

Machine Resequencing 172.17.6.6

Outils à installer et à ajouter dans le .bashrc de Céline:

cutadapt (1.8.3) (installé sur la vm avec pip en 1.9.1 !!!)
prinseq-lite.pl (0.20.4) (gpfs+ bashrc)
fastqc (0.11.3) (gpfs+bashrc)
bowtie2 (2.2.1) (gpfs+bashrc)
samtools (0.1.19) (gpfs+bashrc)
qualimap (2.1.1) (gpfs+bashrc)
freebayes (0.9.21-19-gc003c1e) (gpfs+bashrc)
bcftools (1.2) (gpfs+bashrc)
snakemake (3.4.1) (gpfs+bashrc)
vcftools (0.1.13) (gpfs+bashrc)
mdust (gpfs+bashrc)

Outils à installer sans mettre dans le .bashrc :

bcftools (0.1.19) ok dans /sps/bioaster/pt2/Apps/CentOS7/bcftools-0.1.19/
picard.jar (1.139) ok dans /sps/bioaster/pt2/Apps/CentOS7/picard-tools-1.139/
snpEff.jar (4.1) ok dans /sps/bioaster/pt2/Apps/CentOS7/snpEff_v4_1g_core/
GenomeAnalysisTK.jar (3.5) ok dans /sps/bioaster/pt2/Apps/CentOS7/GATK-3.5/

Scripts "maison" (dans le dossier Snakemake_Test/Scripts/ du datastore UTEC02) :

variant_R_plots.R
StrandAlleleBias.R
filter_vcf_FORSAMTOOLS_VARCALL.pl
filter_vcf_v2_110216.pl
(OK TOUS RECOPIES DANS /sps/bioaster/pt2/Apps/CentOS7/Bioaster_scripts/Resequencing/
+ bashrc de Céline)

A installer avec sudo yum install directement sur la VM:

wkhtmltopdf (0.12.2.1) ok
ps2pdf (version?) ok
enscript (1.6.6) ok
htmldoc (1.8.28) ok
gs (9.07) ok
R (3.2.2) ok R version 3.2.3
tabix (1.2.1) ok
bgzip (1.2.1) ok

Packages R à installer via R :

ggplot2 (1.0.1) OK sur la machine

AJOUTS POUR FAIRE FONCTIONNER LE SCRIPT SNAKEMAKE :

sudo yum install cpan

cpan

force install Digest::MD5

wget http://download.gna.org/wkhtmltopdf/0.12/0.12.2.1/wkhtmltox-0.12.2.1_linux-centos7-amd64.rpm

rpm -i wkhtmltox-0.12.2.1_linux-centos7-amd64.rpm

cp /usr/local/bin/wkhtmltopdf /usr/bin/