



## Formation

# Caractérisation de la diversité taxonomique d'écosystèmes microbiens via le package QIIME

J1 :

## Quelques bases UNIX indispensables pour l'utilisation de QIIME

- Introduction UNIX (friendly)
- Règles de déplacement dans l'arborescence des Fichiers
- Manipulation de quelques Commandes basiques

J2 –J3:

## Analyse des données 16S via QIIME

- Assemblage de séquences 16S paired-end
- Démultiplexage & Contrôle qualité
- Identification des séquences Chimères
- Regroupement en OTUs
- Classification taxonomique
- Générer une visualisation interactive via **Krona**
- Normalisation table OTU
- Calcul des indices d'Alpha diversité
- Courbes de rarefaction
- Beta diversité : comparaison des échantillons
  - Distance Bray Curtis
  - UNIFRAC: distance phylogénique
  - Clustering UPGMA-jackknife
  - Méthode d'ordination (PCoA) & Biplot 3D
- Détermination d'un Core Microbiome
- Construction d'un network & visualisation en utilisant **Cytoscape**
- Quelques Tests statistiques possibles

J4 :

### **Analyse complémentaire sous Rstudio : Phyloseq**

- Importation des résultats issus de l'analyse Qiime
- Réalisation de table d'OTUs filtrés & transformations
- Recherche spécifique d'OTUs ou d'un groupe taxonomique particulier
- Réalisation de graphes associés :
  - Graph des indices
  - Graph phylogenie & abondance
  - Ordination sur une sélection d'OTUs
  - Etc

Remarque : Tout sera effectué sous forme de TP + des sessions sur des aspects théoriques