orientação 05/08

<https://github.com/SusanaFreitas/Misc/blob/master/Tutorial_Jordana>

<https://github.com/new>

**Conectar VPN CiBio**: para acesso a rede domestica de wifi do CiBio

Username: jmilene

Password: JMilene2019#

###

**Acessar ao servidor do CiBio por via Ubuntu**

[http://hpc.i3s.up.pt](http://hpc.i3s.up.pt/" \t "https://outlook.live.com/mail/inbox/id/_blank) - informações como navegar e usar as funcionalidades do servidor

Link para acessar o server: totoro.i3s.up.pt

username: jordana\_mileny\_ce

pass: 3fJAgTrfKBz

Command: ssh jordana\_mileny\_ce@totoro.i3s.up.pt

ou usar o atalho "cibio"

* **Comandos mais usuais**

cd ../ - sobe um nível a partir de onde estou

cd - procurar a pasta que se encontra os ficheiros

ls \*.gz | wc -l - contar ficheiros

zless - visualizar ficheiros de texto comprimidos

less - visualizar ficheiros de texto

ll - listar

mv - mover (command can be used the same way as cp, but it will move the file instead of copying it. mv can also be used to rename a file by doing “mv TestFile.txt TestFile-Renamed.txt”

pwd - orienta qual pasta estou

**Commands poucos usados do FastQC**

- o --outdir: armazenar na pasta escolhida após término da corrida

-- casava: técnica de sequenciamento

-- nano: téc. de seq.

-c -- contaminants: reconhece os contaminantes e adaptadores

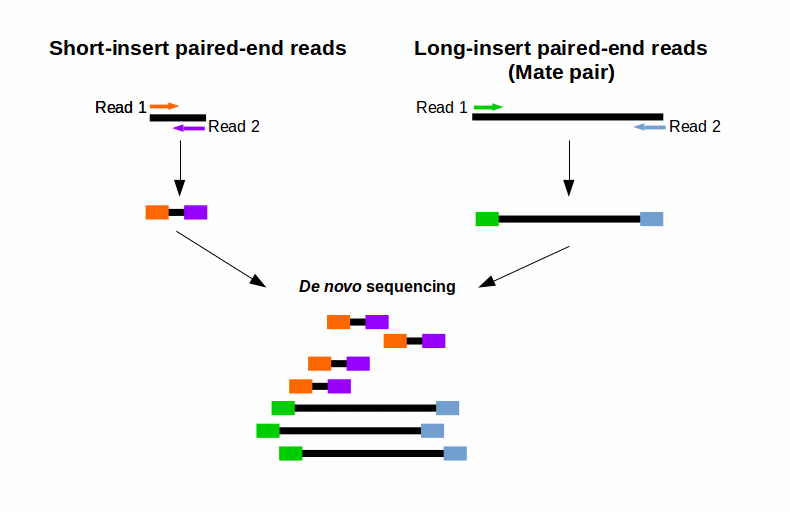
-k -- kmers:

Mais informações: <http://hpc.i3s.up.pt/quickstart/bash_commands.html>

**###Para analisar a qualidade das reads:**

<https://en.m.wikipedia.org/wiki/FASTQ_format>

[https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/bad\_sequence\_fastqc.html#M7](https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/bad_sequence_fastqc.html" \l "M7)



* FastQC software: determinar os comandos

1. editar e levar p scrip (linha de comando) para o servidor que se encontra no ficheiro.txt
2. sbatch: correr as sequencias no FastQC (Digito o comando e digo quais ficheiros devem ser analisados, neste caso, 01\_fastqc.sh)

squeue -u jordana\_mileny\_ce: para ver o status da corrida

**Output das reads fastqc**

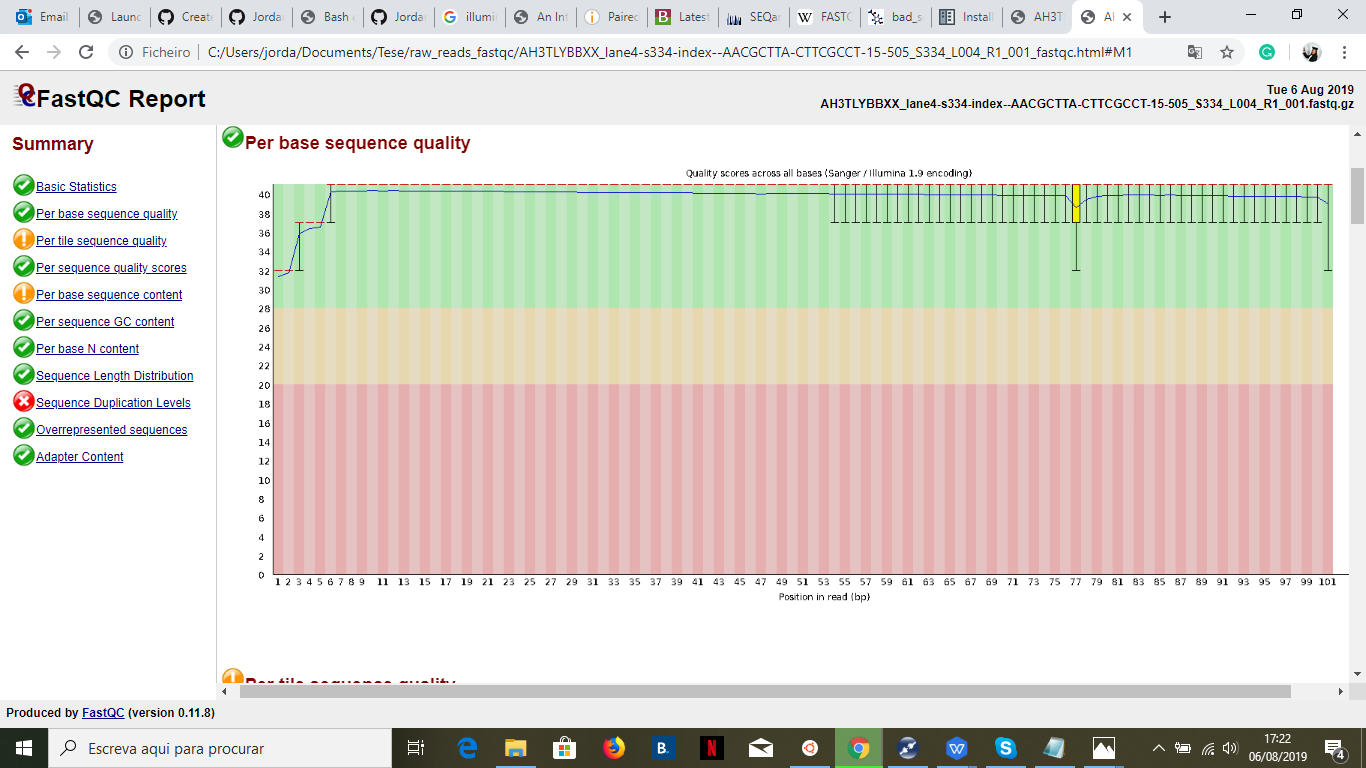
Copiar desde o servidor para meu computador: usar o comando scp usar o endereço do ficheiro onde está o que quero copiar, determinar quais os ficheiros ou pastas que quero copiar, colocar o formato em que estão os ficheiros, \*.zip, por exemplo, e depois determinar para onde vais mandar no computador.

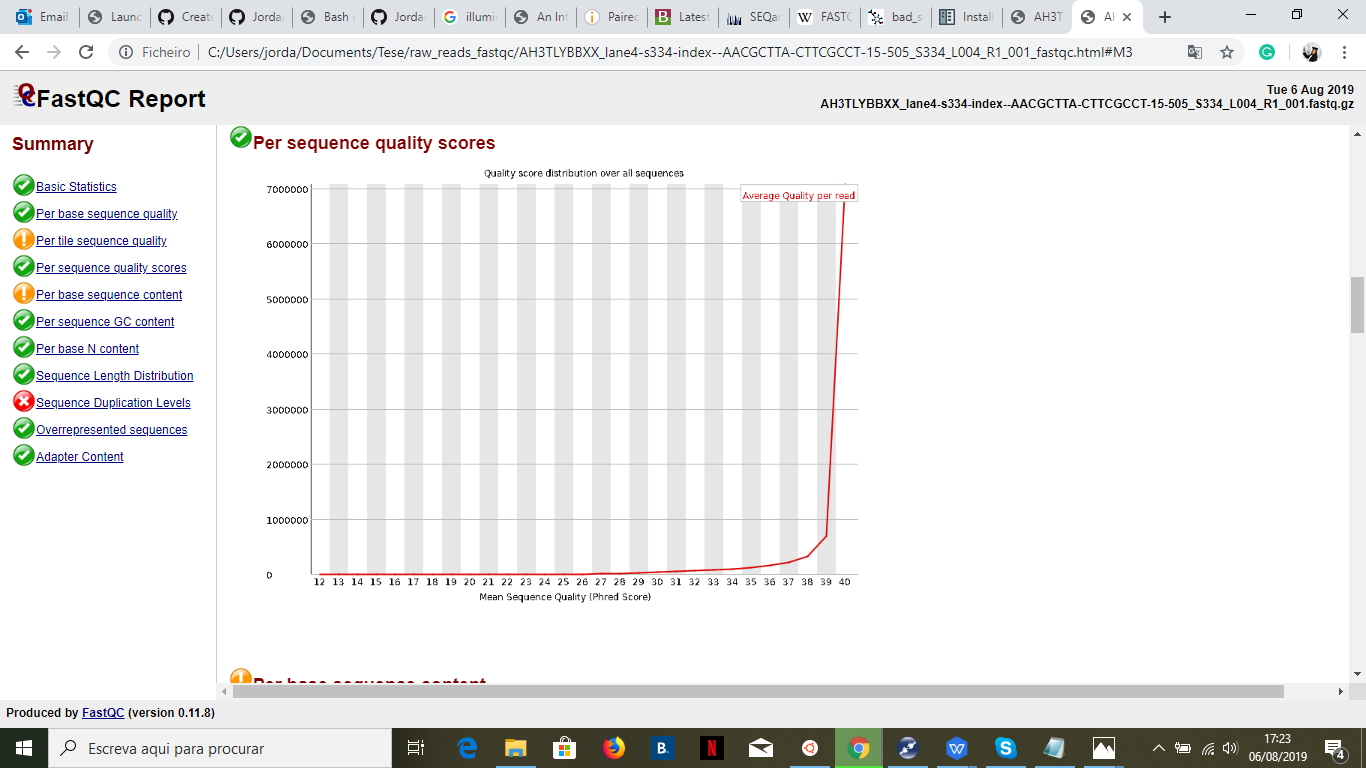
scp [jordana\_mileny\_ce@totoro.i3s.up.pt:](mailto:jordana_mileny_ce@totoro.i3s.up.pt:)/mnt/CIBIO/homes/jordana\_mileny\_ce/darevskia/raw\_reads/fastqc/\*html /mnt/c/Users/jorda/Documents/tese/raw\_reads\_fastqc

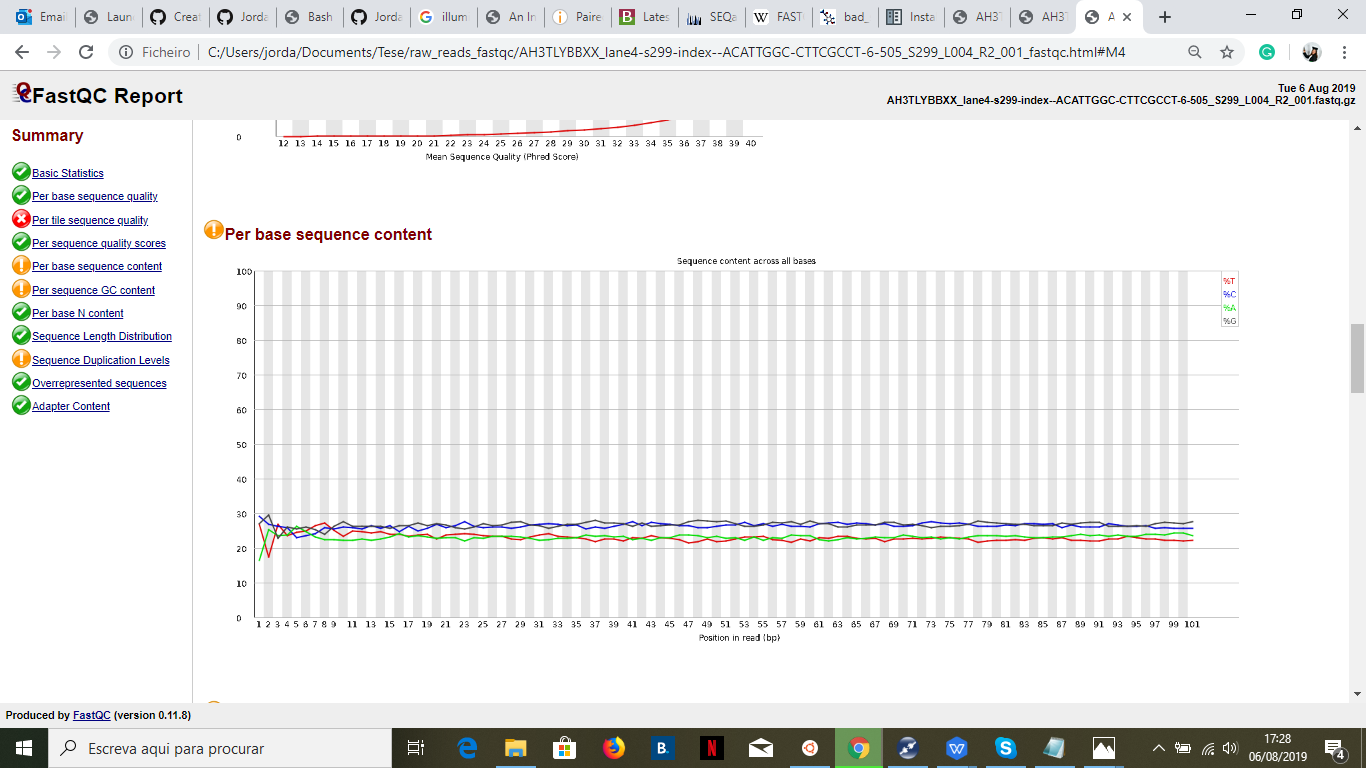
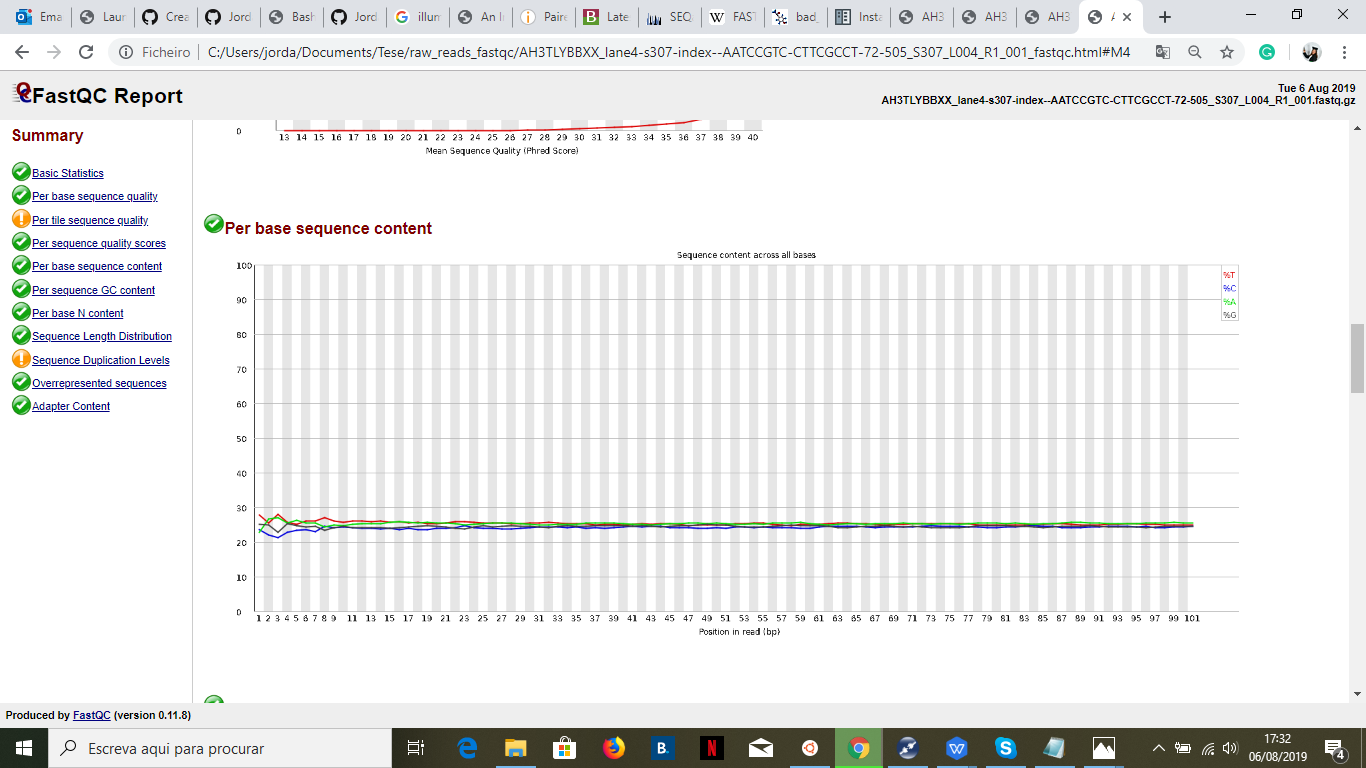
Exemplo1: S253 é muito pequena, ou seja, tem um número menor de reads que as demais, possivelmente seja por causa de: Illumina Single End PCR Primer 1 (96% over 32bp)

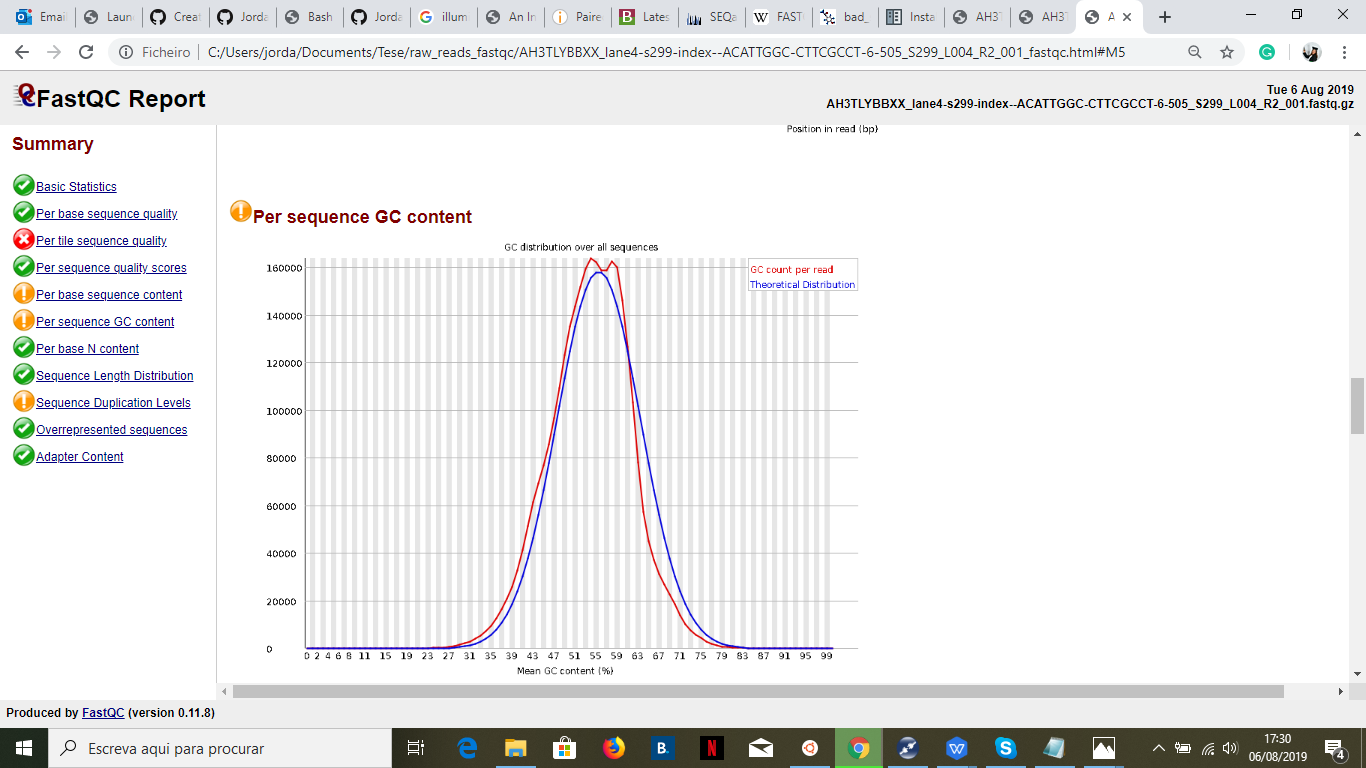
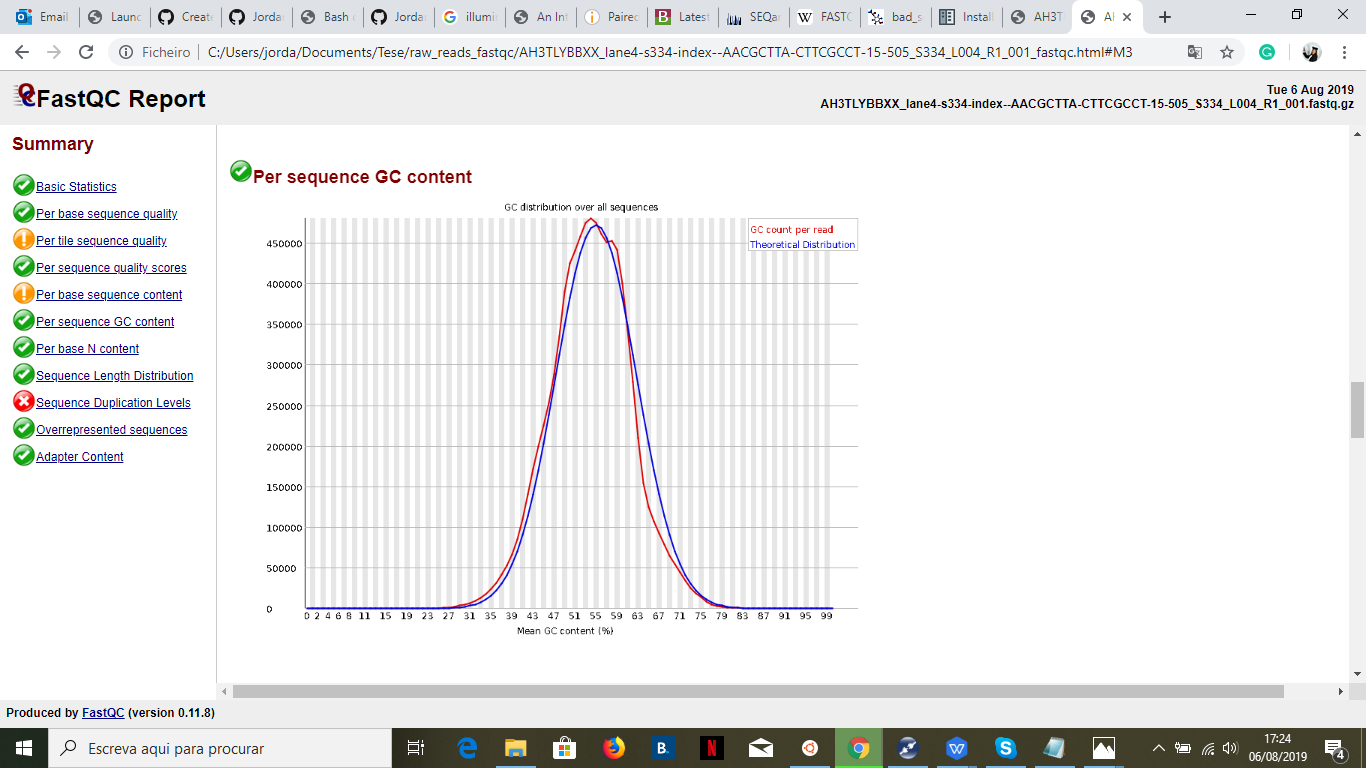
Exemplo2: S332: é muito grande... tem um número maior que as demais reads.

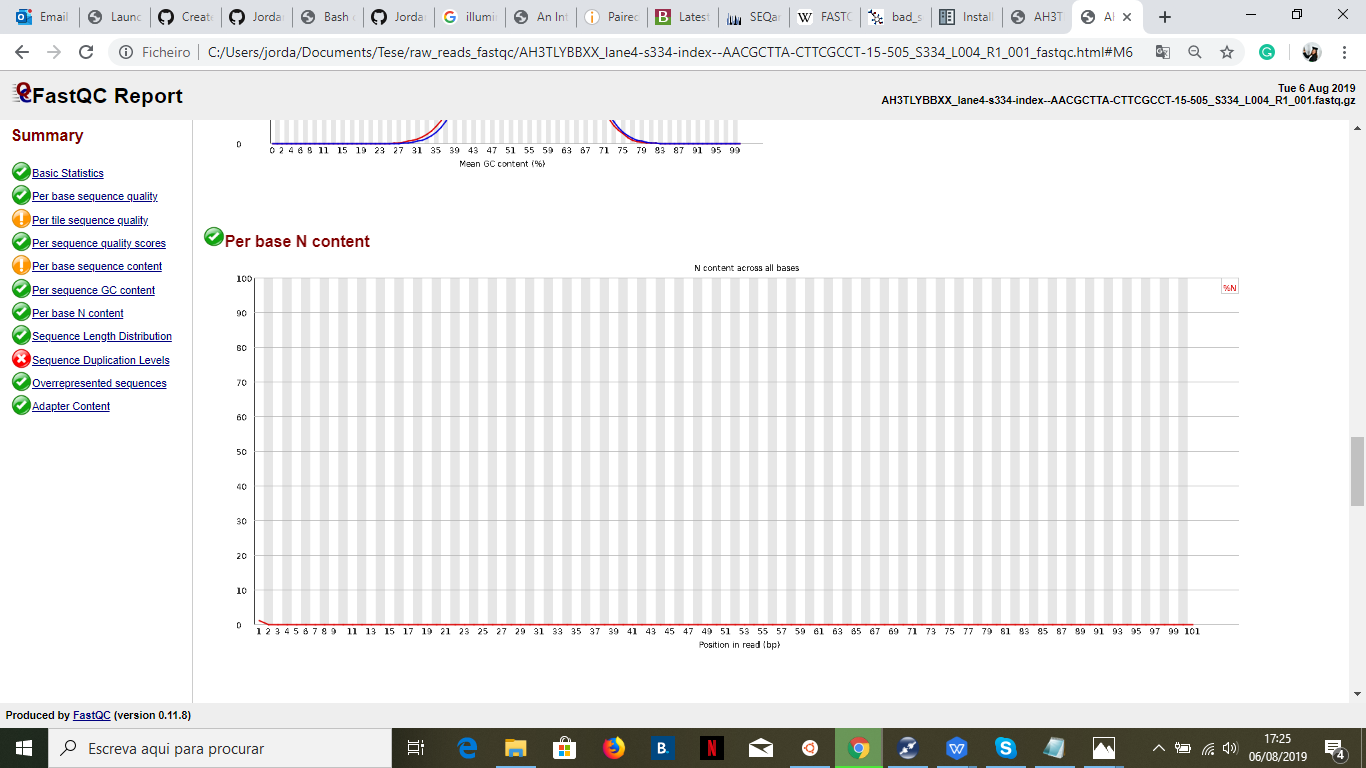
Exemplos BONS:

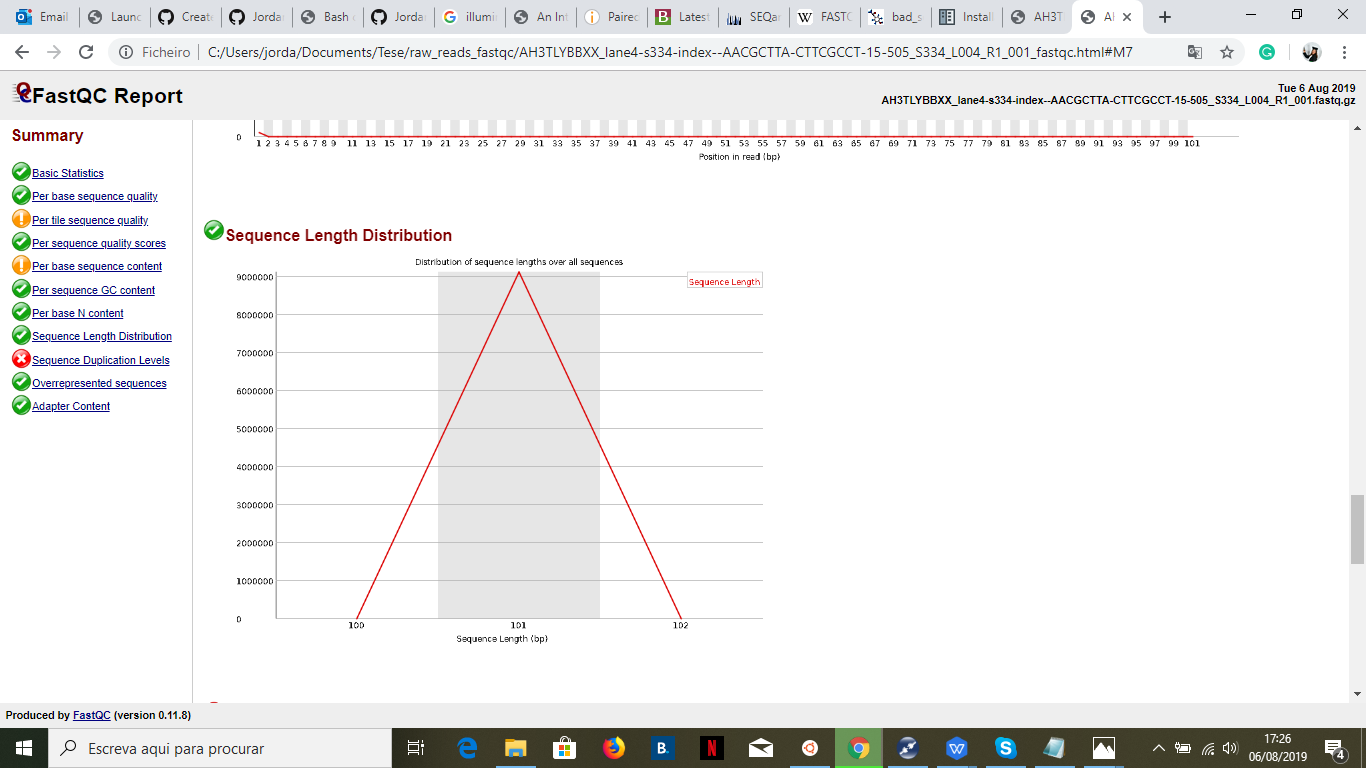


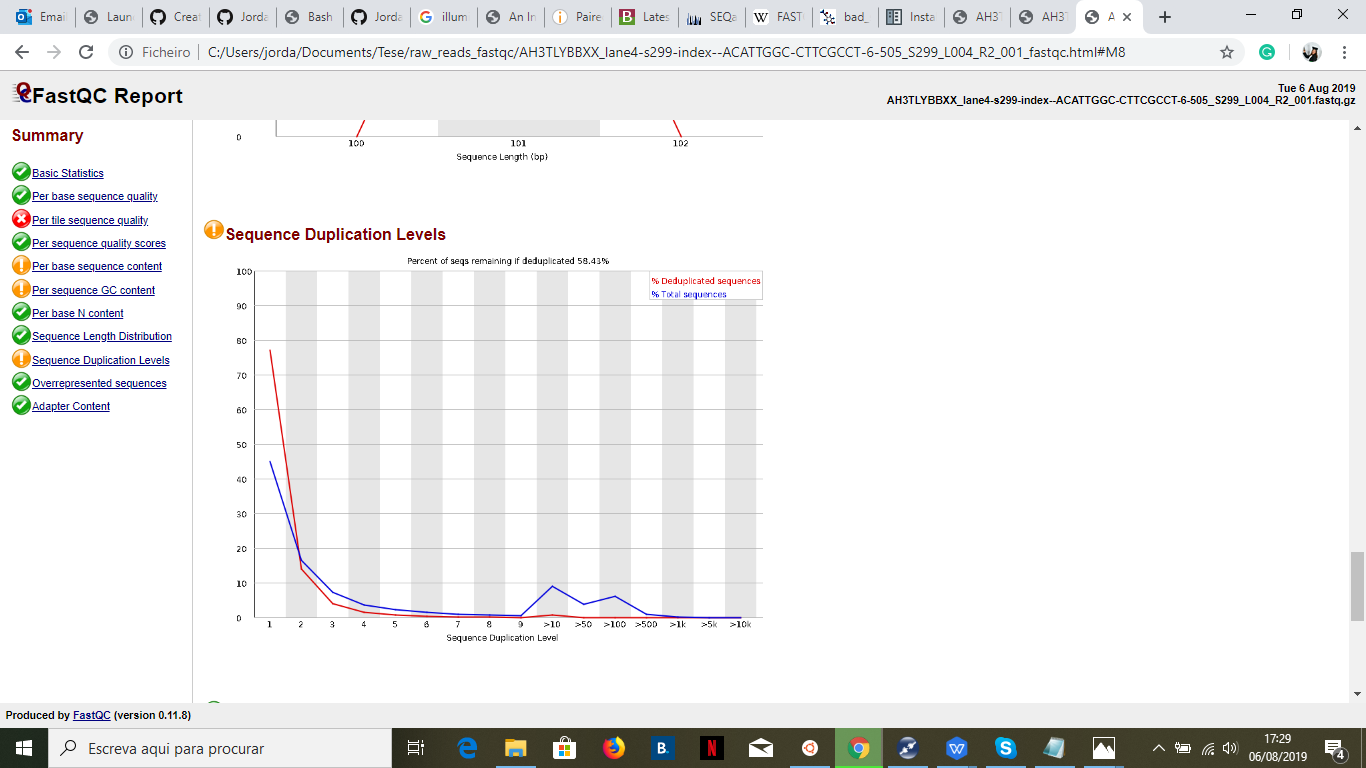


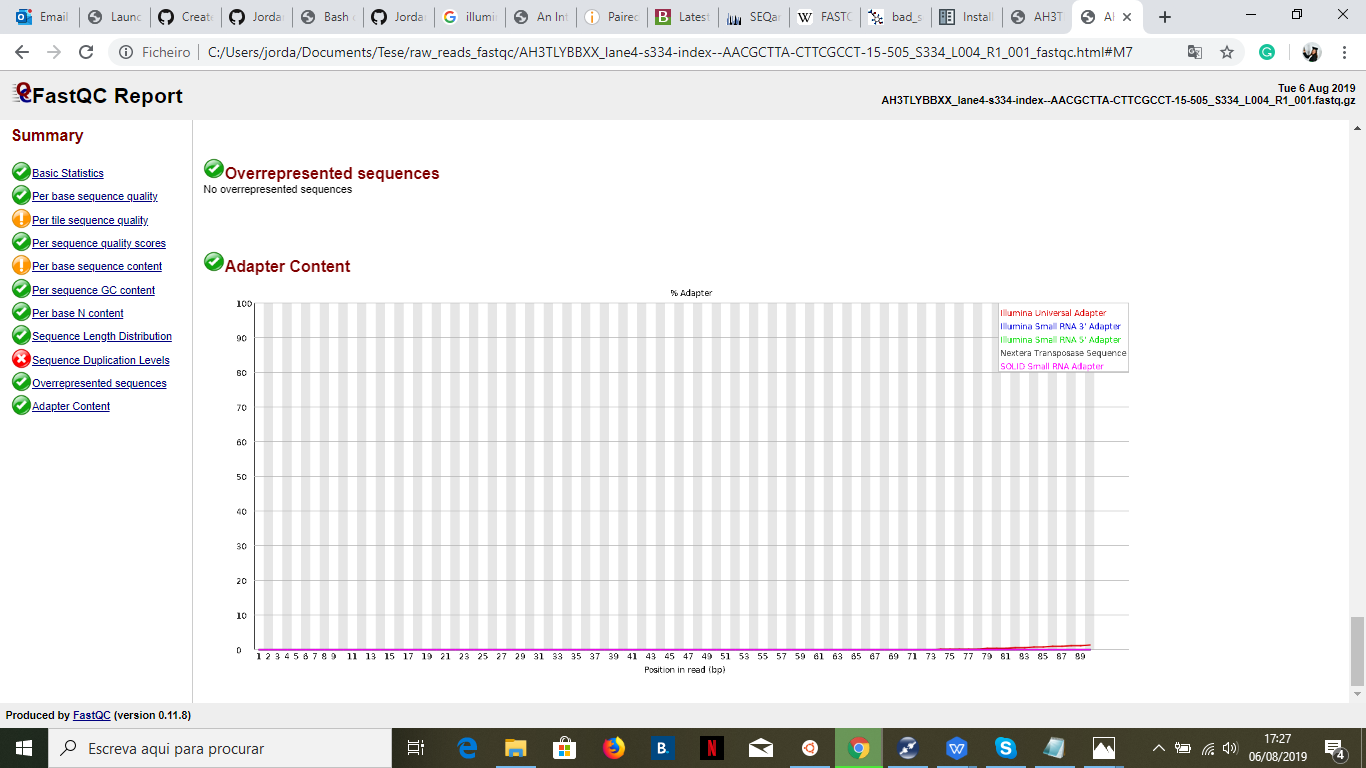












**###Github- repositório online para armazenamento e compartilhamento de arquivos e programas**

Tutorial: [https://itsfoss.com/basic-git-commands-cheat-sheet/](https://itsfoss.com/basic-git-commands-cheat-sheet/" \t "https://outlook.live.com/mail/inbox/id/_blank)

Username:Jordana-hub

Pass: Jmat1908

**###Para criar um repositório**

cd /mnt/c/Users/jorda/Documents/Tese/Master\_Darevskia atalho da pasta sincronizada com o Github

Create a new directory, open it and run this command:

git init

First one is your Working Directory which holds the actual files.

Second one is the Index which acts as a staging area and finally the HEAD which points to the last commit you’ve made.checkout your repository using git clone /path/to/repository.

Add files and commit the first time you sync github with local folder:

1. git add <filename>: You can propose changes (para add um ficheiro)

1.1 git add --all: This will add a new file for the commit. If you want to add every new file, then just do (para add todos os ficheiros)

1. git status:Your files are added check your status using
2. git commit -m "Commit message": As you can see, there are changes but they are not committed. Now you need to commit these changes.

3.1 git commit -a: And then write your commit message. Now the file is committed to the HEAD, but not in your remote repository yet.

git remote add origin <serveraddress>: If you have not cloned an existing repository and want to connect your repository to a remote server, you need to add it first with (

1. push your changes

Your changes are in the HEAD of your local working copy.

Now you are able to push your changes to the selected remote server.To send those changes to your remote repository, run:

git push -u origin master

Add files and commit the next times you sync gihub with local folder:

1. git add <filename>: You can propose changes (para add um ficheiro)

1.1 git add --all: This will add a new file for the commit. If you want to add every new file, then just do (para add todos os ficheiros)

1. git status:Your files are added check your status using
2. git commit -m "Commit message": As you can see, there are changes but they are not committed. Now you need to commit these changes.

3.1 git commit -a: And then write your commit message. Now the file is committed to the HEAD, but not in your remote repository yet.

1. push your changes

Your changes are in the HEAD of your local working copy.

Now you are able to push your changes to the selected remote server.To send those changes to your remote repository, run:

git push -u origin master

###Como instalar programas que não há no servidor:

* Primeiramente, conferir se não há o software que preciso no comando:

model avail: mostra todos os softwares do servidor

Para instalar:

Entrar na pasta onde armazenar “software”

**###cutadapt**

Basta carregar o módulo do python: module load lang/Python

E depois executar o comando cutadapt

**###Script**

filename='AH3'\*'L004\_'  
  
for read1 in $filename\*R1\_001.fastq.gz;do  
read2=$(echo $read1| sed 's/R1\_001.fastq.gz/R2\_001.fastq.gz/');  
# remove sequences with end of adapter (part after barcode)  
## -a FWD (R1) sequence adapter  
## -A REV (R2) sequence adapter  
## we can trim more than one adapter at once if we repeat the option code (-b or -B, in this case)  
cutadapt -b GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCAC -b ATCTCGTATGCCGTCTTCTGCTTG -B AATGATACGGCGACCACCGAGATCTACAC -B ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCT -e 0.2 -n 3 --discard-trimmed --paired-output --info-file -q 20 -m 40 -o $read1-trimmed1.fastq.gz -p $read2-trimmed2.fastq.gz $read1 $read2  
done

* **CutAdapt software:** determinar os comandos

editar e levar p scrip (linha de comando) para o servidor que se encontra no ficheiro.txt

sbatch: correr as sequencias no CutAdapt (Digito o comando e digo quais ficheiros devem ser analisados, neste caso, 01\_fastqc.sh)

squeue -u jordana\_mileny\_ce: para ver o status da corrida

Verificar no ficheiro slurm-JOBID.out (ficheiro que mostra os feedbacks da corrida)

\*jobid: é o número que representa os usuários do servidor. Ex.: 170062

**OBS.:** Quando um software dá um erro e não consigo resolver, o ideal é recorrer aos fóruns designando:

scancel <jobid> para cancelar uma corrida

**##Script exemplo**

**filename='AH3'\*'L004'**

for read1 in $filename\*R1\_001.fastq.gz;do

read2=$(echo $read1| sed 's/R1\_001.fastq.gz/R2\_001.fastq.gz/');

echo "amostra seguinte"

echo "esta é a read1: $read1"

echo "esta é a read2: $read2"

done

\*Usual para verificar se script tá a fazer o que pretendo

**»»»»**Caso eu tenha determinado o tempo de corrida inferior ao que precisa, a corrida vai ficar pela metade, para isso:

Criar uma pasta temporária para guardar os ficheiros das reads que já foram analisados

mkdir resultstemp

Transferir os ficheiros reads e os outputs para a pasta criada (resultstemp)

mv mover o script e os ficheiros e por correr sbatch