

Convenio

20-117 (500 de 2020)



# Comparativa de métodos y mapeo de capacidades

Nicolás D. Franco-Sierra  
nfranco@humboldt.org.co



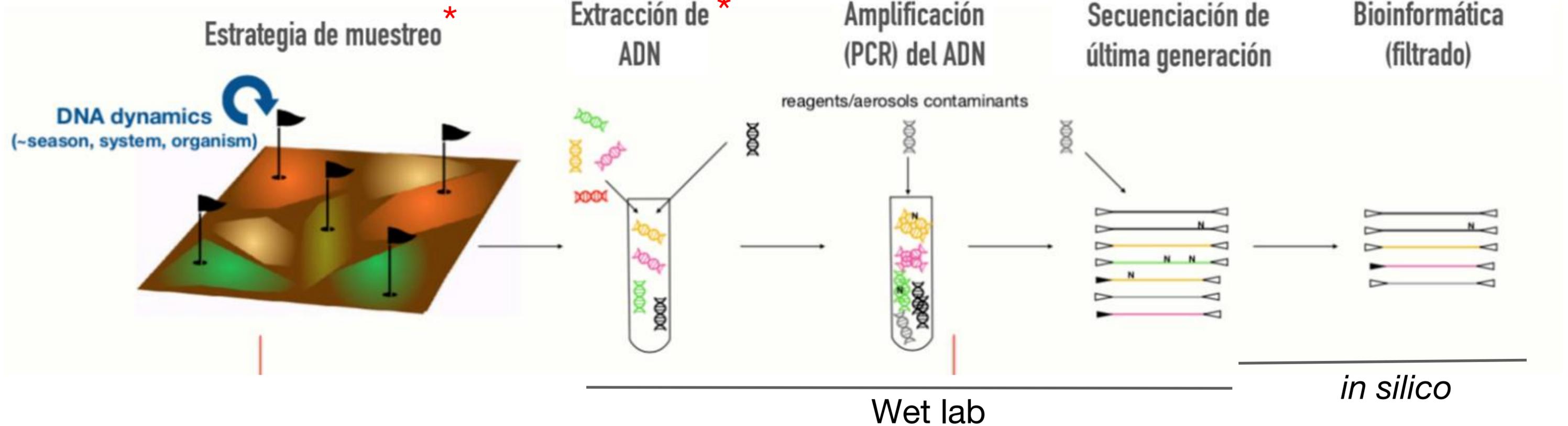
- Repaso: Flujo de trabajo de metabarcoding
- Capacidades requeridas
- Posibilidades para su ejecución

# Recapitulando: Flujo de trabajo en metabarcoding

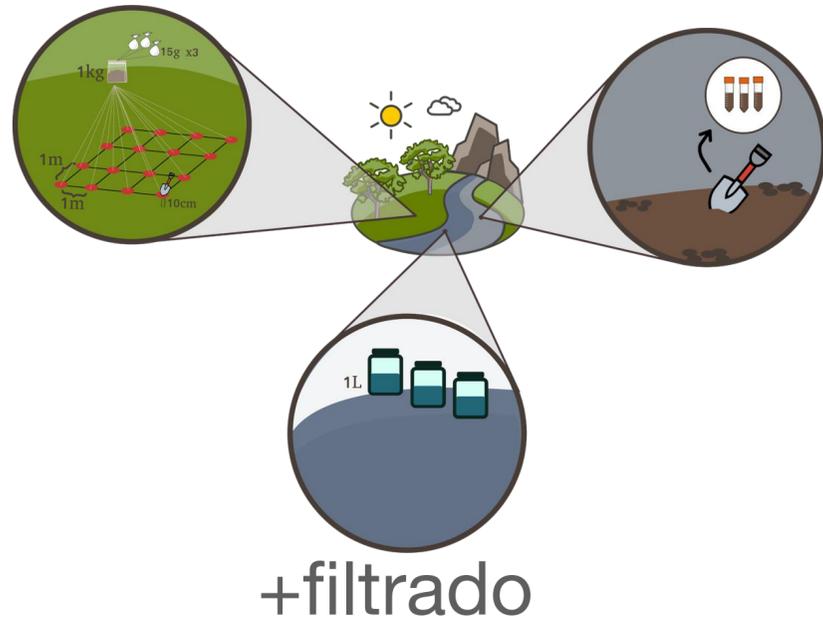
0. Diseño del \*  
experimento

Campo

Laboratorio



# Campo (toma de muestras)



- a) Garantizar la asepsia en la toma de las muestras
- b) Garantizar la cadena de frío



Muestreadores de suelo



Hand core - sedimentos



profesional capacitado

# Laboratorio



- Pre-procesamiento de muestras
- Extracción de ADN
- Amplificaciones
- Secuenciación de ADN

- a) Garantizar la asepsia en la manipulación
- b) Garantizar la preservación de las muestras
- c) buen registro de los procedimientos
- d) considerar los controles

# Laboratorio pre-procesamiento



Preparar la muestra para poder ser llevada al proceso de extracción de ADN.

**Posibilidades:** *in situ*, preservar sustratos previo a extracción

profesional capacitado

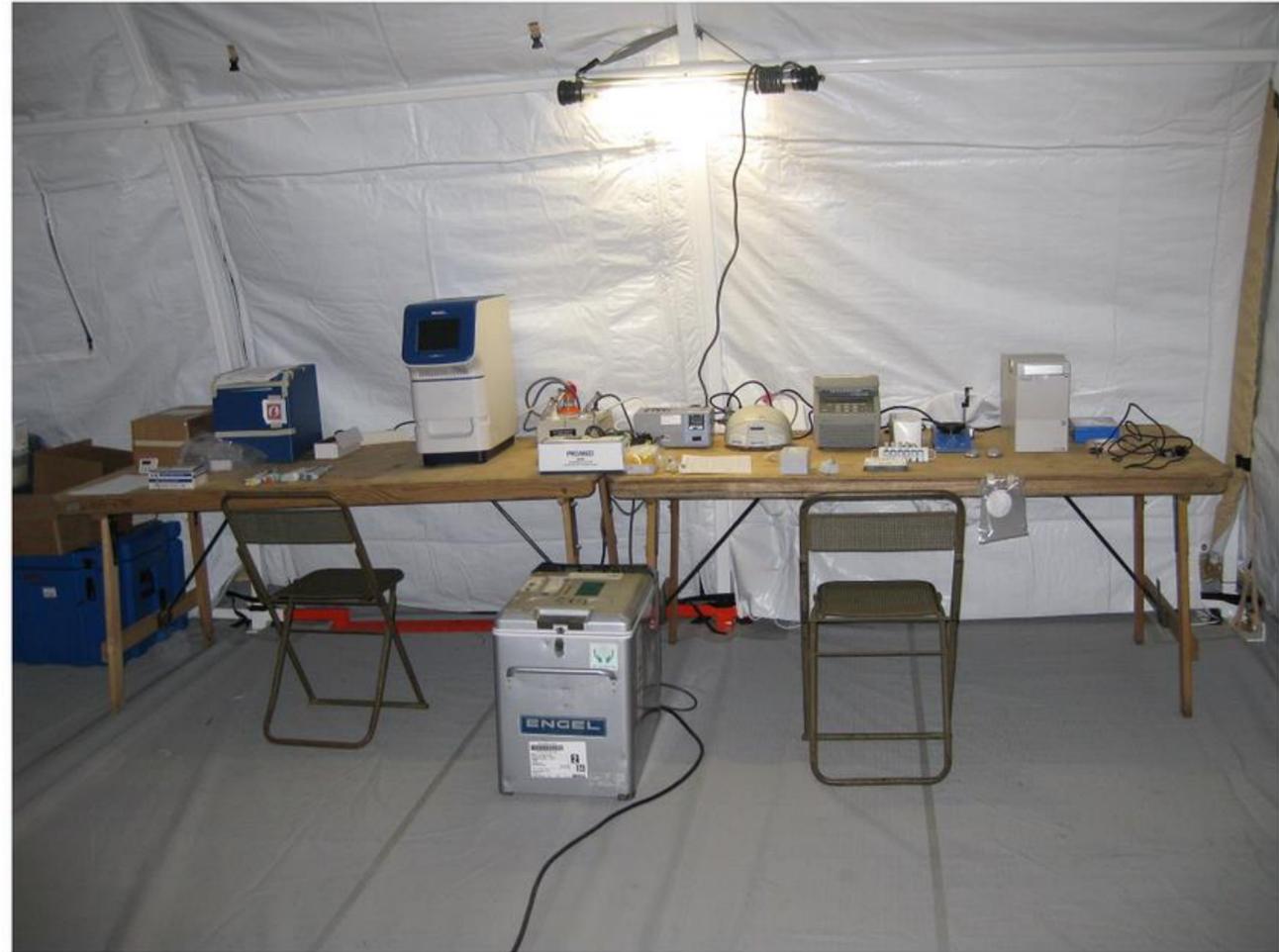
# Laboratorio extracción



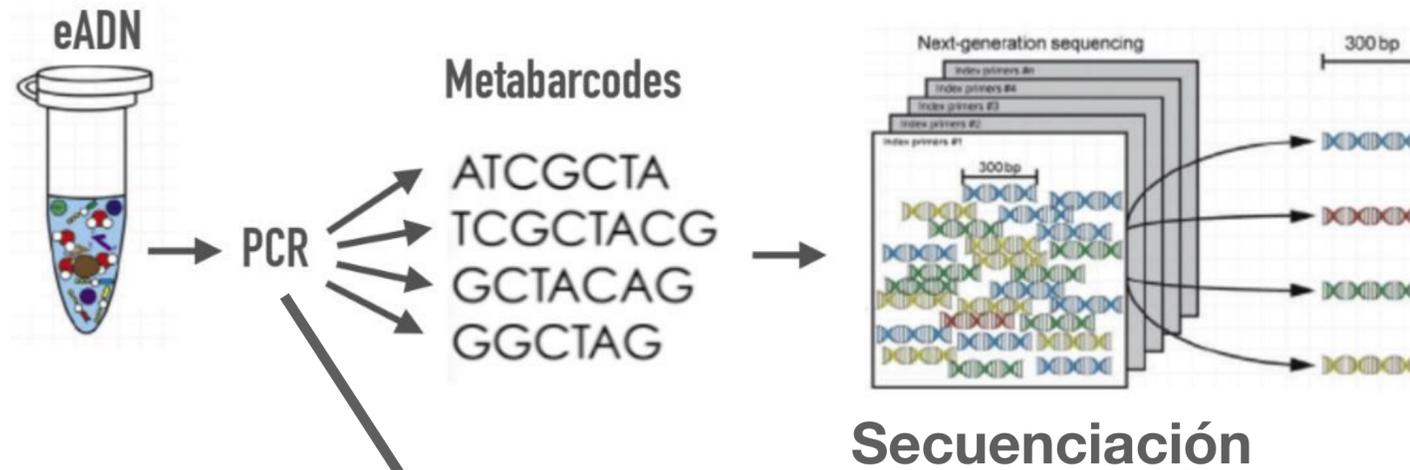
Extraer el ADN desde las muestras ambientales

**Possibilidades:** *in situ*, laboratorio propio o externo.

profesional(es) con experiencia en biología molecular



# Amplificación y secuenciación



Secuenciador y 'preparación de la librería'

Primers para el marcador(es) particular de estudio

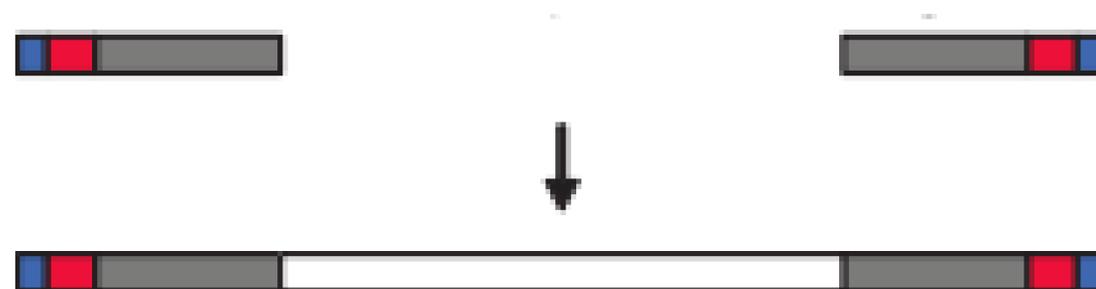
réplicas de PCR + controles de PCR

# Laboratorio amplificación



Amplificar marcador de interés y  
'marcar las muestras'

**Posibilidades:** laboratorio propio o  
externo.



profesional(es) con experiencia  
en biología molecular

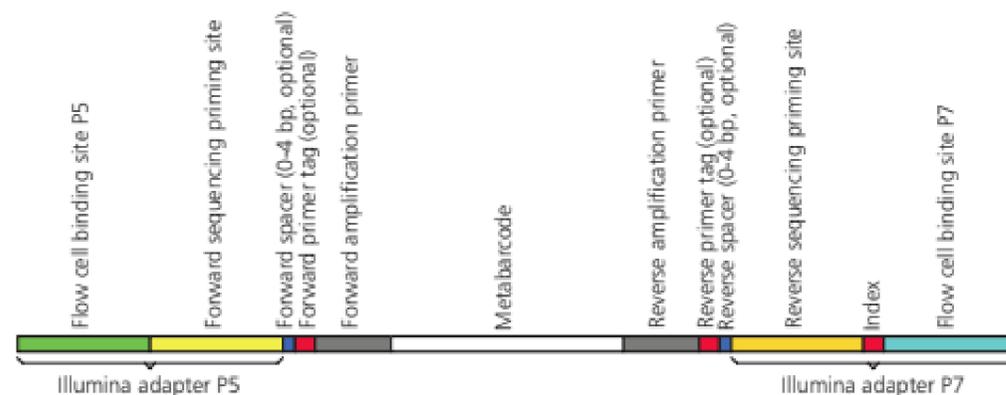
# Laboratorio secuenciación



Preparación de librerías de  
secuenciación y secuenciación de  
las muestras

**Possibilidades:** laboratorio propio o  
externo.

profesional(es) con experiencia  
en secuenciación de ADN



# Procedimiento *in silico* (bioinformática)

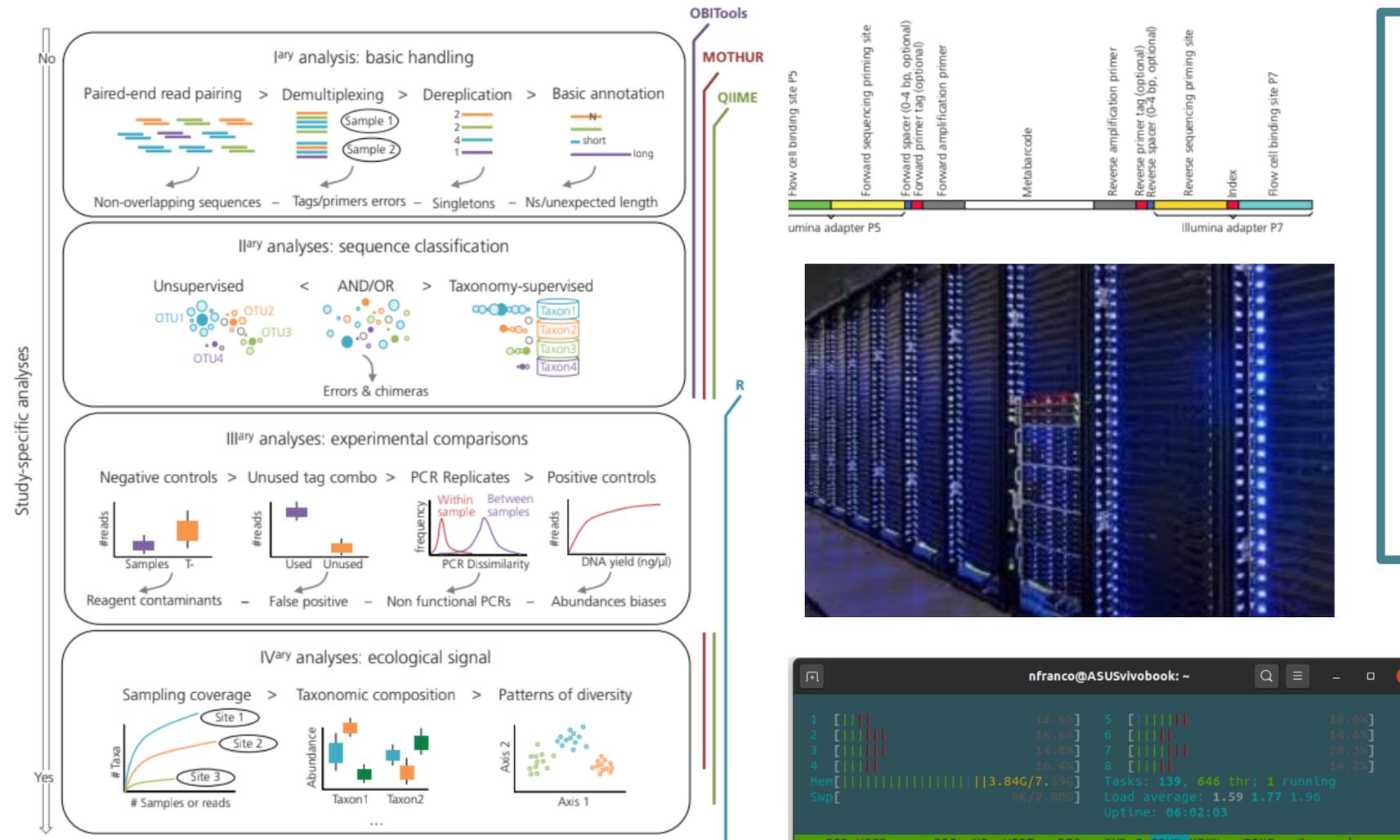
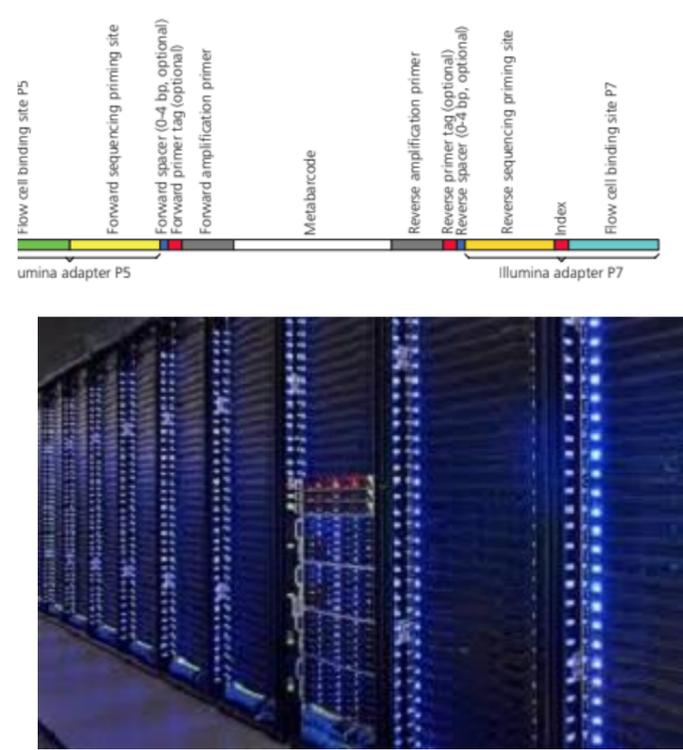


Fig. 8.1 DNA metabarcoding analysis workflow.



Análisis de los datos de secuenciación.  
**Posibilidades:** instalaciones propias o externo.

profesional(es) con experiencia en biología computacional y bioinformática

profesional(es) con experiencia en ecología molecular

```
nfranco@ASUSvivobook: ~
1 [||||| 12.6%] 5 [||||| 16.6%]
2 [||||| 16.6%] 6 [||||| 14.6%]
3 [||||| 14.6%] 7 [||||| 20.3%]
4 [||||| 16.4%] 8 [||||| 14.2%]
Mem[|||||] 3.84G/7.59G Tasks: 139, 646 thr; 1 running
Swp[|||||] 68/2.00G Load average: 1.59 1.77 1.96
Uptime: 06:02:03

PID USER PRI NI VIRT RES SHR S CPU% MEM% TIME+ Command
14823 nfranco 20 0 5964M 415M 125M S 45.5 5.3 34:46.77 /opt/zoom/zoom
1558 nfranco 9 -11 2474M 20340 15744 S 27.7 0.3 4h17:26 /usr/bin/pulsea
1793 nfranco 20 0 4530M 278M 108M S 19.8 3.6 39:48.88 /usr/bin/gnome-
17509 nfranco 20 0 9276M 719M 459M S 12.5 9.3 0:57.50 /opt/google/chr
14869 nfranco 20 0 5964M 415M 125M S 10.5 5.3 6:11.67 /opt/zoom/zoom
15129 nfranco 20 0 5964M 415M 125M S 9.2 5.3 3:13.71 /opt/zoom/zoom
14867 nfranco 20 0 5964M 415M 125M S 9.2 5.3 4:52.14 /opt/zoom/zoom
1647 nfranco 20 0 812M 72112 42452 S 9.2 0.9 12:53.68 /usr/lib/xorg/X
1660 nfranco -6 0 2474M 20340 15744 S 7.9 0.3 24:29.77 /usr/bin/pulsea
1659 nfranco -6 0 2474M 20340 15744 S 5.9 0.3 13:59.29 /usr/bin/pulsea
14870 nfranco 20 0 5964M 415M 125M S 5.9 5.3 4:07.70 /opt/zoom/zoom
2828 nfranco 20 0 646M 161M 101M S 5.3 2.1 14:51.08 /opt/google/chr
1471 root 35 15 617M 17280 8860 S 4.6 0.2 16:21.82 bin/guppy_basec
```

**Es fundamental que todo el  
proceso esté articulado desde  
su concepción hasta los análisis  
finales**



¡Muchas gracias por su  
atención!  
¿Preguntas?