

## **Análisis de secuencias empleando QIIME2**

### **Instructores:**

Dr. Valentín Pérez-Hernández; Dr. Mario Hernández-Guzmán

### **Resumen del taller:**

Este taller 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 taller cubre aspectos tanto teóricos como prácticos del pipeline de QIIME2, con ejercicios prácticos y empleando datos reales.

**Objetivo del taller:** 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 taller, 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 taller:** El taller se impartirá en modalidad **presencial**. 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 taller también brindará apoyo y comentarios de parte de los instructores y demás participantes. Además, se tendrán 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 público en general interesados en realizar investigación relacionada con el análisis de datos provenientes de secuenciamiento masivo

**Lugar y fecha del taller:** El taller se llevará a cabo en las instalaciones del CICESE. Del 11 al 15 de agosto de 2025. Con duración de 12 horas.

### **Costo y cupo:**

Sin costo. Se tendrá cupo para 12 personas.

**Inscripciones:** Se seleccionarán a los participantes y se notificará vía correo a los aceptados.  
Favor de llenar el formulario: Google form.

## Contenido del taller

- **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:** Preprocesamiento de datos de secuenciación (recorte de *primers* (*trimming*); unión de lecturas, filtrado de calidad, eliminación de quimeras, y *denoising*) e inferencia de variantes de secuencias de amplicon (“*amplicon sequence variants*”, ASVs).
- **Lección 5:** Entrenamiento de modelo para asignación taxonómica, y filogenia.
- **Lección 6:** Diversidad alfa (con índices tradicionales), y análisis de diversidad beta.
- **Lección 7:** Exportación de datos: de QIIME2 a R (Rstudio)

## Referencias

- Bolyen, E., Rideout, J.R., Dillon, M.R. et al (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. Nat Biotechnol 37, 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Estaki M, Jiang L, Bokulich NA, et al. (2020). QIIME 2 Enables Comprehensive End-to-End Analysis of Diverse Microbiome Data and Comparative Studies with Publicly Available Data. CP in Bioinformatics. 70. Wiley. <https://doi.org/10.1002/cpbi.100>
- Callahan BJ, Sankaran K, Fukuyama JA et al. (2016). Bioconductor Workflow for Microbiome Data Analysis: from raw reads to community analyses. F1000 Research, 5:1492. <https://doi.org/10.12688/f1000research.8986.2>
- Callahan, B., McMurdie, P., Rosen, M. et al. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nat Methods 13, 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Robert G. Beiko et al. (2018). Microbiome Analysis: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology, vol. 1849, [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8728-3\\_8](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8728-3_8).