

# Bitácora creada para tomar como base los comandos para el uso del programa QIIME en metagenomas

**Elaborado por: Dra. Edith Elizondo Reyna**

Como parte de la estancia posdoctoral en el Departamento de Acuicultura bajo la dirección del Dr. Miguel Ángel del Río Portilla, CICESE, Ensenada. Período 2020-2021

## **Tutorial de uso QIIME**

**([https://www.researchgate.net/publication/339617066\\_Tutorial\\_ba](https://www.researchgate.net/publication/339617066_Tutorial_ba)**

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
```

```
Usage: qiime [OPTIONS] COMMAND [ARGS]...
```

## QIIME 2 command-line interface (q2cli)

-----

To get help with QIIME 2, visit <https://qiime2.org>.

To enable tab completion in Bash, run the following command or add it to your `.bashrc/.bash_profile`:

```
source tab-qiime
```

To enable tab completion in ZSH, run the following commands or add them to your `.zshrc`:

```
autoload bashcompinit && bashcompinit && source
tab-qiime
```

### Options:

```
--version    Show the version and exit.
--help       Show this message and exit.
```

### Commands:

<code>info</code>	Display information about current deployment.
<code>tools</code>	Tools for working with QIIME 2 files.
<code>dev</code>	Utilities for developers and advanced users.
<code>alignment</code>	Plugin for generating and manipulating alignments.
<code>composition</code>	Plugin for compositional data analysis.
<code>cutadapt</code>	Plugin for removing adapter sequences, primers, and other unwanted sequence from sequence data.
<code>dada2</code>	Plugin for sequence quality control with DADA2.
<code>deblur</code>	Plugin for sequence quality control with Deblur.
<code>demux</code>	Plugin for demultiplexing & view

ing sequence quality.	
diversity	Plugin for exploring community d
iversity.	
emperor	Plugin for ordination plotting w
ith Emperor.	
feature-classifier	Plugin for taxonomic classificat
ion.	
feature-table	Plugin for working with sample b
y feature tables.	
fragment-insertion	Plugin for extending phylogenies
.	
gneiss	Plugin for building compositiona
l models.	
longitudinal	Plugin for paired sample and tim
e series analyses.	
metadata	Plugin for working with Metadata
.	
phylogeny	Plugin for generating and manipu
lating phylogenies.	
quality-control	Plugin for quality control of fe
ature and sequence data.	
quality-filter	Plugin for PHRED-based filtering
and trimming.	
sample-classifier	Plugin for machine learning pred
iction of sample	
	metadata.
taxa	Plugin for working with feature
taxonomy annotations.	
vsearch	Plugin for clustering and derepl
icating with vsearch.	

## 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/qiime1/qiime-detallado?authuser=0>)**

**Resumen de comunidades**

**(<https://sites.google.com/a/ciad.mx/bioinformatica/home/metagenomica/qiime/qiime1/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/metage1/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/qiime/qiime-1/qiime-biobacter-sh?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>).**