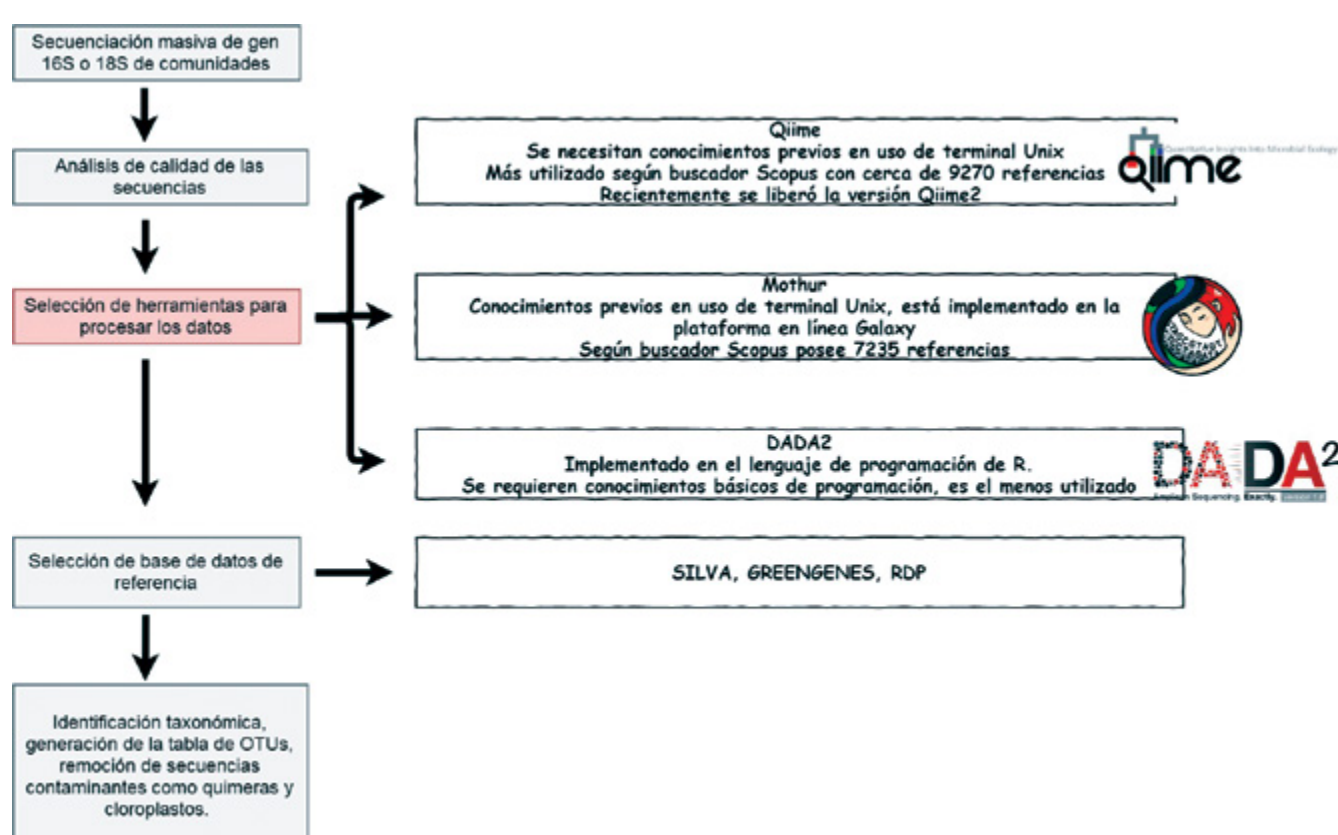


# Herramientas bioinformáticas para el análisis de diversidad de comunidades microbianas: Qiime, Mothur y DADA2

Laura Brenes-Guillén

El desarrollo de tecnologías de secuenciación masiva ha permitido generar datos de forma exponencial que junto a los avances en las herramientas computacionales permiten desarrollar un mejor abordaje de preguntas ecológicas a nivel de microorganismos. El desarrollo de estas tecnologías y programas empezó antes del año 2001 con la implementación de programas y estadísticas como ARB, DOTUR, SONS, -LIBSHUFF, UniFrac, AMOVA y HOMOVA<sup>1</sup>. Aunque estas herramientas fueron muy exitosas, tenían una serie de limitaciones a medida que aumentaba el número de secuencias y los estudios se volvían más complejos, por lo que surgen otros programas con la capacidad de procesar la información de millones de secuencias, los cuales son incorporados dentro de un flujo de análisis. Dentro de los programas que se utilizan actualmente para el análisis de comunidades microbianas a partir de datos de secuenciación del gen 16S, 18S, entre otros, se encuentran: Qiime, Mothur y DADA2.



Qiime (*Quantitative Insights Into Microbial Ecology*), es un conjunto de herramientas de acceso libre que se puede utilizar para el análisis de secuencias de comunidades de bacterias, arqueas y hongos generados a partir de datos de secuenciación de nueva generación. Dentro del protocolo incluye herramientas para el filtrado de las secuencias, identificación de **OTUs**, asignación taxonómica, reconstrucción filogenética, así como análisis de diversidad.

Qiime 2 reemplazó a Qiime 1 desde enero del 2018, por lo que los esfuerzos de apoyo y actualizaciones estarán enfocados en Qiime2. Esta **herramienta** incluye nuevos métodos de análisis, diferentes tipos de interfaces gráficas, las cuales son más amigables con el usuario, y posee nuevas actualizaciones interactivas. Existen además, un **foro** de dudas y consultas sobre errores que se generan durante el análisis tanto para Qiime1 como Qiime2, así como un **canal de YouTube** en el que el usuario puede revisar algunos tutoriales e información interactiva.

Mothur es un programa desarrollado por el Departamento de Microbiología e Inmunología de la Universidad de Michigan ([www.mothur.org](http://www.mothur.org)), cuya primera versión fue lanzada en el 2009, y la versión más reciente disponible es del año 2015. Al igual que Qiime, procesa los datos a partir de una interfaz de línea de comandos, sin embargo está implementado en la **plataforma Galaxy**, la cual es accesible para los usuarios con pocos conocimientos en programación. En esta plataforma también se encuentran manuales paso a paso, con datos reales que pueden servir de práctica para las personas interesadas en desarrollar este tipo de análisis. Además, herramientas remotas como Mobaxterm y Cyberduck proporcionan la interfaz necesaria para utilizar la terminal Unix en sistemas operativos como Windows, lo cual facilita el uso de programas como Qiime y Mothur desde la línea de comandos.

DADA2, por otro lado, fue desarrollado en el año 2016. Es un paquete disponible a través de **Bioconductor** y puede ser utilizado en el **lenguaje de programación R**. Existe documentación y tutoriales disponibles en **GitHub** de libre acceso.

La utilización de uno u otro procesador de datos generalmente depende del investigador o grupo de trabajo. Las principales diferencias han sido discutidas en **algunos blogs**, basándose en características como el lenguaje de programación, diseño, accesibilidad, reproducibilidad y visualización de los datos. Estos programas no solo son utilizados para el análisis de comunidades microbianas ambientales sino también en análisis de microbiota humana, por lo que resulta de gran importancia conocerlos, compararlos y aprovecharlos en los diferentes análisis.

**Estos programas no solo son utilizados para el análisis de comunidades microbianas ambientales sino también en análisis de microbiota humana, por lo que resulta de gran importancia conocerlos, compararlos y aprovecharlos en los diferentes análisis**

Laura Brenes-Guillén  
Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM), Universidad de Costa Rica  
San José, Costa Rica

## Imágenes

Microbios del suelo. **Image:** Courtesy of Pacific Northwest National Laboratory (CC BY-NC-SA 2.0)  
Flujo de análisis básico para datos de secuenciación del gen 16S o 18S de comunidades. Diagrama elaborado por Laura Brenes-Guillén

## Referencias

<sup>1</sup>Schloss, P. D., et al. (2009). Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. **Applied and environmental microbiology**, 75(23), 7537-7541.