



***Introducción a la línea de comandos y a la programación para análisis bioinformáticos.***

## Practico 2

Correr programas desde la terminal.

# Instalar un programa...

## Aspectos a considerar:

- o **sudo apt-get install spades**
  1. permisos administrador o instalación exclusiva para usuario.
  2. si existe en los repositorios de la distribución usar comando apt-get o bajar desde la web.
  3. En caso de bajarlo de la web, el programa es compilado o un ejecutable.

# Ejemplos de instalación

## Paquete EMBOSS: disponible en repositorio

1. Chequear si ya esta instalado y accesible.
2. Escribir “seqret -h”

```
andres@lbc1:~$ seqret -h
Read and write (return) sequences
Version: EMBOSS:6.6.0.0

Standard (Mandatory) qualifiers:
[-sequence]      seqall      (Gapped) sequence(s) filename and optional
                 format, or reference (input USA)
[-outseq]        seqoutall   [<sequence>.<format>] Sequence set(s)
                 filename and optional format (output USA)

Additional (Optional) qualifiers: (none)
Advanced (Unprompted) qualifiers:
-features        boolean    Use feature information
-firstonly       boolean    [N] Read one sequence and stop

General qualifiers:
-help            boolean    Report command line options and exit. More
                 information on associated and general
                 qualifiers can be found with -help -verbose
```

# Ejemplos de instalación

## Programas MUSCLE o BWA: disponible en repositorio

1. Chequear si ya está instalado y accesible.
2. Escribir “muscle”

```
[estudiantes@lbc1:~$ muscle
```

```
El programa «muscle» no está instalado.
```

```
Para ejecutar «muscle» solicite a su administrador que instale el paquete «muscle»
```

```
[andres@lbc1:~$ muscle
```

```
El programa «muscle» no está instalado. Puede instalarlo escribiendo:
```

```
sudo apt install muscle
```

**“sudo apt-get install muscle”**

# Ejemplos de instalación

## **Programa SPADES: ejecutables python y binarios**

1. <http://spades.bioinf.spbau.ru/release3.10.1/manual.html>

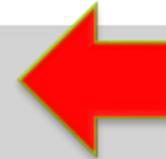
## 2. Installation

SPAdes requires a 64-bit Linux system or Mac OS and Python (supported versions are 2.4, 2.5, 2.6, 2.7, 3.2, 3.3, 3.4 and 3.5) to be pre-installed on it. To obtain SPAdes you can either download binaries or download source code and compile it yourself.

### 2.1 Downloading SPAdes Linux binaries

To download [SPAdes Linux binaries](#) and extract them, go to the directory in which you wish SPAdes to be installed and run:

```
wget http://cab.spbu.ru/files/release3.10.1/SPAdes-3.10.1-Linux.tar.gz
tar -xzf SPAdes-3.10.1-Linux.tar.gz
cd SPAdes-3.10.1-Linux/bin/
```



In this case you do not need to run any installation scripts – SPAdes is ready to use. The following files will be placed in the `bin` directory:

- `spades.py` (main executable script)
- `dipspades.py` (main executable script for [dipSPAdes](#))
- `metaspades.py` (main executable script for [metaSPAdes](#))
- `plasmidspades.py` (main executable script for [plasmidSPAdes](#))
- `rnapspades.py` (main executable script for [rnaSPAdes](#))
- `truspades.py` (main executable script for [truSPAdes](#))
- `hammer` (read error correcting module for Illumina reads)
- `ionhammer` (read error correcting module for IonTorrent reads)
- `spades` (assembly module)
- `bwa-spades` ([BWA](#) alignment module which is required for mismatch correction)
- `corrector` (mismatch correction module)
- `dipspades` (assembly module for highly polymorphic diploid genomes)
- `scaffold_correction` (executable used in truSPAdes pipeline)

We also suggest adding SPAdes installation directory to the `PATH` variable.



# Ejemplos de instalación

## Programa KMACs: compilado

<http://kmacs.gobics.de/>

1. wget  
http://kmacs.gobics.de/content/kmacs.tar.gz
2. tar xvfz kmacs.tar.gz
3. less README
4. make
5. cp binary to bin folder (usr/local/bin or /bin)

# Ejemplos de instalación

## Programa HMMER: binarios

<http://hmmer.org/download.html>

1. `wget`  
`http://eddylab.org/software/hmmer3/3.1b2/hmmer-3.1b2-linux-intel-x86_64.tar.gz`
2. `tar xvzf hmmer-3.1b2-linux-intel-x86_64.tar.gz`
3. agregar el directorio “binaries” to path

# Correr programas:

- Definir:

1. Archivos de entrada (argumentos)
2. Opciones
3. Donde esta instalado? (bin, local/bin o directorio)