

1. Ссылка на загруженные прочтения из NCBI SRA
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX20287204\[accn\]](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX20287204[accn])

- 2. Скрипт на bash с реализованным алгоритмом**
(algorithm.sh)
- 3. Результат команды samtools flagstat**
(output.txt)
- 4. Скрипт разбора файлов с этими результатами**
(parsing.sh)

- 5. Настройка фреймворка**
wget -qO- https://get.nextflow.io | bash
chmod +x nextflow

Добавление в каталог PATH

В терминале пишем:

nano ~/.bashrc

В конец открывшегося файла добавляем строчку

export PATH=\$PATH:the/file/path

Запуск файла .nf :

nextflow run file_name.nf

- 6. Код любого тестового пайплайна (“Hello world”) на фреймворке**
(tutorial.nf)
- 7. Пайплайн**
(pipeline_nextflow.nf)