פרוטוקול עבודה עם סקריפטים:

להריץ:

bash

לפתוח תיקייה בשם raw_data ולהכניס לתוכה את הקבצים מהדרופבוקס:

mkdir -p raw data

לשים בתיקיית העבודה את קבצי הסקריפטים.

להריץ את הפקודה למעבר לquiime:

source /home/private/software/packages/miniconda2/bin/activate qiime2-2020.8

ליצור קובץ manifest.tsv שמכיל את שמות הדגימה, את הכתובת במובקס של הגדיל הforward ושל גדיל הרוורס:

```
| manifest - Notepad | File | Edit | Format | View | Help | Forward-absolute-filepath | Forward-absolute-filepath
```

שלב ראשון: סקריפט להמרת הקבצים לפורמט gza. ובדיקת איכות:

קלט: ה-path לתיקייה של האנליזה

דוגמת הרצה:

chmod 755 first_script_for_validation_check.sh path/to/the/directory
לאחר סיום פעולת הסקריפט יש לבדוק את איכות הקבצים בקובץ שנוצר- מספר רידים, איכות ריצוף
ומיקומי חיתוכים.

שלב שני: ביצוע trimming:

קלטים: מיקומי החיתוך. צד שמאל של גדיל ה-forward והרוורס (כלומר, המספר הנמוך יותר), ואז צד ימין.

chmod 755 second_script_for_trimming.sh LEFT_F LEFT_R RIGHT_F RIGHT_R
יש לבדוק את פלט החיתוך בקובץ שנוצר.

שלב שלישי:

ביצוע סינון לפי מספר רידים מינימלי לדגימה (דגימות עם פחות מערך הסף "יועפו"), וכן לפי מספר חזרות מינימלי של רצף, וביצוע קלסיפיקציה טקסונומית. (הערה: כרגע הסינון הזה נמחק ולא בשימוש, אם רוצים להשתמש בזה כדאי לבדוק)

```
chmod 755 third_script_for_filtering_and_classifying.sh
min_frequency_seq
```

לבדוק את קובץ הוויזואליזציה שיצא.

שלב רביעי:

ניקיון המידע מרצפי מיטוכונדריה, כלורופלסטים, ארכיאה ואאוקריוטה.

chmod 755 fourth script for filtering.sh

בדיקת הוויזואליזציה של התוצרים לאחר הניקוי.

שלב חמישי:

יצירת עץ והכנה לאלפא דייברסיטי:

chmod 755 fifth script for tree.sh

נוצר קובץ ויזואליזציה, שבו יש לבדוק את מספר הרידים הקטן ביותר. את המספר הזה ניתן כקלט לסקריפט הבא.

שלב שישי:

יצירת גרפים שונים לבדיקת דייברסיטי:

שני סוגים של אלפא ושניים של בטא, וכן גרף PCoA.

:קלטים

מספר הרידים הקטן ביותר שקיבלנו כפלט מהסקריפט הקודם, וכן שם העמודה ב-meta-data שלפיו נרצה לחשב בטא דייברסיטי.

chmod 755 sixth script for diversities.sh min frequency column

השלב האחרון בסקריפט כבר מתחיל לייצר לנו את הקבצים.

בסופו נפתח את קובץ otu_table.txt ונשנה ידנית את הכותרת בתוך קובץ הטקסט: נמחק את :#-ה ואת ה-#:

1 # Constructed from biom file 2 #OTU ID 394751-ON1_S136 394751-ON10_S145 394751-ON11_S146 394751-ON12_S147 394751-ON13_S148 394751-ON14_S149 394751

כך זה ייראה:

1 OTU ID 394751-0N1_S136 394751-0N10_S145 394751-0N11_S146 394751-0N12_S147 394751-0N13_S148 394751-0N14_S149 394751