

## Guía rápida para instalación de la infraestructura en el servidor linux y pipelines automatizados para el análisis genómico de patógenos

### 1. Instalación de infraestructura (Docker and Nextflow) e imágenes y archivos pipelines **GHRU** (Assembly, Mlst, Amr-prediction, Snp-phylogeny)

Inicie sesión en el servidor con su usuario (\*), en su directorio *home* copie el archivo "taller\_2021\_install\_lte.sh" que le fue enviado, con su editor de preferen (ej. vim) reemplace en la última línea el valor de su usuario `${USER}` y ejecute el siguiente comando:

```
sh taller_2021_install_lte.sh
```

Cierre su terminal y vuelva a abrirlo, para que los cambios sean actualizados

(\*) El usuario debe tener permisos *sudo*

### 2. Run **GHRU** pipelines

Vaya al directorio `/home/nextflow_pipelines/scripts/scripts_templates` y edite (*vim*) cada uno de los templados, con las rutas personalizados.

Línea 1: Editar ruta a los nextflow\_pipelines

Línea 2: Editar ruta a los datos (.fastq.gz)

Línea 3(\*\*): Editar la especie o adicionar la ruta a la referencia

```
vi  
/home/nextflow_pipelines/scripts/scripts_templates/run_assembly_pipeline.sh  
.
```

Una vez ha modificado, ejecute el código:

```
sh run_assembly_pipeline.sh
```

El proceso generara un directorio de salida llamado *assembly\_output* donde encontrará los resultados del control de calidad y los ensamblados (.fasta).

Si lo requiere todos los archivos intermedios los encontrará en la carpeta *work*, recuerde que periódicamente debe eliminar este directorio para salvar espacio.

(\*\*) Los procesos mlst y amr-prediction son dependientes de especie y se corren con *bash*. En el proceso snp-phylogeny es necesario definir la ruta a la referencia según especie.

**Disfrute de la automatización y el control para su análisis genómico!!!**