

Tutorial de uso QIIME

(<https://www.researchgate.net/publication/339617066> Tutorial basico en espan

Github (<https://github.com/biocore/qiime>)

Primero instalar miniconda

(<https://docs.qiime2.org/2021.2/install/native/#install-qiime-2-within-a-conda-environment>)

Bioinformática microbiana

(<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime-1>)

Metagenomics-Bioinformatics

(<https://bioinformaticsworkbook.org/dataAnalysis/Metagenomics/Qiime2.html#gsc.tab=0>)

```
In [1]: !qiime --help
```

```
/bin/sh: qiime: command not found
```

INICIANDO CON QIIME

1) Los pasos fundamentales para analizar secuencias metagenómicas del 16S mediante QIIME son:

Comprobar archivo de metadatos (map.txt)

Obtención de OTUs (clasificación)

(<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime-1/qiime-detallado?authuser=0>)

Resumen de comunidades

(<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime-1/qiime-detallado?authuser=0>)

Obtención del bioma núcleo (core otus)

Diversidad alfa

Diversidad beta

Curvas de rarefacción

2) En la imagen MGlunix del VirtualBox se tiene instalado QIIME 1.9.0 y hemos preparado un script que realiza todos los comandos de QIIME para obtener todos los resultados básicos, salvo la comprobación del map.txt.

Solo es necesario tener en una carpeta el archivo con las secuencias y el archivo de metadatos, abrir una terminal en esa carpeta e invocar el script QIIME_1.9_ver.1.4.sh mediante el comando QIIME. Después de un tiempo y si no hay errores, termina generando varias carpetas y archivos.

Importante: si las secuencias están separadas por muestra (un archivo para cada muestra) es necesario unirlas en un solo archivo; esto se puede hacer con el comando. El script genera ya un archivo concatenado llamado all_samples.fasta

```
$ cat *.fna > FILE.fna
```

Scripts para QIIME:

validate_mapping_file.py – B – mmap.txt QIIME

Si se procesan las secuencias en el servidor **biobacter** (<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/Recursos-computacionales?authuser=0>), entonces podemos usar los siguientes comandos para ejecutar el script QIIME_analysis que llama al script **QIIME.biobacter.sh** (<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/1/qiime-biobacter-sh?authuser=0>):

qiime qiime> QIIME_analysis all_samples.fasta map.txt &

El primer comando (*qiime*) inicia un subshell para poder usar *qiime*. Una vez iniciado el subshell, ya podemos correr el script. **QIIME_analysis.sh** necesita el archivo generado por *mg_cleaner* llamado *all_samples.fasta* y un archivo con los datos de las muestras (*map.txt*, ver Preparación de metadatos (<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/metadatos?authuser=0>)).

Una detallada explicación del análisis se encuentra en la página del **WernerLab** (<http://www.wernerlab.org/teaching/qiime>) y para el script **QIIME.biobacter.sh** (<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime-1/qiime-biobacter-sh?authuser=0>).

Si se tiene una versión anterior de QIIME o se quieren hacer los comandos paso por paso, ver la subpágina (<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime-1/qiime-1-5?authuser=0>).