生物信息软件安装2022

- 系统自带管理工具
  - apt (ubuntu)
    - 源
      - 修改 /etc/apt/sources.list
      - 更新 sudo apt update
    - 更新源 sudo apt update
    - 更新所有软件 apt-get upgrade
    - 搜索 sudo apt-cache search xxx
    - 安装 sudo apt install xxx
    - 删除 sudo apt remove xxx
    - 删除（含配置） sudo apt-get purge xxx
  - yum (yum)
    - 源 /etc/yum.repos.d/CentOS-Base.repo
    - 搜索 sudo yum search xxx
    - 安装 sudo yum install xxx
- 手动安装
  - 下载 wget xxx.zip
  - 解压 unzip xxx.zip
  - 编译
  - 添加可执行权限 chmod
  - 添加$PATH
    - 文件 .bashrc
    - 命令 export PATH=$PATH:xxx
- conda安装
  - 安装 conda
    - anaconda
    - miniconda
      - wget xxx.sh
      - bash xxx.sh
      - 添加 $PATH
  - 配置 condarc
  - 安装软件
    - 搜索软件 conda search bwa
    - 安装软件 conda install bwa
    - 安装指定版本 conda install bwa=0.7.12
    - 查看已安装软件 conda list
    - 升级软件 conda update bwa
    - 卸载软件 conda remove bwa
  - 环境管理
    - 创建环境 conda create -n py27
    - 查看环境 conda env list
    - 切换环境 conda activate
    - 退出环境 conda deactivate
  - mamba加速
    - conda install mamba
    - 使用 mamba 替代 conda
- 包/模块管理
  - R包
    - 来自 cran
      - install.packages('ggplot2')
      - conda install r-ggplot2
    - 来自 biocmanager BiocManager::install('DESeq2')
    - 来自 github devtools::install_github("kassambara/ggcorrplot")
  - Python模块 pip install numpy
  - Perl模块
    - cpanm install BioPerl
    - conda install perl-bioperl
- 练习
  - 安装 htop 、fastp、hisat2、blast
  - 安装 ggplot, DESeq2

基因课精心制作

www.genek.cn