

o de trabajo

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

#datos minikraken v2

mkdir taxonomia_completa

cd taxonomia_completa

mkdir punto1

tar -xzf minikraken2_v2_8GB_201904.tgz

#(esto con el archivo .tgz en la carpeta "taxonomía_completa")

mkdir databases

mv minikraken2_v2_8GB_201904_UPDATE databases/

cd taxonomía_completa

mkdir evol1

mkdir evol2

cd evol1

mkdir sam_to_bam reads_no_mapeados kraken_resultados bracken_resultados
krona_visualization

cd ../

cd evol2

mkdir sam_to_bam reads_no_mapeados kraken_resultados bracken_resultados
krona_visualization

cd sam_to_bam

samtools view -b -@ 2 ../../../../ensambles/evol2_mapped.sam > evol2_mapped.bam

samtools sort -@ 2 evol2_mapped.bam -o evol2_mapped_sorted.bam

samtools index evol2_mapped_sorted.bam

#(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_unmapped_R1.fastq -2 evol1_unmapped_R2.fastq
```

```
 #con esto extraemos los reads no mapeados de evol1 y los mismo haremos con evol2
```

```
cd ../
```

```
cd ../
```

```
cd evol2
```

```
cd reads_no_mapeados
```

```
samtools fastq -f 4 -@ 2 ../sam_to_bam/evol2_mapped_sorted.bam -1  
evol2_unmapped_R1.fastq -2 evol2_unmapped_R2.fastq
```

```
cd ../
```

```
cd kraken_resultados
```

```
kraken2 --db ../../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 debe estar en la jerarquia de las carpetas de cada  
 punto y hacemos lo mismo para evol1
```

```
cd ../
```

```
cd ../
```

```
cd evol1
```

```
cd kraken_resultados
```

```
kraken2 --db ../../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 ../../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 ../../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  
kltImportTaxonomy -o evol2_krona_report.html ../kraken_resultados/evol2_kr  
aken_report.txt  
cd ../  
cd ../  
cd evol1  
cd krona_visualization
```

```
ktlImportTaxonomy -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