

#Flujo de trabajo punto 2

- `mkdir` Punto2 #desde la misma jerarquía donde esta punto1
- `cd` Punto2
- `mkdir` evol1 evol2 referencia

#con la siguiente instrucción se copiaran el genoma indexado de la  
#primera entrega el cual es necesario para proceder con el punto 2

- `cp ../../ensambles/ancestral_assembly/contigs.fasta referencia/` #lfueron copiados con el path absoluto ya que es la mejor forma de mover una carpeta cando no se está ubicado donde se necesita
- `cp ../../ensambles/ancestral_assembly/contigs.fasta.fai referencia/`

#ahora enlazamos los archivos BAM del punto uno con estos para ocupar tanto espacio por el  
#peso de los archivos tanto para evol2 como evol1

- `cd` evol2
- `ln -s ~taxonomia_completa/Punto1/evol2/sam_to_bam/evol2_mapped_sorted.bam .`
- `ln -s ~taxonomia_completa/Punto1/evol2/sam_to_bam/evol2_mapped_sorted.bam .bai`
- `cd ../`
- `cd ../evol1`
- `ln -s ~taxonomia_completa/Punto1/evol1/sam_to_bam/evol1_mapped_sorted.bam .`
- `ln -s ~taxonomia_completa/Punto1/evol1/sam_to_bam/evol1_mapped_sorted.bam .bai .`

#ahora comenzamos con el llamado de variantes

- `cd ../`
- `cd ../evol2`
- `bcftools mpileup -B -Q 20 -f ../referencia/contigs.fasta evol2_mapped_sorted.bam | bcftools call -mv -Ov -o evol2_variantes.vcf`
- `cd ../`
- `cd ../evol1`

- `bcftools mpileup -B -Q 20 -f ../referencia/contigs.fasta evol1_mapped_sorted.bam | bcftools call -mv -Ov -o evol1_variantes.vcf`

#ahora haremos el filtrado de variantes

- `bcftools filter -e "QUAL < 30 || DP < 10" evol1_variantes.vcf -Ov -o evol1_variantes_filtradas.vcf`
- `cd ../`
- `cd evol2`
- `bcftools filter -e "QUAL < 30 || DP < 10" evol2_variantes.vcf -Ov -o evol2_variantes_filtradas.vcf`