

# k-mer Counters Tool Kit [KCTK]

## -MANUAL DE INSTALACIÓN -

### TABLA DE CONTENIDO

#### [1.DESCRIPCIÓN](#)

#### [2.REQUISITOS](#)

##### [BFCOUNTER](#)

[Descarga](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

##### [DSK](#)

[Descarga](#)

[Instalación](#)

##### [Jellyfish](#)

[Descarga](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

##### [KAnalyze](#)

[Descarga](#)

##### [KMC 2](#)

[Descarga](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

##### [Tallymer](#)

[Descarga](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

##### [Turtle](#)

[Descarga](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

#### [3.INSTALACIÓN](#)

[Clonar repositorio](#)

[Instalar librerías de python](#)

[Migrar base de datos](#)

[Arrancar el servidor](#)

#### [4.DATOS DE PRUEBA](#)

#### [5.SERVIDOR DE PRUEBA](#)

## 1.DESCRIPCIÓN

kmerCountersToolKit (KCTK) es un kit de herramientas para el conteo de k-mers. Este kit cuenta con los contadores de k-mers desarrollados en los últimos años y posee una interfaz gráfica orientada a la web que le permite al usuario la gestión de archivos, procesos y resultados de una manera rápida e intuitiva. Los resultados del conteo se muestran de forma estática por medio de texto y de forma dinámica por medio de una gráfica.

## 2.REQUISITOS

Las siguientes herramientas son necesarias para el correcto funcionamiento de este software.

### BFCOUNTER

#### Descarga

```
git clone https://github.com/pmelsted/BFCounter.git  
cd BFCounter
```

#### Compilación:

```
make
```

#### Instalación

BFCOUNTER no tiene un comando como "make install", por lo tanto es necesario hacer los enlaces simbólicos de la siguiente manera:

```
sudo ln -s /directorio/actual/BFCounter/BFCounter /usr/bin/
```

## DSK

### Descarga

```
wget http://gatb-tools.gforge.inria.fr/versions/bin/dsk-2.1.0-Linux.tar.gz  
tar xfv dsk-2.1.0-Linux.tar.gz  
cd dsk-2.1.0-Linux/bin
```

### Instalación

DSK no tiene un comando como "make install", por lo tanto es necesario hacer los enlaces simbólicos de la siguiente manera:

```
sudo ln -s /directorio/actual/dsk /usr/bin/  
sudo ln -s /directorio/actual/dsk2ascii /usr/bin/  
sudo ln -s /directorio/actual/h5dump /usr/bin/
```

## Jellyfish

### Descarga

```
git clone https://github.com/gmarcais/Jellyfish.git  
cd Jellyfish
```

### Compilación:

```
./configure --prefix=$HOME  
make -j 4
```

### Instalación

```
make install
```

## KAnalyze

### Descarga

```
wget http://downloads.sourceforge.net/project/kanalyze/v0.9.7/kanalyze-0.9.7-linux.tar.gz  
cd kanalyze-0.9.7-linux
```

Este software ya viene precompilado entonces no hay necesidad de compilar ni de instalar. Mediante la configuración de KCTK se reconocerá la ubicación de esta herramienta de conteo.

## KMC 2

### Descarga

```
git clone https://github.com/refresh-bio/KMC.git  
cd KMC
```

### Compilación:

```
make
```

### Instalación

KMC no tiene un comando como "make install", por lo tanto es necesario hacer los enlaces simbólicos de la siguiente manera:

```
cd bin  
ln -s /ubicación/actual/kmc /usr/bin  
ln -s /ubicación/actual/kmc_tools /usr/bin
```

## Tallymer

### Descarga

```
wget http://genometools.org/pub/genometools-1.5.8.tar.gz  
tar xvf genomertools-1.5.8.tar.gz  
cd genomertools-1.5.8
```

### Compilación:

```
make
```

### Instalación

```
sudo kmer install
```

## Turtle

### Descarga

```
wget http://genometools.org/pub/genometools-1.5.8.tar.gz  
tar xvf genomertools-1.5.8.tar.gz  
wget http://bioinformatics.rutgers.edu/Static/Software/Turtle/Turtle-0.3.1.tar.gz  
tar xvf Turtle-0.3.1.tar.gz  
cd Turtle-0.3.1.tar.gz
```

### Compilación:

```
make
```

## Instalación

Turtle no tiene un comando como "make install", por lo tanto es necesario hacer los enlaces simbólicos de la siguiente manera:

```
ln -s /ubicación/actual/aTurtle64 /usr/bin
```

## 3.INSTALACIÓN

### Clonar repositorio

```
git clone https://github.com/BioinfUD/kmerCountersToolKit.git  
cd kmerCountersToolKi
```

### Instalar librerías de python

```
pip install -r requirements.pip
```

### Migrar base de datos

```
rm db.sqlite3 && python manage.py migrate
```

### Arrancar el servidor

```
python manage.py runserver 80
```

## 4.DATOS DE PRUEBA

En la carpeta Test\_data encontrará algunos archivos que le servirán para probar las funcionalidades de este software, los archivos se describen a continuación:

- **Prueba\_1\_10k.fq:** Datos genómicos con diez mil lecturas
- **Prueba\_2\_5k.fq:** Datos genómicos con cinco mil lecturas

- **Prueba\_3\_2k.fq:** Datos genómicos con dos mil lecturas

## **5.SERVIDOR DE PRUEBA**

Actualmente hay una instancia de KCTK corriendo en un servidor de prueba del Centro de Cómputo del Alto Desempeno de la Universidad Distrital (CECAD). Puede acceder a él mediante el siguiente link: <http://bioinfud.com/kctk/>