

2ª EDICION

Curso de actualización en el análisis del microbioma en el contexto de la salud: secuenciación completa del gen ARNr 16S

1-5 de junio de 2026
Sede FISABIO-Salud Pública
Valencia

Organizado por:



Grupo de Estudio GEMBIOTA (SEIMC) y FISABIO

Requisitos:

- Ser socio de GEMBIOTA, o al menos, de la SEIMC.
- Presentar *Curriculum vitae* en formato CVA.
- Carta de autorización del jefe de servicio/ Departamento/ Grupo de investigación

Criterios de selección:

- Antigüedad en GEMBIOTA o, en su defecto, SEIMC.
- Experiencia en microbiota.
- Equidad geográfica y paridad de género.
- Impacto en investigación o clínica.

Plazo de inscripción: *Hasta el 17 de mayo de 2026 (23:59 h. hora peninsular).*



Imprescindible traer portátil propio, mínimo 8GB RAM y 250GB de disco libre

*Dirección: Av. Catalunya 21, 46020
Valencia. España.*

Website: <http://www.fisabio.san.gva.es>

Con la colaboración:



•Objetivo del curso:

- Capacitar a profesionales en el análisis del microbioma con técnicas avanzadas de secuenciación de tercera generación (Oxford Nanopore, PacBio Sequel II).
- Introducir metodologías bioinformáticas para el análisis de datos metagenómicos.
- Actualización en el diseño experimental y estrategias de análisis del gen 16S ARNr.

•Dirigido a:

- Microbiólogos, investigadores en salud, bioinformáticos, clínicos interesados en la microbiota y enfermedades infecciosas.
- Profesionales en formación: estudiantes predoctorales, postdoctorandos y residentes.

• Programa

Lunes 1 de junio

9:00 a 13:00: Introducción a la secuenciación masiva

13:00-14: Comida

14:00-16:00: Control de calidad del ADN, preparación de librerías y amplificación del 16S. Fundamentos de Linux y bioinformática.

Martes 2 de junio

9:00 a 13:00 Purificación y cuantificación de librerías. Normalización, pooling y carga en MinION.

13:00-14:00 Comida

14:30-17:00 Análisis bioinformático básico en Linux.

Miércoles 3 de junio

9:00 a 13:00 Fundamentos de Linux y bioinformática

13:00-14:00 Comida

14:00-15:30 Metagenómica y metataxonómica. Introducción a QIIME2

Jueves 4 de junio

9:00 a 13:00 Análisis metataxonómico I

13:00-14:00 Comida

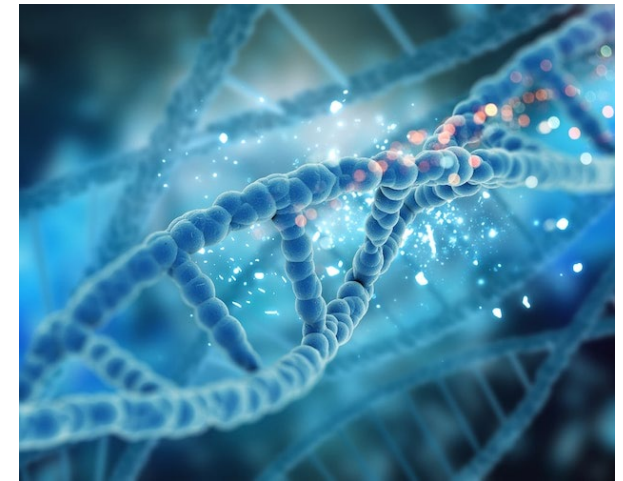
14:30-16:30 Análisis metataxonómico II

Viernes 5 de junio

9:00 a 11:00 Análisis metataxonómico III

11:00-13:30 Visualización de resultados Nanopore

13:30-14:00 Clausura curso



•Muestras analizadas:

- Saliva (microbiota oral) y heces (microbiota intestinal).

•Técnicas de laboratorio:

- Extracción de ADN microbiano y control de calidad (NanoDrop, Qubit).
- Secuenciación con plataformas Oxford Nanopore y PacBio.

•Análisis bioinformático:

- Procesamiento con QIIME2 y DADA2.
- Asignación taxonómica con bases de datos SILVA o Greengenes.
- Análisis de diversidad (Shannon, Chao1, UniFrac).

