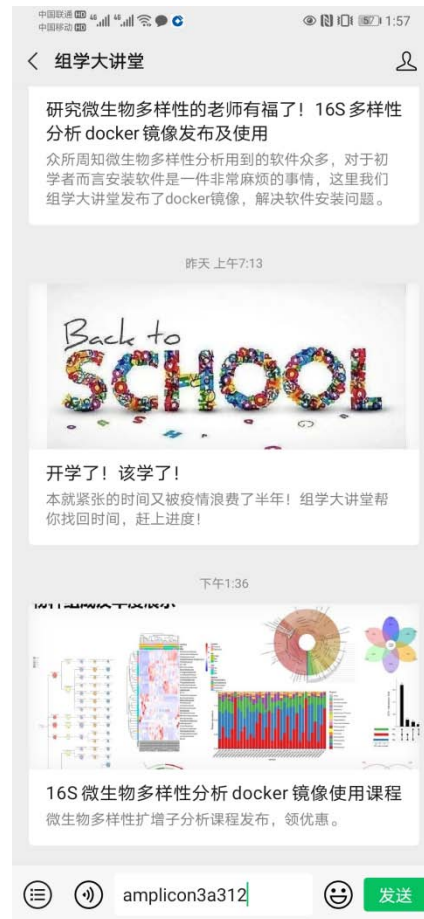


课程资料与代码领取方法

- 关注组学大讲堂服务号（微信扫码下方二维码关注）
 - 可获取课程更新、优惠、通知等
- 回复暗号：amplicon3a312
 - 即可获得资料下载地址



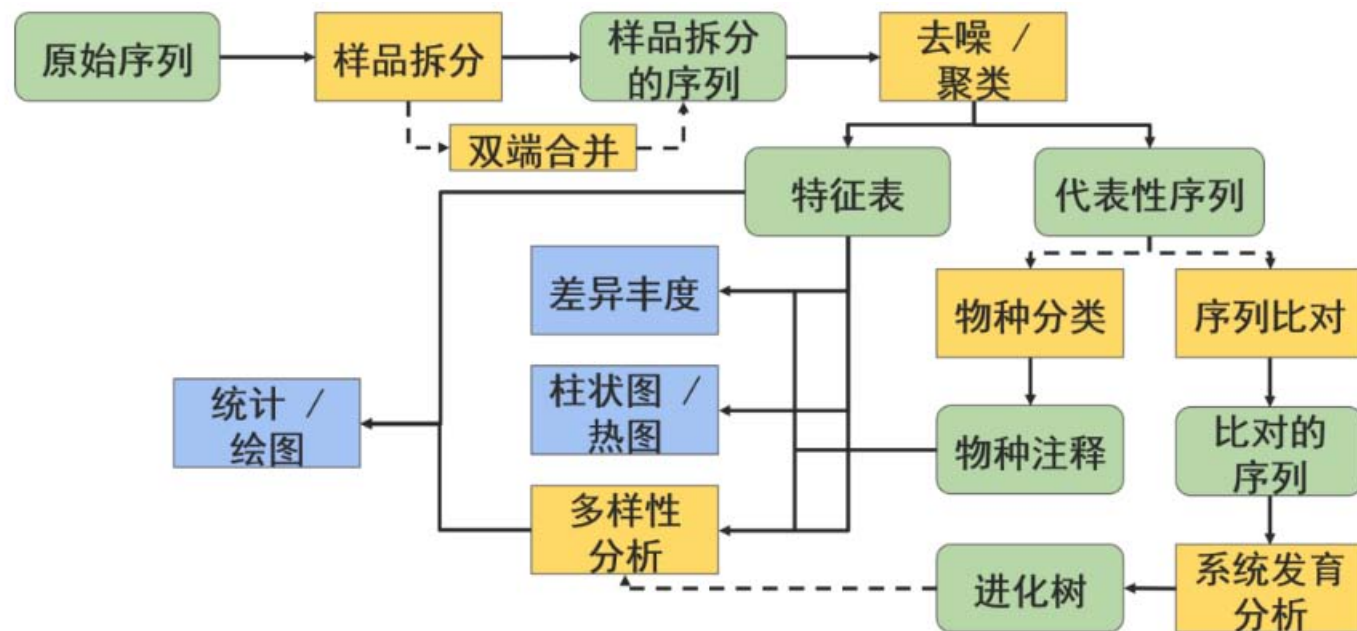


Qiime2分析流程

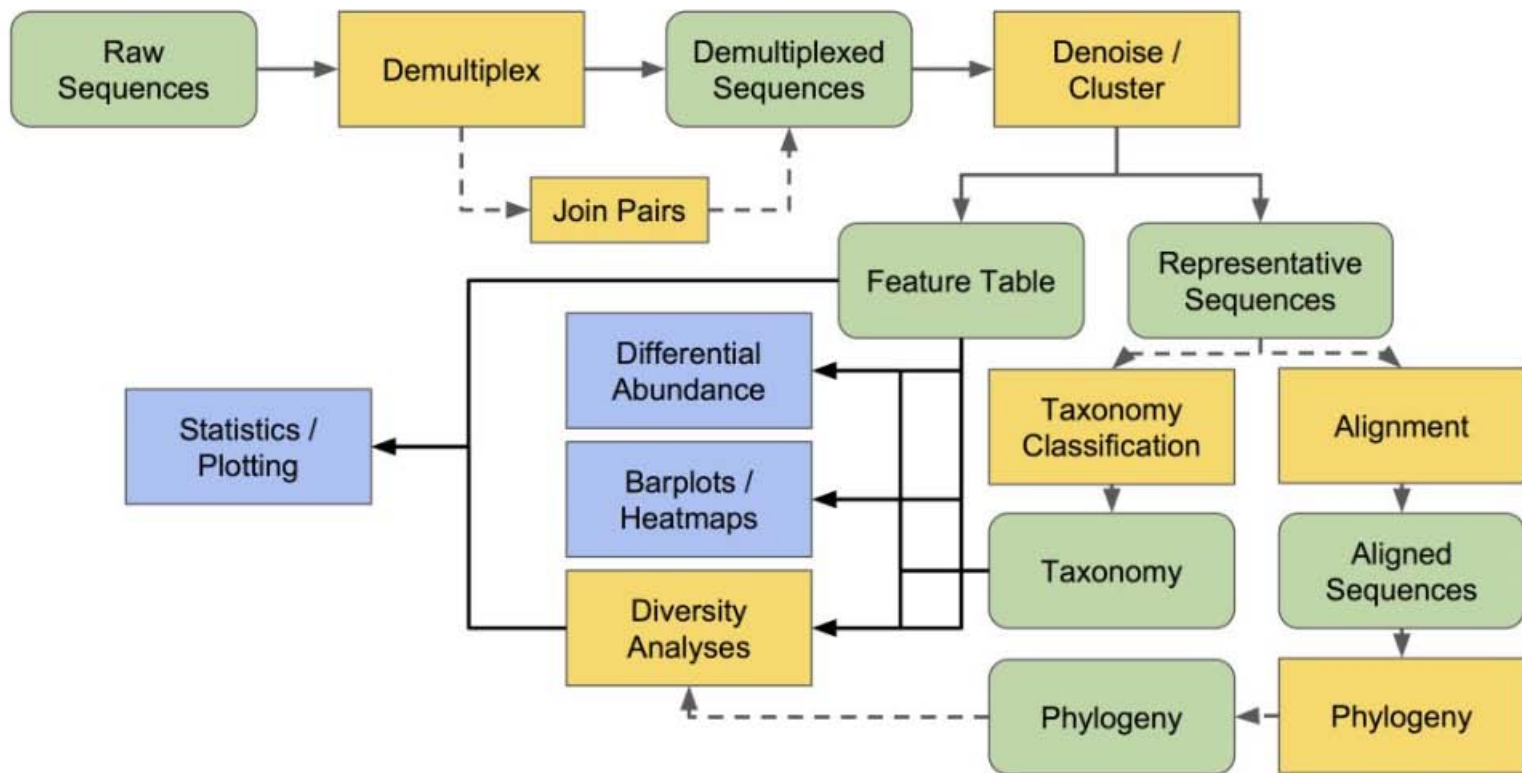
Qiime2分析流程介绍

■ 官方网站: <https://qiime2.org/>

■ 帮助网址: <https://docs.qiime2.org/2020.11/>



英文流程

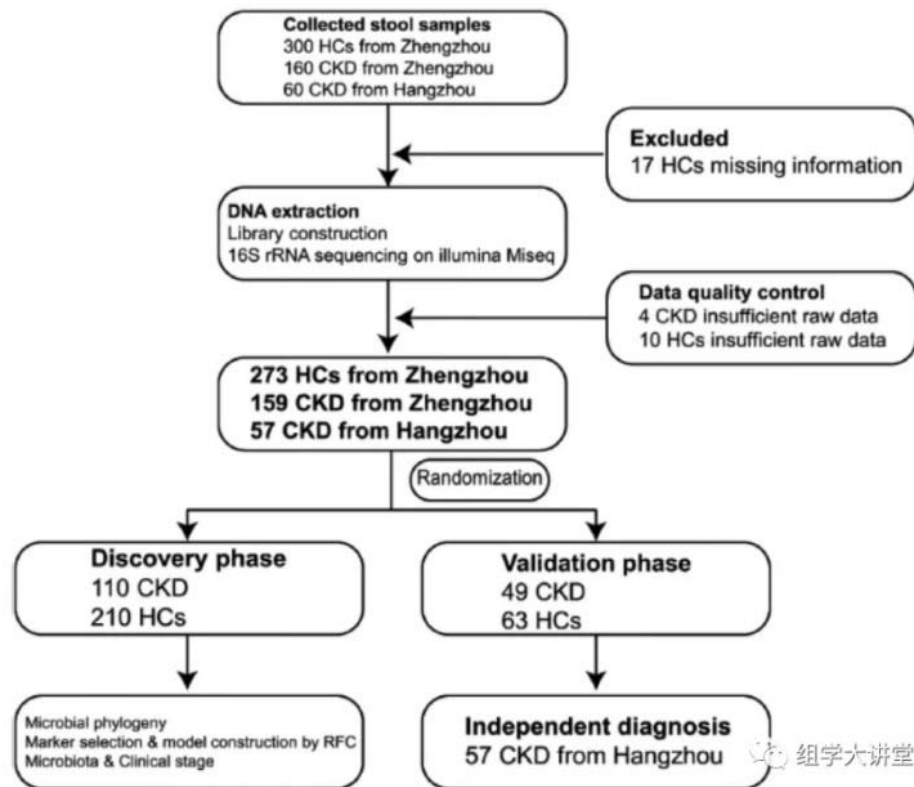


分析准备

- Qiime2镜像下载: `docker pull omicsclass/ampliseq-q2:v1.4`
 - 版本: 2020.8
- 镜像启动:
 - `docker run --rm -it -m 20G --cpus 2 -v D:\qiime2-16s:/work omicsclass/ampliseq-q2:v1.4`

课程测试用数据介绍

- 肠道微生物诊断慢性肾病（CKD）：
Advanced Science[IF:15.84]
- 该研究从中国郑州和杭州收集健康人与CKD患者的粪便样本共520份，通过微生物16S rRNA基因高通量测序，并用现在十分火热的机器学习的方法成功找到5个OTU可作为CKD的诊断标志物，可区分患者与对照AUC值达到0.9887。
- 文献解读地址：
<https://www.omicsclass.com/article/1382>



DOI: 10.1002/advs.202001936

Fastmap/metadata数据准备

- Tab分隔的表格文件，不用出现特殊字符：比如 空白 # 中文 \$ 等
- 第一列为样本名称：列名可以是

qiime2	qiime1
id	#SampleID
sampleid	#Sample ID
sample id	#OTUID
sample-id	#OTU ID
featureid	sample_name
feature id	
feature-id	

- 可以使用qiime metadata validate 检查metadata是否
- 更多 格式说明: <https://docs.qiime2.org/2020.11/tutorials/metadata/>

Qiime2 特征表分析feature table

- 去噪方法： 内存建议至少40G
 - Deblur ： 速度快， 只支持单端
 - Dada2 ： 速度非常慢， 支持单端和双端
 - 外部导入： usearch
- 聚类方法： vsearch



PICRUSt2功能预测

PICRUSt2 细菌功能预测原理

■ PICRUSt2改进:

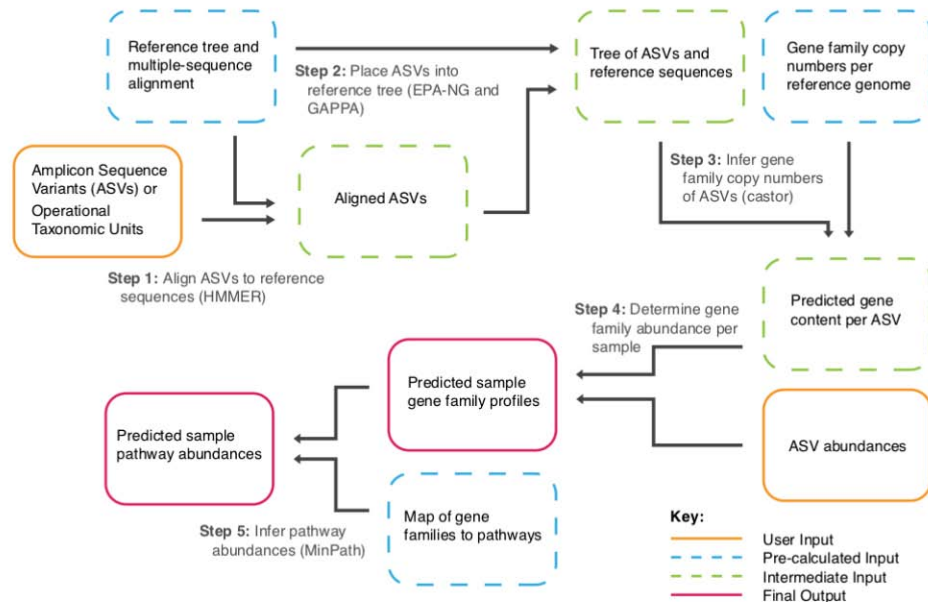
- 允许用户使用任何16S序列进行功能预测，上一版本只能使greengene

- 用于预测的参考基因组数据库扩大了10倍以上。IMG微生物基因组数据库介绍:

<https://www.omicsclass.com/article/1328>

■ 分析步骤:

- 比对-确定ASV序列进化树中的位置;
- 根据基因家族拷贝数预测宏基因组;



参考文献: <https://www.nature.com/articles/s41587-020-0548-6>

更多生物信息分析课程

- 1. 微生物数据分析相关课程: [微生物16S/ITS/18S分析原理及结果解读](#)、[OTU网络图绘制](#)、[cytoscape与网络图绘制课程](#)、[微生物16S/ITS/18S分析实操](#)
- 2. 生物信息入门到精通必修基础课: [linux系统使用](#)、[docker搭建生物信息分析环境](#)、[实验室linux生信分析平台搭建](#)、[linux命令处理生物大数据](#)、[perl入门到精通](#)、[perl语言高级](#)、[R语言画图](#)、[R语言快速入门与提高](#)、[python语言入门到精通](#)
- 3. 其他: [NCBI数据上传](#)、[二代fastq测序数据解读](#)、
- 4. 测序数据分析: [基因组重测序数据分析](#)、[转录组数据分析](#)
- 5. 组学大讲堂全部生物生信数据挖掘课程可点击: [组学大讲堂视频课程](#)

课程不断更新中

更多组学大讲堂课程可扫描二维码直达

