

---

# Guia do usuário: Co-localização de parasitas de Chagas em células musculares cardíacas

Patrick. H. F. Alvares, João V. S. Guerra, José G. C. Pereira

November 12, 2024

---

---

## Table of Contents

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Requisitos</b>	<b>3</b>
<b>3</b>	<b>Acessando o HPCC Marvin</b>	<b>3</b>
<b>4</b>	<b>Preparando o Repositório ParasiteCoLocalization</b>	<b>3</b>
4.1	Estrutura do repositório ParasiteCoLocalization . . . . .	3
4.2	Instalando PyEnv no HPCC Marvin . . . . .	4
<b>5</b>	<b>Instalando as Dependências do Projeto</b>	<b>4</b>
<b>6</b>	<b>Enviando Imagens para o HPC Marvin</b>	<b>4</b>
<b>7</b>	<b>Executando o Pipeline no HPC Marvin</b>	<b>5</b>
7.1	Monitoramento do Job SLURM . . . . .	5
<b>8</b>	<b>Ajustando o pipeline parasitecolocalization.cppipe</b>	<b>5</b>
<b>9</b>	<b>Glossário</b>	<b>5</b>

---

# 1 Introdução

Este guia do usuário fornece instruções detalhadas sobre como executar a análise de co-localização de parasitas de Chagas em células musculares cardíacas. O objetivo deste guia é auxiliar os usuários a configurar e executar o pipeline de análise, bem como a interpretar os resultados obtidos.

## 2 Requisitos

Para executar a análise de co-localização de parasitas de Chagas em células musculares cardíacas, você precisará dos seguintes requisitos:

- **Acesso ao GitHub do CNPEM:** Você deve ter acesso ao repositório do projeto (<https://github.com/cnpem/ParasiteCoLocalization>) no GitHub do CNPEM (<https://github.com/cnpem/>) para baixar os arquivos necessários. Se não tiver acesso, entre em contato com a Equipe de Dados Biológicos ([edb@lnbio.cnpem.br](mailto:edb@lnbio.cnpem.br)).
- **Acesso ao HPC Marvin:** Você deve ter acesso ao HPC Marvin para executar o pipeline de análise. Se você não tiver acesso, acesse <https://marvindocs.cnpem.br/primeiros-passos/index.html>.

## 3 Acessando o HPCC Marvin

Para acessar o HPCC Marvin, comece abrindo o terminal. Se estiver usando Windows, abra o PowerShell; se estiver usando Linux ou MacOS, abra o terminal Terminal. Para acessar o HPCC Marvin, use o comando:

```
ssh <seu.login.cnpem>@marvin.cnpem.br
```

Após inserir o comando, será solicitado que você insira sua senha, digite sua senha institucional.

## 4 Preparando o Repositório ParasiteCoLocalization

Para clonar o repositório [ParasiteCoLocalization](https://github.com/cnpem/ParasiteCoLocalization), execute o seguinte comando no terminal:

```
git clone https://github.com/cnpem/ParasiteCoLocalization.git
```

O comando acima cria uma pasta chamada `ParasiteCoLocalization` no diretório atual. Esta pasta contém todos os arquivos necessários para a execução da análise de co-localização de parasitas de Chagas em células musculares cardíacas, incluindo o script `run.sh`, que automatiza a execução da análise via SLURM.

### 4.1 Estrutura do repositório ParasiteCoLocalization

Após clonar o repositório `ParasiteCoLocalization`, acesse o diretório do projeto com o comando:

```
cd ParasiteCoLocalization
```

A estrutura de diretórios do projeto é apresentada na árvore de arquivos a seguir:

```
./ParasiteCoLocalization/  
benchmarking/  
  benchmarking.py  
  Columbus/summary.txt  
  CellProfiler/summary.csv  
  comparison/*.html  
data/  
  *.tif
```

```
docs/
  userguide.pdf
parasitecolocalization.cppipe
postprocessing.py
requirements.txt
results/
  *.csv
  plate_map/*.html
  scatter/*.html
  ROIs/*.tiff
  summary.csv
run.sh
```

## 4.2 Instalando PyEnv no HPCC Marvin

O PyEnv é uma ferramenta que permite instalar e gerenciar várias versões do Python em um ambiente virtual. Para instalar o PyEnv no HPCC Marvin, execute os seguintes comandos no terminal:

```
curl https://pyenv.run | bash
echo 'export PATH="$HOME/.pyenv/bin:$PATH"' >> ~/.bashrc
echo 'eval "$(pyenv init -)"' >> ~/.bashrc
echo 'eval "$(pyenv virtualenv-init -)"' >> ~/.bashrc
source ~/.bashrc
```

Para instalar uma versão específica do Python, execute o seguinte comando:

```
pyenv install 3.8.19
```

Para definir a versão do Python como padrão, execute o seguinte comando:

```
pyenv local 3.8.19
```

Caso deseje utilizar outra versão do Python, você pode selecionar a versão desejada para a sessão atual com o comando:

```
pyenv shell <versão_desejada>
```

## 5 Instalando as Dependências do Projeto

Para instalar as dependências do projeto, execute o seguinte comando no terminal:

```
pip install -r requirements.txt
```

## 6 Enviando Imagens para o HPC Marvin

Para enviar as imagens para o HPC Marvin, você pode usar o comando `scp` no terminal. O comando `scp` permite copiar arquivos de e para servidores remotos de forma segura.

Preencher

Para enviar um arquivo para o HPC Marvin, use o seguinte comando:

Preencher

## 7 Executando o Pipeline no HPC Marvin

Após enviar as imagens para o HPC Marvin, você pode executar o pipeline de análise de co-localização de parasitas de Chagas em células musculares cardíacas. O script `run.sh` executa o pipeline de análise via SLURM, que é o sistema de gerenciamento de tarefas usado no HPC Marvin. Para isso, execute o script `run.sh` no diretório `ParasiteCoLocalization`.

```
cd ParasiteCoLocalization
sbatch run.sh -m marvin
```

O comando acima retorna o ID do job SLURM, que você pode usar para monitorar o progresso da análise.

### 7.1 Monitoramento do Job SLURM

Para monitorar o progresso do job SLURM, você pode usar o comando `squeue` no terminal. O comando `squeue` exibe informações sobre os jobs SLURM em execução no HPC Marvin.

```
squeue -u <seu.login.cnpem>
```

Se o job estiver em execução, o estado será exibido como `R` (em execução). Se o job estiver aguardando na fila, o estado será `PD` (pendente).

Caso deseje cancelar o job SLURM, você pode usar o comando `scancel` no terminal. O comando `scancel` cancela um job SLURM em execução no HPC Marvin.

```
scancel <job_id>
```

Por fim, você pode verificar o arquivo de log gerado pelo SLURM (`slurm_<job_id>.out`) para obter informações sobre o seu job.

## 8 Ajustando o pipeline `parasitecolocalization.cppipe`

## 9 Glossário

Here is an Example (Ex) of acronym usage.

**Ex** Example . . . . . 5