

CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS  
DEL NOROESTE, S.C.

---

---

**Taller**

“Metagenómica de camarón”

**Fecha: del 8 – 12 Mayo 2017**

**Temario**

**FASE 1. EXTRACCIÓN DE ADN, PREPARACIÓN DE LIBRERÍAS DE AMPLICONES, 15 DE ENERO 2017**

Se contempla que cada sub-proyecto haya terminada en esta fecha, su fase experimental de la que se derivan hasta 120 muestras para preparación de las librerías de secuenciación.

La extracción de ADN la realiza cada responsable de sub-proyecto, enviándose las muestras de ADN para las etapas posteriores a la Universidad de Iowa.

**FASE 2. SECUENCIACIÓN DE LIBRERÍAS DE AMPLICONES**

Esta fase se desarrolla en la Universidad de Iowa, corriéndose todas las muestras bajo el mismo esquema de preparación de librerías y en una misma corrida de secuenciación en una plataforma MiSeq de Illumina.

**FASE 3. ANÁLISIS DE DATOS**

Esta fase se desarrolla en La Paz (CIBNOR) proponiéndose las fechas del 8 al 12 de mayo del 2017, y se pretende trabajar en un taller con el objetivo de establecer un flujo de trabajo estándar que usaran todos los sub-proyectos que permita realizar un análisis integral de todos los datos y que posteriores estudios puedan referirse a los datos generados en este taller sin el sesgo de usar diferentes estrategias de análisis metagenómico.

El taller de análisis de datos tendrá una duración de 4-5 días y el objetivo es cubrir todo el flujo de análisis metagenómico desde el pre-procesamiento de archivos de secuencias crudas hasta preparación de las gráficas con la calidad para incluir en un manuscrito. Los participantes serán dos personas por cada sub-proyecto designados por los responsables académicos de los mismos.

Los temas considerados a cubrir en el taller son:

1. Introducción a Shell y transferencia de archivos
2. Evaluación de calidad de las secuencias con FastQC  
Sub-muestreo de un set de datos grande usando Seqtk para el desarrollo de un flujo de trabajo
3. Control de calidad y "trimming" en pre-procesamiento de secuencias usando MetaG
4. Normalización digital
5. Flujo de trabajo en QIIME y MOTHUR
6. Tutorial de QIIME
7. Tutorial de MOTHUR
8. Ensamblaje usando MEGAHit
9. Estimación de abundancias en metagenomas
10. Visualización
11. Introducción a R para diversidad comparativa y generación de gráficas
12. Acceso a bases de datos
13. BLAST Local

Un flujo de trabajo se orientará a un análisis integral de los datos generados en los sub-proyectos participantes para generar un manuscrito general sobre el metagenóma del camarón con la co-autoría de todos los participantes e instructores del taller. Adicionalmente, se motivará la preparación de manuscritos por cada sub-proyecto, analizando la información referida a las variables que se hayan incorporado en el diseño experimental de cada sub-proyecto.