TÉLÉCHARGER LES DONNÉES À PARTIR DE LA BASE SRA MANUELLEMENT :

- 1. NCBI
- 2. All Databasses → SRA
- 3. On écrit : Helicoverpa armigera and midgut
- 4. On cherche RNA-Seq of Ha midgut
- 5. On descend jusqu'à la table Runs et on ouvre le code souligné « SRR9999 »
- 6. Download → FASTA/FASTQ → open link in a new tab
- 7. On retourne a la page dernière et on copie le ID
- 8. On paste le ID sur Experiment(s) (page qu'on a ouvert pour télécharger le FASTA
- 9. Il apparait SRR9999, on doit confirmer que c'est le même qu'avant.
- 10. Download Format → FASTQ → Download → Open in a new tab

TÉLÉCHARGER LES DONNÉES À PARTIR DE LA BASE ENA

- 1-5
- 11. Ena browser
- 12. View → paste le SRR9999 d'avant → Layout : SINGLE
- 13. On descend et on clic à Generated FASTQ files : FTP SRR9999.fastq.gz
- 14. Download selected files
- 15. NCBI
- 16. On cherche dans les résultats « Midgut RNA-seq » → Layout : SINGLE
- 17. RNA-Seq of Helicoverpa armígera midgut: larva2 → Layout: SINGLE
- 18. larval midgut → Layout: PAIRED → copie Run «SRR688»
- 19. Ena browser
- 20. View → paste le SRR688 d'avant → Layout : PAIRED
- 21. On choisit: SRR688_1.fastq.gz et SRR688_2.fastq.gz
- 22. Download selected files

TÉLÉCHARGER LES DONNÉES À PARTIR DE LA BASE SRA D'UNE AUTRE FAÇON : (ne marche pas)

```
1-2
23. On écrit : « NA12878 »
24. À gouche, on sélectionne Public; DNA et (exome (c'est plus petit \rightarrow c'est
meilleur) or genome); paired; illumina et fastq
25. On compare les 2 premières résultats et on va choisir celui qui a plus de G
bases ou Gb download
27. Copier le "SRR8381428"
26. Windows → símbolo del sistema
27. google : conda install sra tools → seconde link
28. On écrit dans le « anaconda3» :
prefetch
prefetch SRR8381428^C
cd ~ (alt gr + 4)/ncbi/public/sra/
ls
lh
clear
fastq-dump
fasterq-dump
history | grep fasterq
      127 fasterq-dump ~/ncbi/public/sra/SRR8381428.sra - split-files -outdir
cd ~/projects/
ls
cd na12878_wes_fastq/
ls
lh
```