



SOCIEDAD MEXICANA DE BIOQUÍMICA

Congreso Nacional Cancún 2026 · 11–16 de octubre

Taller 2: Bioinformática — Genómica y Metagenómica

Instructor/a: Dra. Maribel Hernández Rosales (responsable) · Colaboradores: Dr. Manuel Barrios y Dra. Elizabeth Cadena | **Modalidad:** Híbrida sincrónico

Fechas: Lun 12, Mar 13 y Mié 14 de octubre | **Horario:** 1:45–3:30 pm

Cupo: 40 presencial y 40 en línea

Descripción general

Taller en modalidad en línea, diseñado para permitir la participación de asistentes externos a la reunión. Se abordan las bases conceptuales y prácticas del análisis bioinformático en genómica y metagenómica, con énfasis en el uso de pipelines reproducibles y la reconstrucción de genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs). Cada participante deberá traer su propia computadora. Se trabajará exclusivamente con datos de ejemplo provistos por los instructores.

Objetivos

- Comprender los requerimientos computacionales y conceptuales de la genómica y la metagenómica.
- Conocer y aplicar un pipeline bioinformático integral para análisis genómico.
- Adaptar el pipeline para análisis metagenómico y generación de MAGs.
- Fomentar la participación abierta de investigadores de distintas instituciones.

Día 1: Lun 12 oct · Introducción a la Genómica y Metagenómica

Bloque 1	Bienvenida y logística del taller en línea Herramientas a utilizar, canales de comunicación y dinámica de participación.
Bloque 2	¿Qué necesitamos para hacer genómica y metagenómica? Requerimientos de datos (NGS), cómputo, software y conocimientos previos.
Bloque 3	Conceptos clave Ensamble de genomas, anotación funcional, taxonomía, diversidad microbiana.
Bloque 4	Presentación del pipeline Descripción general de un pipeline que cubre los objetivos de análisis genómico: control de calidad, ensamble, anotación y visualización de resultados.
Q&A	Sesión de preguntas y respuestas



SOCIEDAD MEXICANA DE BIOQUÍMICA

Congreso Nacional Cancún 2026 · 11–16 de octubre

Día 2: Mar 13 oct · Uso del Pipeline en Genómica

Bloque 1	Repaso del Día 1 y preparación del ambiente de trabajo Verificación de instalaciones, acceso a los datos de ejemplo.
Bloque 2	Ejemplos prácticos — Análisis genómico Ejecución paso a paso del pipeline con datos genómicos reales o de ejemplo: control de calidad, ensamble, anotación.
Bloque 3	Interpretación de resultados Cómo leer los outputs del pipeline, métricas de calidad y visualización.
Bloque 4	Discusión y resolución de dudas Espacio para que los participantes compartan problemas y soluciones.
Q&A	Sesión de preguntas y respuestas

Día 3: Mié 14 oct · Pipeline para Metagenómica y Generación de MAGs

Bloque 1	Introducción a la metagenómica y MAGs ¿Qué son los MAGs (Metagenome-Assembled Genomes)? Importancia y retos.
Bloque 2	Adaptación del pipeline para metagenómica Cambios en el flujo de trabajo: ensamble metagenómico, binning y refinamiento de bins.
Bloque 3	Generación y evaluación de MAGs Herramientas de evaluación de calidad (CheckM, GTDB-Tk). Criterios de calidad para MAGs (HQ/MQ/LQ).
Bloque 4	Ejercicio integrador Los participantes aplican el pipeline metagenómico a un conjunto de datos de ejemplo.
Clausura	Conclusiones y recursos adicionales Repositorios, tutoriales y comunidades de bioinformática recomendadas.

Requisitos para participantes

- Computadora personal (obligatorio).
- Conexión a internet estable (provista por el congreso en modalidad presencial).
- Conocimientos básicos de línea de comandos (Linux/bash). Tienen tiempo aún de aprender esto! Por ejemplo <https://datascience.101workbook.org/03-command-line/00-landing-page-command-line/#gsc.tab=0>
- Los datos de ejemplo serán provistos por los instructores; no se usarán datos propios.
- Se proporcionará lista de software a instalar previamente al taller.