

Guía de uso de pipeline de LDMAP

Gaston Rijo

Junio 2021

Contents

| | | |
|----------|---------------------|----------|
| 1 | Introducción | 5 |
| 2 | Uso | 7 |

Chapter 1

Introducción

Esta es una introduccion para la guia de uso del pipeline de LDMAP

Chapter 2

Uso

En esta sección se hace explícito el uso del pipeline de *Nextflow*.

Primero, hay que crear un directorio con los archivos adecuados:

```
mkdir -p test
cd test
```

Nos movemos al directorio `test`, y creamos un directorio `bin` que va a contener los scripts necesarios para el análisis. Luego de crearlo, hacemos un enlace simbólico a los archivos correspondientes (que son todos los que estan en la carpeta `bernardo/bin`).

```
mkdir -p bin
cd bin
ln -s ../../../../bin/*
# Volvemos para una carpeta arriba
cd ..
```

Ahora, hacemos algo similar con el archivo que controla el pipeline, `recombination-analysis.nf`. Éste archivo es el archivo de *nextflow* que contiene todas las directivas para correr el pipeline.

Además, copiamos el archivo `.config` correspondiente al análisis.

```
# enlace simbólico
ln -s ../../workflows/recombination-analysis.nf .
cp ../../workflows/recombination-analysis.config .
```

En total, en el directorio `test`, vamos a tener dos archivos, y un directorio. Hay que tener en cuenta que los comandos de mas arriba fueron hechos con caminos relativos, esto tiene que ser realizado de acuerdo a la posicion relativa de `test` con respecto a todos los archivos enlazados y copiados.

Es importante el contenido del archivo `recombination-analysis.config`. Éste le va a indicar al archivo `.nf` los parámetros relevantes.

Por defecto, se encuentra “vacío”: