

# DifExp

## Expresión Diferencial

# MANUAL DE INSTALACIÓN

### DESCRIPCIÓN

### REQUISITOS

#### Trinity

Descarga

Compilación:

Instalación

Configuración en el PATH

#### Bowtie

#### Rsem

Descarga:

Compilacion:

Instalacion:

#### R

Instalación

#### EdgeR

Instalación

### INSTALACIÓN

Clonar repositorio

Instalar librerías de python

Migrar base de datos

Arrancar el servidor

### DATOS DE PRUEBA

## DESCRIPCIÓN

DifExp facilita el proceso de realizar expresión diferencial 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

Las siguientes herramientas son necesarias para el correcto funcionamiento de este software.

### Trinity

#### Descarga

```
wget http://sourceforge.net/projects/trinityrnaseq/files/trinityrnaseq_r20140413.tar.gz
tar -xzf trinityrnaseq_r20140413.tar.gz
cd trinityrnaseq_r20140413
```

#### Compilación:

```
make
```

#### Instalación

Trinity no tiene un comando como "make install", por lo tanto es necesario hacer los enlaces simbólicos de la siguiente manera:

```
ln -s $PWD/Trinity /usr/bin
ln -s /Software/trinityrnaseq_r20140413/util/insilico_read_normalization.pl /usr/bin/
ln -s /Software/trinityrnaseq_r20140413/util/align_and_estimate_abundance.pl /usr/bin/
ln -s /Software/trinityrnaseq_r20140413/util/run_Trinity_edgeR_pipeline.pl /usr/bin/
ln -s $PWD/support_scripts /usr/bin
```

## Configuración en el PATH

Se debe editar el archivo `/etc/bash.bashrc` y agregar las siguientes líneas:

```
TRINITY_HOME="/Software/trinityrnaseq_r20140413/"  
export TRINITY_HOME
```

## Bowtie

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

## Rsem

Descarga:

```
wget http://deweylab.biostat.wisc.edu/rsem/src/rsem-1.2.12.tar.gz  
  
tar -xzf rsem-1.2.12.tar.gz  
  
cd rsem-1.2.12
```

Compilacion:

```
make
```

Instalacion:

```
for el in $(dir -1 rsem-*); do ln -s $PWD/$el /usr/bin/; done  
  
ln -s $PWD/convert-sam-for-rsem /usr/bin/  
  
ln -s $PWD/extract-transcript-to-gene-map-from-trinity /usr/bin/
```

## R

Software estadístico.

## Instalación

```
aptitude install r-base
```

## EdgeR

Paquete de R para realizar análisis de Expresión diferencial.

## Instalación

-5-

.

.0

```
aptitude install r-bioc-edger
```

```
R
```

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
```

```
biocLite("DESeq")
```

## INSTALACIÓN

### Clonar repositorio

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

### 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 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:

- **Moca\_healthy.results y Moca\_bad.results:** Archivos de entrada para “Abundancias a matriz”, a partir de estos archivos se forma una matriz la cual es el insumo para la expresión diferencial.
- **ecoli.fa:** Archivo de referencia para alinear lecturas en la sección de “Alinear y estimar abundancia”.
- **s\_1\_1\_10k.fq y s\_1\_2\_10k.fq:** Lecturas para alinear y generar estimación de abundancia en la sección de “Alinear y estimar abundancia”
- **Coral.counts.matrix:** Matriz de ejemplo lista para probar la sección de “Expresión diferencial”.

## SERVIDOR DE PRUEBA

Actualmente hay una instancia de DifExp 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/DifExp> .