

# solve APP -> Srst2 + S.suis pipeline

<https://github.com/katholt/srst2/blob/master/scripts/srst2.py>

Line 180 - Line 189 calling srst2.py

```
1 #CHECK IF STRAIN ACTUALLY BELONGS TO THE SPECIES STREPTOCOCCUS SUIS
2 mkdir "recN";
3 chdir "recN";
4 if($SingleOrPaired eq "pe"){
5     system("srst2.py --input_pe $fastq_directory/*.fastq --forward $forward --reverse
$reverse --output $scoresName\_recN --log --gene_db $recN_input --forward $forward --reverse
$reverse --save_scores");
6 }
7 elseif($SingleOrPaired eq "se"){
8     system("srst2.py --input_se $fastq_directory/*.fastq --output $scoresName\_recN --log --
gene_db $recN_input --save_scores");
9 }
```

## For the paired strain input:

```
srst2.py
--input_pe $fastq_directory/*.fastq
--forward $forward
--reverse $reverse
--output $scoresName\_recN
--log
--gene_db $recN_input
--forward $forward
--reverse $reverse
--save_scores
```

## For the single strain input:

```
srst2.py
--input_se $fastq_directory/*.fastq
--output $scoresName\_recN
--log
--gene_db $recN_input
--save_scores
```

## my @commands if paired

```
srst2.py
--input_pe $ss
--forward $forward
--reverse $reverse
--output $scoresName\_MLST
--log
--mlst_db $MLST_input
--mlst_definitions $MLST_definitions_file
--save_scores
```

```
srst2.py
--input_pe $ss
--forward $forward
--reverse $reverse
--output $scoresName\_VirulenceFactors
--log
--gene_db $virulence_input
--save_scores
```

```
srst2.py
--input_pe $ss
--forward $forward
--reverse $reverse
--output $scoresName
--log
--mlst_db $fasta_input
--mlst_definitions $definitions_file
--save_scores
```

## my @commands if single

```
srst2.py
--input_se $ss
--output $scoresName\_MLST
--log
--mlst_db $MLST_input
--mlst_definitions $MLST_definitions_file
--save_scores
```

```
srst2.py
--input_se $ss
--output $scoresName\_VirulenceFactors
-log
--gene_db $virulence_input
--save_scores
```

```
srst2.py
--input_se $ss
--output $scoresName
-log
--mlst_db $fasta_input
--mlst_definitions $definitions_file
--save_scores
```