**Análisis bioinformático de datos provenientes del secuenciamiento del gen 16S rRNA empleando QIIME2**

**Capacitadores:**

Dr. Valentín Pérez-Hernández

Doctor en ciencias de los alimentos y biotecnología (Posdoctorante CINVESTAV)

Mario Hernández-Guzmán

Doctor en ciencias con la especialidad en biotecnología (Posdoctorante CICESE)

**Resumen del curso:**

Este curso brindará una capacitación general sobre el uso de la herramienta QIIME2 para analizar datos de secuenciación masiva del gen 16S rRNA. Los participantes aprenderán a procesar lecturas de secuenciación crudas (\*.fastq), realizar controles de calidad, eliminar el ruido de las secuencias (denoising), asignar taxonomías (usando la base de datos de SILVA 138) y realizar análisis de diversidad (índices de chao1, Simpson, Shannon y otros). El curso cubre aspectos tanto teóricos como prácticos del pipeline de QIIME2, con ejercicios prácticos y empleando datos reales.

**Objetivo del curso:**

Proporcionar a los participantes una capacitación practica sobre el uso de la herramienta QIIME2 para el análisis de datos de secuenciamiento del gen 16s rRNA.

**Aprendizaje esperado:**

Al finalizar este curso, los participantes habrán adquirido un conocimiento sobre el uso de la herramienta QIIME2 para el análisis de secuencias masivas del gen 16s rRNA, y podrán aplicar las técnicas aprendidas a sus propios proyectos de investigación. También tendrán acceso a una red de compañeros e instructores para apoyo y colaboración continuos.

**Formato del curso:**

El curso se impartirá en modalidad ***online***. Se usarán diapositivas en donde se presentará la información que se verá en cada lección y se realizaran ejercicios prácticos. Los participantes trabajarán en sus propias computadoras portátiles, con acceso a un entorno virtual que ejecuta QIIME2. Durante el curso también brindará apoyo y comentarios de parte de los instructores y demás participantes a través de la herramienta *Microsoft® Team.* Además, con sesiones de preguntas y respuestas.

**Requisitos previos:**

Se requieren conocimientos básicos de biología molecular y bioinformática. Los participantes también deben estar familiarizados con la interfaz de línea de comandos del sistema Linux.

**A quien va dirigido:**

A estudiantes universitarios, de posgrado, investigadores y al publico en general interesados en realizar investigación relacionada con el análisis de datos provenientes de secuenciamiento masivo

**Contenido del curso**

* **Lección 1:** Introducción al secuenciamiento del gen 16S rRNA y al flujo de trabajo de QIIME2
* **Lección 2:** Instalación y configuración del software QIIME2
* **Lección 3:** Preparación de los datos, importación y demultiplexado
* **Lección 4**: Recorte de *primers* (trimming), unión de lecturas, filtrado de calidad, eliminación de quimeras, denoising e inferencia de variantes de secuencias de amplicon (amplicon sequence variants; ASVs).
* **Lección 5:** Entrenamiento de la base de datos, asignación taxonómica y filogenia
* **Lección 6:** Diversidad alfa (Shanon, Simpson, Chao1 y otros) y diversidad beta
* **Lección 7:** Exportación de datos y herramientas que se pueden emplear para el análisis de datos obtenidos con QIIME2