

## #Flujo de trabajo – Punto 1

# Creamos las carpetas a usar con los siguientes comandos y descomprimos la base de datos minikraken v2

- `mkdir taxonomia_completa`
- `cd taxonomia_completa`
- `mkdir entrega2`
- `cd entrega2`
- `mkdir punto1`
- `tar -xvzf minikraken2_v2_8GB_201904.tgz` #(esto con el archivo .tgz en la carpeta "taxonomía\_completa")
- `mkdir databases`
- `mv minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE databases/`
- `mkdir evol1`
- `mkdir evol2`
- `cd evol1`
- `mkdir sam_to_bam reads_no_mapeados kraken_resultados bracken_resultados krona_visualization`
- `cd reads_no_mapeados`
- `samtools view -b -f 4 evol1.sorted.bam > evol1_unmapped.bam`  
`samtools fastq evol1_unmapped.bam > evol1_unmapped.fastq`
- `cd ../`
- `cd evol2`
- `mkdir sam_to_bam reads_no_mapeados kraken_resultados bracken_resultados krona_visualization`
- `cd reads_no_mapeados`
- `samtools view -b -f 4 evol2.sorted.bam > evol2_unmapped.bam`  
`samtools fastq evol2_unmapped.bam > evol2_unmapped.fastq`

#(creamos los sam\_to\_bam en caso de no haberlo hecho sino solo llamamos una copia)

```
- cd ../
- cd ../
- cd evol1
- cd sam_to_bam

- samtools view -b -@ 2 ../../../../ensambles/evol1_mapped.sam > evol1_mapped.
  bam
  samtools sort -@ 2 evol1_mapped.bam -o evol1_mapped_sorted.bam
  samtools index evol1_mapped_sorted.bam
```

#(lo mismo para evol1)

```
- cd ../
- cd reads_no_mapeados

- samtools fastq -f 4 -@ 2 ../sam_to_bam/evol1_mapped_sorted.bam -1 evol1_u
  nmapped_R1.fastq -2 evol1_unmapped_R2.fastq

- cd ../

- cd kraken_resultados

- $ kraken2 --db
  ~taxonomia_completa/databases/minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE/ \
    --threads 1 \
    --memory-mapping \
    --report evol2_kraken_report.txt \
    --output evol2_kraken_output.txt \
    ../reads_no_mapeados/evol2_unmapped.fastq
```

#verifica la ruta donde tienes la database y hacemos lo mismo para evol1

```
- cd ../
- cd ../

- cd evol1
```

- `cd kraken_resultados`
- `$ kraken2 --db  
~taxonomia_completa/databases/minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE/ \  
--threads 1 \  
--memory-mapping \  
--report evol1_kraken_report.txt \  
--output evol1_kraken_output.txt \  
../reads_no_mapeados/evol1_unmapped.fastq`
- `cd ../`
- `cd bracken_resultados`
- `bracken -d ~taxonomia_completa/databases/minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE  
/ \  
-i ../kraken_resultados/evol1_kraken_report.txt \  
-o evol1_bracken_species.txt \  
-l S \  
-t 10`

#con esto sacamos resultados de bracken y ahora haremos lo mismo para evol2

- `cd ../`
- `cd ../`
- `cd evol2`
- `cd bracken_resultados`
- `bracken -d ~taxonomia_completa/databases/minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE  
/ \  
-i ../kraken_resultados/evol2_kraken_report.txt \  
-o evol2_bracken_species.txt \  
-l S \  
-t 10`
- `cd ../`
- `cd krona_visualization`
- `ktImportTaxonomy -o evol2_krona_report.html ../kraken_resultados/evol2_kr  
aken_report.txt`

- `cd ../`
- `cd ../`
- `cd evol1`
- `cd krona_visualization`

- `ktImportTaxonomy -o evol1_krona_report.html ../kraken_resultados/evol1_kraken_report.txt`

#en caso de error con el krona correr este comando

- `sudo kronatools_updateTaxonomy`

# este fue todo el flujo de trabajo para el punto 1