

# Guía de Instalación y Uso de FastQC, MultiQC y TrimGalore

---

Esta guía explica cómo instalar y usar **FastQC**, **MultiQC**, y **TrimGalore** en Linux utilizando métodos directos (Bash), Docker y Conda.

---

## Método 1: Instalación en Linux mediante Bash

### Instalar FastQC

```
sudo apt update
sudo apt install fastqc -y
```

### Instalar MultiQC

```
pip install multiqc
```

### Instalar TrimGalore

1. Asegúrate de tener **Perl** instalado:

```
sudo apt install perl -y
```

2. Instala la dependencia **Cutadapt**:

```
pip install cutadapt
```

3. Descarga y configura **TrimGalore**:

```
wget
https://github.com/FelixKrueger/TrimGalore/archive/refs/heads/master.z
ip
unzip master.zip
cd TrimGalore-master
chmod +x trim_galore
sudo mv trim_galore /usr/local/bin/
```

## Método 2: Usar Conda

### Crear un entorno con las herramientas

1. Crea un entorno llamado **bioinfo**:

```
conda create -n bioinfo -c conda-forge -c bioconda fastqc multiqc trim-galore -y
```

2. Activa el entorno:

```
conda activate bioinfo
```

3. Verifica que los programas se instalaron

```
fastqc --version
multiqc --version
trim_galore --version
'''
```

---

## Notas Adicionales

- **Requisitos de sistema:**
  - Para instalación manual: Tener Python 3, Perl y **pip** instalados.
- Los archivos de entrada deben estar en formato **.fastq** o similar.

---

## Pasos de preprocesamiento

crea una carpeta "database" donde copiaras los archivos fastq crea una carpeta "fastqc" donde se guardaran los archivos resultado de uso de fastqc Usa el comando:

```
fastqc file.fastq -o ../fastqc
```

Este comando genera un informe HTML con el análisis de calidad de las lecturas.

analisis de multiples archivos

```
fastqc *.fastq
```

Uso de trimgalore Trim Galore! realiza el recorte de secuencias y adaptadores • Comando básico:

```
trim_galore archivo.fastq
```

Este comando recorta las secuencias y genera un archivo con el sufijo \_trimmed. Recortar secuencias con un umbral de calidad:

```
trim_galore --quality 20 archivo.fastq
```

Recortar secuencias de dos archivos (pares):

```
trim_galore --paired archivo_R1.fastq archivo_R2.fastq
```

Uso de multiqc Una vez instalado, puedes usar MultiQC para generar un informe a partir de los archivos generados por herramientas como FastQC. • Generar un informe desde archivos de salida de FastQC:

```
multiqc .
```