

Посмотрите справку по программе FastQC (имеется ввиду вариант для запуска в терминале) и определите, **какие форматы данных** он может принимать **на вход**.

Если вы хотите попробовать запустить FastQC на каких-то реальных данных, то можете попробовать на [этом файле](#).

**Подсказка:** если программы FastQC еще нет на вашем компьютере, то её можно установить командой `sudo apt-get install fastqc` (или в некоторых версиях еще: `bio-linux-fastqc`) или найдя её в Software Center по запросу `fastqc`.

К сожалению, на некоторых дистрибутивах Linux у вас может не получиться установить FastQC описанным способом (по ключевым словам `fastqc` и `bio-linux-fastqc` ничего не будет найдено). В этом случае установка будет сложнее, описываем её подробнее.

1. Откройте терминал, попробуйте выполнить команду `java`. Если получите сообщение, что такая команда не найдена, то переходите к шагу 2, иначе сразу к шагу 3.
2. Вам нужно установить `java`, например, на Ubuntu это можно сделать с помощью `sudo apt-get install default-jre`.
3. Скачайте и распакуйте [архив](#) с FastQC (можно это сделать прямо в терминале с использованием `wget` и `unzip`).
4. Файл запуска FastQC называется `fastqc` и лежит той директории, куда произошла распаковка архива, например, `/home/bi/FastQC/fastqc`. Перед первым запуском его нужно сделать исполняемым (при помощи `chmod +x`).
5. Запускать файл `fastqc` можно как и любую другую программу в терминале (например, через `./fastqc` из директории, где он лежит или из любой другой директории задав абсолютный путь до `fastqc`, см. [соответствующее занятие](#)). Если запустить его без параметров, то будет открыта графическая версия программы, а если указать опции или аргументы, например, `-help`, то будет запущена версия для терминала.

**Выберите все правильные ответы из списка**

☒ Здорово, всё верно.

Вы решили сложную задачу, поздравляем! Вы можете [помочь другим](#) учащимся в комментариях.

- ☐ seq
- ☒ bam\_mapped, sam\_mapped
- ☒ bam, sam
- ☒ fastq

Следующий шаг

Решить снова