazables de datos de microbioma. Este curso ofrece una introducción práctica al uso de la línea de comandos, la administración de ambientes con `conda` y la ejecución de un flujo de trabajo para analizar secuencias del gen 16S rRNA.

El curso está diseñado para que cada participante instale y ejecute QIIME 2 en su propio equipo. Los ejercicios utilizan una base de datos didáctica de tamaño reducido, adecuada para aprender el flujo de trabajo sin requerir infraestructura de cómputo de alto rendimiento.

Objetivo general

Desarrollar las competencias conceptuales y prácticas necesarias para instalar QIIME 2, preparar los insumos de un análisis, evaluar la calidad de las secuencias y ejecutar un flujo de trabajo básico y reproducible para el análisis de datos de secuenciación masiva del gen 16S rRNA, desde la importación de los datos hasta la inferencia de variantes de secuencia, la asignación taxonómica y el análisis de diversidad.

Público al que va dirigido

El curso está dirigido a estudiantes, profesionales, docentes e investigadores de las ciencias biológicas, ambientales, agropecuarias, biomédicas y áreas afines que desean iniciarse en el análisis bioinformático de microbios con QIIME 2.

No se requiere experiencia previa con QIIME 2 ni con la línea de comandos. El curso parte de conceptos básicos de Unix y de la gestión de ambientes con `conda`.

Este curso es adecuado para ti si...

- deseas instalar y utilizar QIIME 2 en tu propio equipo;
- necesitas comprender la lógica general de un análisis de secuencias del gen 16S rRNA;
- buscas adquirir una base práctica para ejecutar y documentar un flujo de trabajo reproducible;
- tienes poca o ninguna experiencia previa con la terminal o con herramientas bioinformáticas.

Requisitos técnicos

Para instalar QIIME 2 y realizar los ejercicios del curso se requiere:

- **Sistema operativo:** Windows 10 u 11 de 64 bits, con WSL2 habilitado.
- **Procesador:** Intel Core i5 o equivalente.
- **Memoria RAM:** 16 GB.
- **Almacenamiento disponible:** 50 GB libres.
- **Conexión a internet:** estable, para descargar programas, ambientes y materiales del curso.
- **Permisos del equipo:** capacidad para habilitar WSL2 e instalar software.

Alcance de estos requisitos

Los requisitos anteriores están dimensionados para instalar QIIME 2 y trabajar con la base de datos didáctica utilizada en el curso. El procesamiento de proyectos reales con un número elevado de muestras, archivos de secuenciación de gran tamaño o análisis computacionalmente intensivos puede requerir más memoria RAM, almacenamiento y capacidad de procesamiento. Las necesidades deben estimarse de

acuerdo con el volumen y las características de cada proyecto.

El curso está orientado a la instalación y ejecución del flujo de trabajo en un equipo personal. No incluye configuración ni operación de servidores, clústeres HPC o plataformas de cómputo en la nube.

Temario

Módulo 1. Básicos de Unix y conda, e instalación de QIIME2

En este módulo se introducen los fundamentos de Unix y conda necesarios para trabajar con QIIME 2. Se revisan comandos básicos, organización de archivos, manejo de ambientes e instalación de la plataforma en el equipo personal.

Objetivo del módulo: Al finalizar el módulo, las personas participantes contarán con una base operativa para navegar desde la terminal, administrar ambientes de software e instalar QIIME 2 en su propio equipo.

¿Qué es Unix?

1. Sistemas de archivos
2. Terminal y comandos básicos
3. Buenas prácticas para el trabajo desde terminal

¿Qué es conda?

1. Instalación y configuración
2. Ambientes de conda
3. Instalación de QIIME2

Módulo 2. ¿Qué es QIIME2?

Se presenta la estructura general de QIIME 2, sus conceptos básicos y el flujo de análisis de secuencias del gen 16S rRNA. También se revisan los insumos requeridos, la importación de datos y la evaluación inicial de la calidad de las secuencias.

Objetivo del módulo: Al finalizar, las personas participantes podrán reconocer la estructura general de un análisis en QIIME 2, preparar los archivos de entrada y evaluar la calidad inicial de sus datos.

¿Qué es QIIME2?

1. Ventajas y desventajas
2. Conceptos básicos en QIIME2
3. Sintaxis en QIIME2
4. Diagrama general de análisis de secuencias de 16S

Insumos para el análisis

1. Secuencias y metadatos
2. Herramientas de importación

Verificación de la calidad

1. Fundamentos de Illumina
2. Verificar la calidad con fastQC
3. Verificar la calidad con QIIME2
4. Eliminar primers y adaptadores

Módulo 3. Inferencia de ASVs con DADA2

Se explican los fundamentos de las variantes de secuencia de amplicón y las diferencias entre OTUs y ASVs. El módulo se enfoca en la inferencia de ASVs con DADA2.

Objetivo del módulo: Al finalizar el módulo, las personas participantes podrán interpretar los principales parámetros de DADA2 y generar una tabla de frecuencias y un conjunto de secuencias representativas para análisis posteriores.

1. Inferencia de ASVs con DADA2
2. ¿Qué son las “amplicon sequence variants”?
3. OTUs vs ASVs
4. Inferencia de ASVs con DADA2 y deblur
5. Inferencia de ASVs con DADA2
6. ¿Qué diferencias hay entre DADA2 y deblur?

Módulo 4. Asignación taxonómica y análisis diferencial de abundancia

Se aborda la asignación taxonómica de secuencias, el uso de bases de datos de referencia y la exportación de resultados. También se introducen los principios de los datos composicionales y el análisis diferencial de abundancia mediante ANCOM.

Objetivo del módulo: Al finalizar, las personas participantes podrán generar e interpretar una clasificación taxonómica, preparar tablas resumidas por nivel taxonómico y comprender los principios básicos del análisis diferencial de abundancia.

Asignación taxonómica

1. Fundamento de blast y sklearn
2. Bases de datos: silva y greengenes
3. Asignación taxonómica con sklearn
4. Filtrado de secuencias de organelos
5. Colapsar a nivel taxonómico
6. Exportar feature table y datos de taxonomía

Análisis diferencial de abundancia

1. Transformación de datos composicionales
2. Análisis ANCOM

Módulo 5. Diversidad alfa y beta

Se revisan los fundamentos de la diversidad alfa y beta, la rarefacción y la filodiversidad. Se muestra cómo calcular, comparar e interpretar métricas de diversidad y distancias entre comunidades en QIIME 2.

Objetivo del módulo: Al finalizar el módulo, las personas participantes podrán calcular e interpretar métricas de diversidad alfa y beta, evaluar diferencias entre grupos y reconocer las principales consideraciones metodológicas asociadas con estos análisis.

1. Diversidad biológica por métodos moleculares
2. ¿Cómo se mide la diversidad biológica?
3. Filodiversidad
4. Rarificación
5. Diversidad alfa y beta
6. Diversidad alfa y beta en QIIME2
7. Construcción de árbol filogenético
8. Comparación de la diversidad alfa
9. Comparación de la diversidad beta

Modalidad y materiales incluidos

- **Modalidad:** en línea y asincrónica.
- **Duración estimada:** 20 horas.
- **Periodo de acceso:** 3 meses.
- **Manual digital:** acceso permanente.
- **Videos de las clases:** disponibles durante el periodo de acceso.
- **Ejercicios prácticos:** base de datos didáctica de tamaño reducido.
- **Sesiones de resolución de preguntas:** acceso conforme a las condiciones descritas en la siguiente sección.

Sesiones mensuales de resolución de preguntas

Microbioma Lab organizará sesiones mensuales por Zoom para resolver preguntas relacionadas con los contenidos y ejercicios del curso.

El procedimiento será el siguiente:

1. Se habilitará un formulario para que las personas inscritas envíen sus preguntas.
2. Microbioma Lab revisará y seleccionará las preguntas que se atenderán en cada sesión.
3. Las respuestas se presentarán durante una sesión mensual por Zoom.
4. La sesión será grabada y publicada en el canal de YouTube de Microbioma Lab.

Podrán formular preguntas quienes se hayan inscrito al curso en cualquier momento, incluso después de que haya concluido su periodo de acceso a los materiales.

Criterios de atención

Microbioma Lab se reserva el derecho de no responder preguntas que, por su alcance, correspondan a un nivel avanzado, consultoría personalizada, revisión integral de proyectos, depuración extensa de código o resolución de problemas ajenos al contenido del curso.

La recepción de una pregunta no implica que será seleccionada ni que podrá resolverse en una sesión determinada.

Inversión e inscripción

La inversión es de **\$1,800 MXN (mil ochocientos pesos mexicanos), IVA incluido.**

Paso 1. Prerregistro

Completa el formulario disponible en:

<https://forms.gle/gyse1jLRRKYeCDrVA>

Si requieres factura, selecciona la opción correspondiente en el formulario y carga los datos fiscales solicitados.

Paso 2. Pago

Para continuar con el proceso de inscripción, realiza el depósito o transferencia a la siguiente cuenta:

Datos para transferencia bancaria

Cuenta:	0185398088
CLABE:	012180001853980886
Beneficiario:	Yendi Ebenezer Navarro Noya
Banco:	BBVA
SWIFT:	BCMRMXMMPYM
Concepto:	Nombre, primer apellido y la palabra QIIME2

Si seleccionaste pago mediante PayPal, recibirás la solicitud de pago en el correo electrónico registrado.

Contacto

Para dudas sobre inscripción, facturación o acceso al curso:

- **Correo electrónico:** ventas@microbioma-lab.com
- **Teléfono:** 246 179 2564
- **Sitio web:** <https://www.microbioma-lab.com>
- **YouTube:** https://www.youtube.com/channel/UCykrTaQ1VuCS_VQS5hTeFZQ

¡Gracias por ser parte de la era del microbioma!