

AbEst

Estimación de abundancia

MANUAL DE INSTALACIÓN

[MANUAL TÉCNICO ESTIMACIÓN DE ABUNDANCIA WEB](#)

[DESCRIPCIÓN](#)

[REQUISITOS](#)

[Bowtie](#)

[Samtools](#)

[Descarga:](#)

[Compilación:](#)

[Instalación](#)

[eXpress](#)

[Descarga](#)

[Instalación](#)

[INSTALACIÓN](#)

[Clonar repositorio](#)

[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 0.0.0.0:80](#)

[DATOS DE PRUEBA](#)

DESCRIPCIÓN

AbEst facilita el proceso de realizar estimación de abundancia en un análisis RNA-Seq principalmente a los investigadores no relacionados con el área de informática brindando una interfaz amigable para el usuario de herramientas que solo están disponibles para uso a través de línea de comandos.

REQUISITOS

Bowtie

Descargar e instalar bowtie (versión 0.12.9) desde <http://sourceforge.net/projects/bowtie-bio/files/bowtie/> y dejar disponible en el PATH.

Samtools

Herramienta de conversión entre distintos formatos de archivo.

Descarga:

```
wget http://sourceforge.net/projects/samtools/files/samtools/1.1/samtools-1.1.tar.bz2
tar -bjf samtools-1.1.tar.bz2
cd samtools-1.1
```

Compilación:

```
make
```

Instalación

Es necesario hacer un enlace simbólico una vez instalado para dar compatibilidad con otras herramientas:

```
mkdir /usr/bin/sam
ln -s $PWD/samtools /usr/bin/sam/
ln -s bcftools/ /usr/bin/
ln -s $PWD/samtools /usr/bin/
```

eXpress

Descarga

```
wget
http://bio.math.berkeley.edu/eXpress/downloads/express-1.5.1/express-1.5.1-linux_x86_64.tg
Z
tar -xzf express-1.5.1-linux_x86_64.tgz
cd express-1.5.1
```

Instalación

```
ln -s $PWD/express /usr/bin
```

INSTALACIÓN

Clonar repositorio

```
git clone https://github.com/BioinfUD/AbEst.git
```

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 0.0.0.0:80
```

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:

- **ecoli.fa:** Archivo de referencia para mapear lecturas.
- **s_1_1_10k.fq y s_1_2_10k.fq:** Lecturas de insumo para la sección de mapeo.
- **mapped.bam:** Mapeo de las lecturas previamente nombradas listo para estimar abundancia.

SERVIDOR DE PRUEBA

Actualmente hay una instancia de AbEst corriendo en un servidor de prueba del Centro de Cómputo del Alto Desempeno de la Universidad Distrital (CECAD). Puede acceder a el accediendo a <http://200.69.103.29:21050/AbEst>.