

Instrucciones para ejecutar los programas utilizados en el curso.

Los programas están instalados en la carpeta Escritorio/CursoBioinformatica/

Para ejecutarlos utilizaremos la terminal de linux. Para abrir la terminal, búsquela en el menú, o presione **[ctr]+[alt]+t**

Deberá aparecer una ventana con la línea de comandos:

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$
```

Una vez en la terminal, utilice los siguientes comandos para ejecutar los programas:

Mr Bayes

```
:~$ mb
```

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name
```

Seaview

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ seaview
```

jmodeltest

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ cd Escritorio/CursoBioinformatica
```

Verificar la carpeta del model test, puede ser /jmodeltest_v2.1.10 o jmodeltest-2.1.10 y cambiar a ese directorio. Ej.

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ cd jmodeltest-2.1.10
```

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ ./runjmodeltest-gui.sh
```

FigTree

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ cd Escritorio/CursoBioinformatica
```

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ cd FigTree_v1.4.3
```

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ java -jar lib/figtree.jar
```

Get_Homologues y Get_Phylomarkers

Los programas get_homologues y get_phylomarkers están instalados mediante Dockers. Para poder tener acceso a los archivos generados por dichos programas se ha montado la carpeta **home/data_folder** en el **home** del docker.

Para cargarlos, utilice el siguiente script localizado en /home, no se olvide primero de cambiar a la directorio /home!

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ cd
```

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ ./docker.sh
```

Luego de correr dicho script aparecerá en la terminal un número de identificación del docker. Para cargarlo utilice:

```
alumnos@alumnos-System-Product-Name:~$ docker attach xxxx
```

Donde xxxx son los 4 primeros caracteres del identificador.

Esto abrirá el docker desde donde se pueden ejecutar los programas get_homologues y get_phylomarkers. Inicialmente, el docker abre en la carpeta home.

El docker se inicia en el directorio /home

En esta carpeta esta la carpeta compartida en se deberán guardar los resultados.

Para salir del docker utilice:

Para los alumnos que realizarán el la parte práctica en sus notebooks, el laboratorio de PC cuenta con wifi. Consultar SSID - y contraseña.