

# Criando o ambiente para o Curso Avaliação Genômica por Single Step

A parte prática do curso será executada em ambiente Linux. Para aqueles que não utilizam Linux, elaboramos um passo-a-passo para a instalação de uma máquina virtual para que possam executar os programas em sua própria máquina.

Para aqueles que já trabalham em ambiente Linux ou Mac OS, há um arquivo compactado para testar os programas que serão utilizados durante o curso (vide Passo 5). Caso queiram instalar a máquina virtual, podem seguir os mesmos passos abaixo.

## Passo 1: Instalar o VirtualBox e o Extension Pack

Acessar o site <https://www.virtualbox.org/> e clicar em Downloads:



**ATENÇÃO:** A versão do VirtualBox precisa ser anterior à 5.2 por motivo de compatibilidade com o software Vagrant

Na tela seguinte, desça até que apareça “VirtualBox older builds” e clique no link **VirtualBox older builds**:



**VirtualBox**

## Download VirtualBox

Here, you will find links to VirtualBox binaries and its source code.

### VirtualBox binaries

By downloading, you agree to the terms and conditions of the respective license.

If you're looking for the VirtualBox 5.1.30 packages, see [VirtualBox 5.1 builds](#). Co

### VirtualBox older builds

The binaries in this section for VirtualBox before version 4.0 are all released under other packages are released under the terms of the GPL version 2. By downloading

- [VirtualBox older builds](#)

Clique na opção **VirtualBox 5.1**:



**VirtualBox**

## Download VirtualBox (Old Builds)

- [VirtualBox 5.1](#) (no longer supported, support ended 2017/05)
- [VirtualBox 5.0](#) (no longer supported, support ended 2017/05)
- [VirtualBox 4.3](#) (no longer supported, support ended 2015/12)
- [VirtualBox 4.2](#) (no longer supported, support ended 2015/12)
- [VirtualBox 4.1](#) (no longer supported, support ended 2015/12)
- [VirtualBox 4.0](#) (no longer supported, support ended 2015/12)

Clique na opção que cita o sistema operacional do seu notebook. Sendo Windows, por exemplo, clique em **Windows hosts x86/AMD64**:



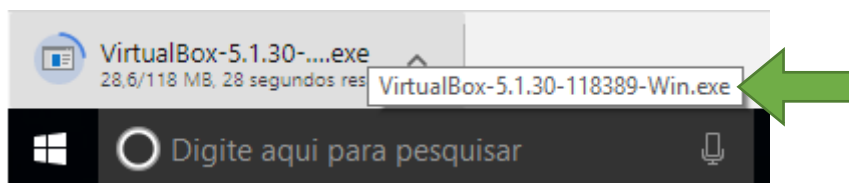
**VirtualBox**

## Download VirtualBox (Old Builds): VirtualBox 5.1

The Extension Packs in this section are released under the [VirtualBox Personal Use and Evaluation License](#).

- [5.1 SDK \(5.1.30\)](#)
- **VirtualBox 5.1.30** (released September 14th 2017)
  - Windows hosts [x86/AMD64](#)
  - OS X hosts [Intel Macs](#)
  - Solaris and OpenSolaris hosts [AMD64](#)
  - Linux Hosts:

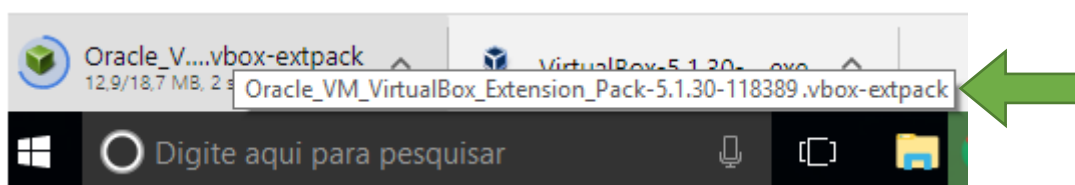
Aguarde o download do arquivo **VirtualBox-5.1.30-118389-Win.exe**. Tem cerca de 118 MB:



Agora é necessário baixar o **Extension Pack**. Nesta mesma tela, clique no link **Extension Pack All platforms**:



Aguarde o download do arquivo **Oracle\_VM\_VirtualBox\_Extension\_Pack-5.1.30-118389.vbox-extpack**. Tem cerca de 19 MB:



**Instalar primeiro o VirtualBox.** Não é necessário modificar nenhum parâmetro, apenas clique nos botões Next e prossiga a instalação. Caixas de diálogo abrirão pedindo permissão de instalação. Aceite e prossiga até finalizar.

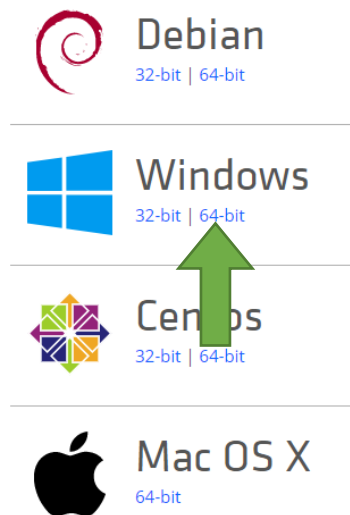
**Encerrada a instalação do VirtualBox, instale o Extension Pack.** Logo na primeira tela de instalação, aparece um termo de aceitação. Deslize a barra de rolagem vertical até o fim do texto para habilitar os botões de aceitação. Concorde e prossiga.

## Passo 2: Instalar o Vagrant

Acessar o site <https://www.vagrantup.com/> e clicar em download:



Na tela seguinte, escolha qual sistema operacional do seu notebook, lembrando que deverá ser a opção de **64 bits**:



Se o seu ambiente de trabalho é o Windows, clique na opção **64-bit do Windows** e em seguida o arquivo **vagrant\_2.0.0\_x86\_64.exe** começará a ser copiado para a sua máquina. Tem cerca de 232 MB.

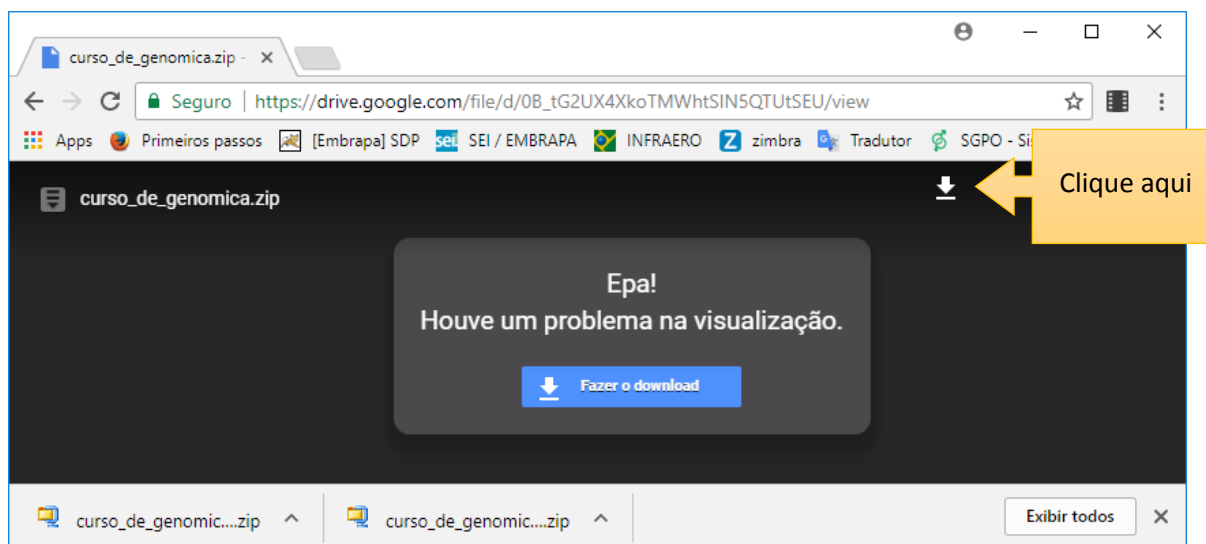
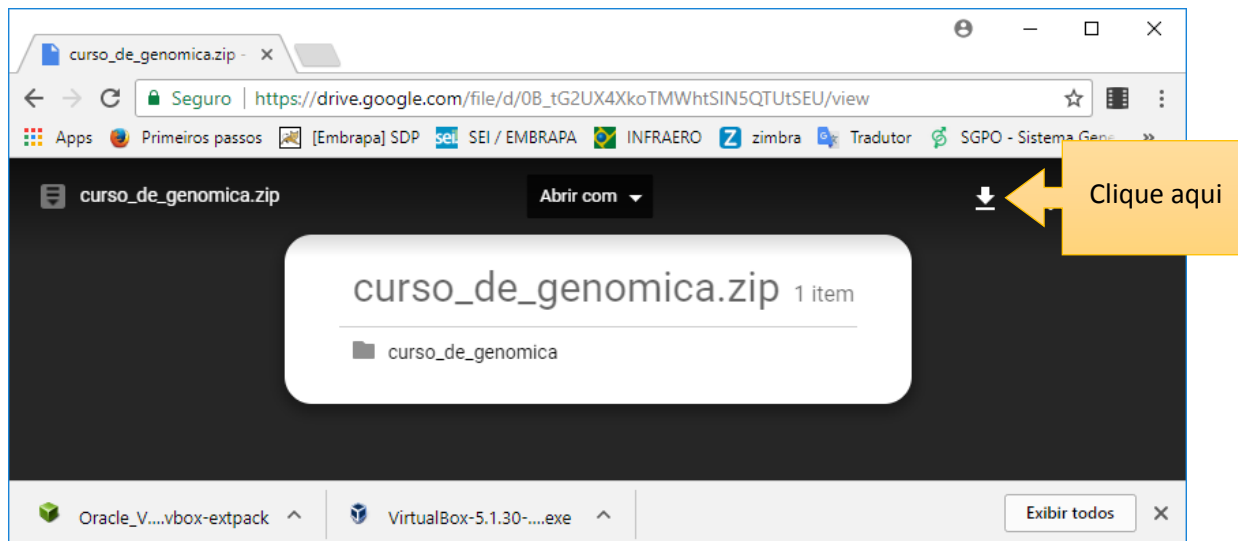
**Instale o Vagrant e reinicie a máquina.**

### Passo 3: Configurar a máquina virtual para notebooks Windows

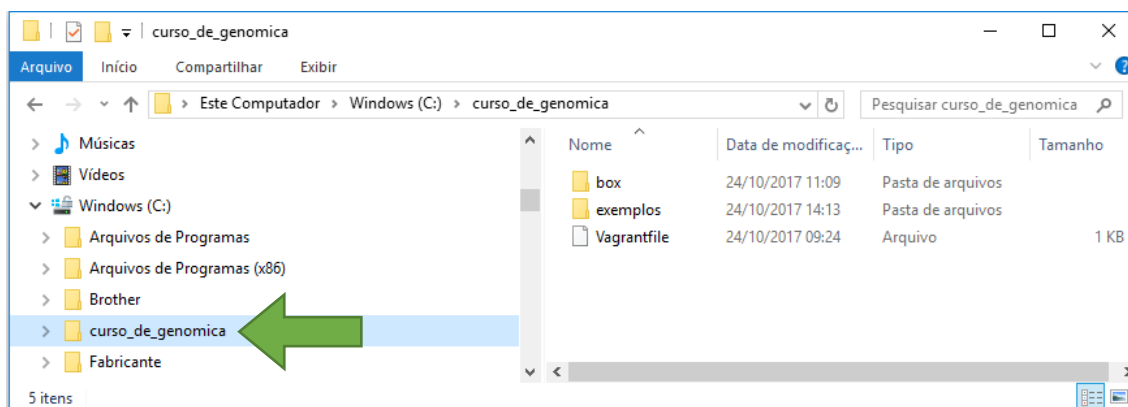
Baixe o arquivo compactado chamado curso\_de\_genomica.zip pelo seguinte link:

[https://drive.google.com/file/d/0B\\_tG2UX4XkoTMWhtSIN5QTUtSEU/view?usp=sharing](https://drive.google.com/file/d/0B_tG2UX4XkoTMWhtSIN5QTUtSEU/view?usp=sharing)

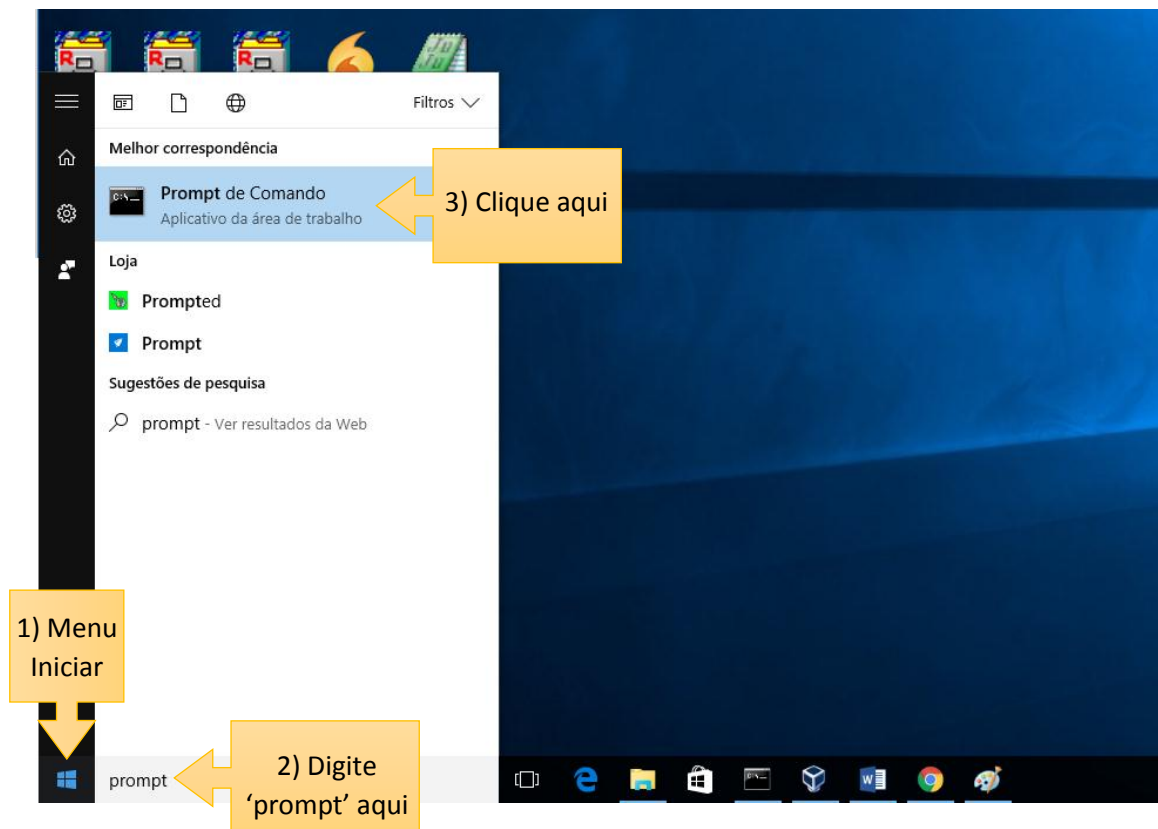
Uma das duas janelas abaixo abrirá:



Descompacte este arquivo de modo que ele fique na raiz do seu computador:



Vá no Menu Iniciar do Windows e localize o Prompt de Comando (digite prompt no localizador):



Provavelmente aparecerá algo como:

```
C:\> Prompt de Comando
Microsoft Windows [versão 10.0.10586]
(c) 2015 Microsoft Corporation. Todos os direitos reservados.

C:\Users\andrea.gondo>
```

Digite: `cd\curso_de_genomica` e dê um enter para que fique assim:

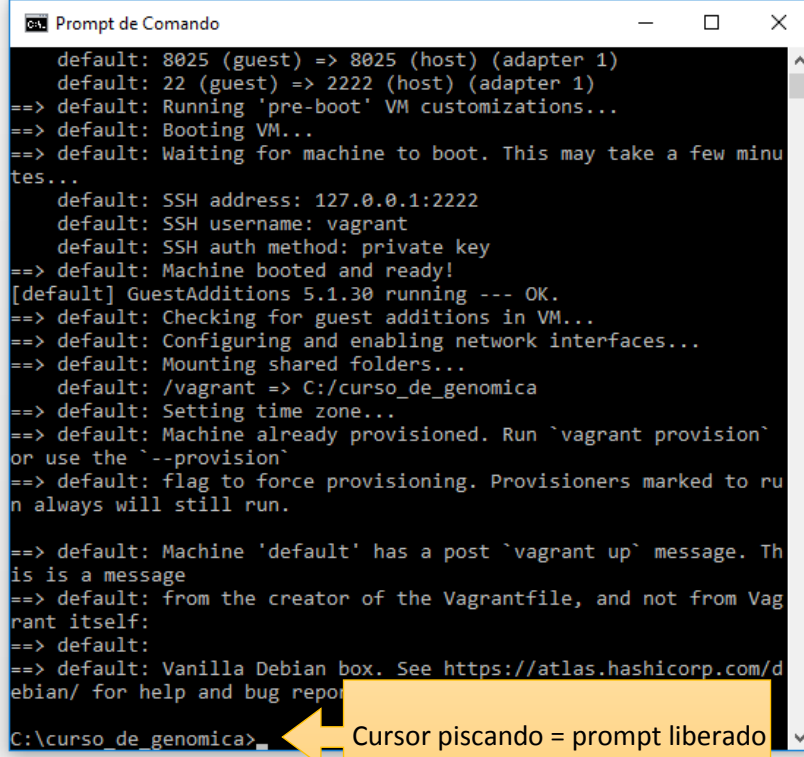
```
C:\> Prompt de Comando
Microsoft Windows [versão 10.0.10586]
(c) 2015 Microsoft Corporation. Todos os direitos reservados.

C:\Users\andrea.gondo>cd\curso_de_genomica
C:\curso_de_genomica>
```

**Digite: `vagrant up`** (vagrant espaço up, depois dê um enter).

Aguarde. O primeiro acesso pode demorar um pouco. A máquina virtual será configurada para o ambiente Linux, distribuição Debian/Jessie64. Talvez abra uma janela do Windows Firewall. Permita o acesso.

Aguarde até que o prompt esteja liberado:



```
Prompt de Comando
default: 8025 (guest) => 8025 (host) (adapter 1)
default: 22 (guest) => 2222 (host) (adapter 1)
==> default: Running 'pre-boot' VM customizations...
==> default: Booting VM...
==> default: Waiting for machine to boot. This may take a few minutes...
default: SSH address: 127.0.0.1:2222
default: SSH username: vagrant
default: SSH auth method: private key
==> default: Machine booted and ready!
[default] GuestAdditions 5.1.30 running --- OK.
==> default: Checking for guest additions in VM...
==> default: Configuring and enabling network interfaces...
==> default: Mounting shared folders...
default: /vagrant => C:/curso_de_genomica
==> default: Setting time zone...
==> default: Machine already provisioned. Run `vagrant provision`
or use the `--provision`
==> default: flag to force provisioning. Provisioners marked to run
always will still run.

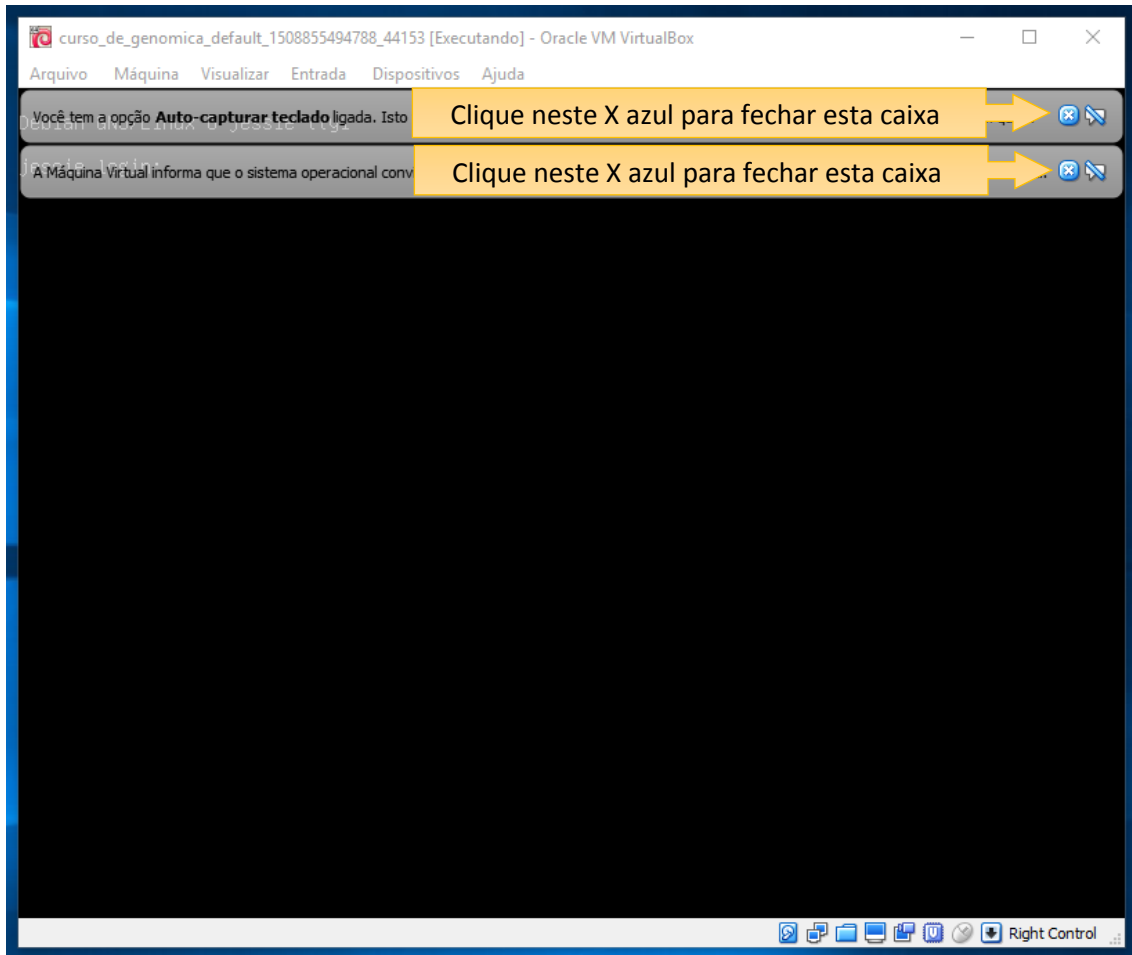
==> default: Machine 'default' has a post `vagrant up` message. This
is is a message
==> default: from the creator of the Vagrantfile, and not from Vagrant
itself:
==> default:
==> default: Vanilla Debian box. See https://atlas.hashicorp.com/debian/
for help and bug reports.

C:\curso_de_genomica>
```

Cursor piscando = prompt liberado



Uma janela do VirtualBox abrirá:



Na Barra de Tarefas aparecerá:

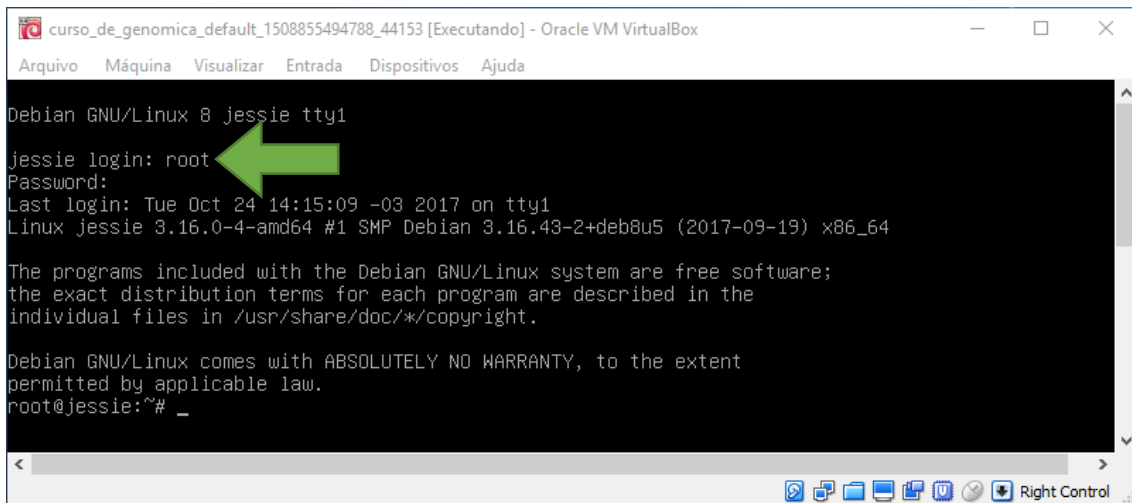


**Na VirtualBox, entre com o usuário e senha:**

**jessie login: root**

**password: vagrant**

Ficará assim:



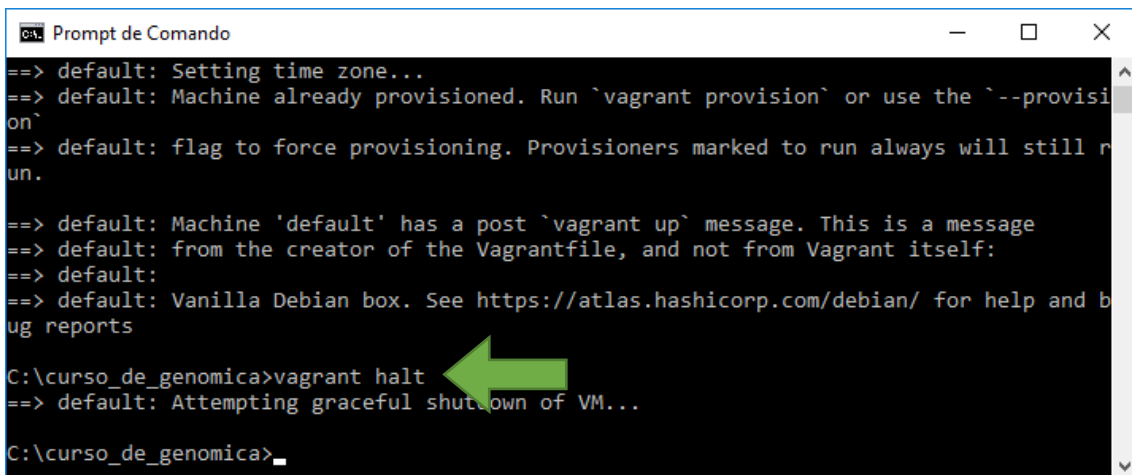
```
curso_de_genomica_default_1508855494788_44153 [Executando] - Oracle VM VirtualBox
Arquivo  Máquina  Visualizar  Entrada  Dispositivos  Ajuda
Debian GNU/Linux 8 jessie tty1
jessie login: root
Password:
Last login: Tue Oct 24 14:15:09 -03 2017 on tty1
Linux jessie 3.16.0-4-amd64 #1 SMP Debian 3.16.43-2+deb8u5 (2017-09-19) x86_64

The programs included with the Debian GNU/Linux system are free software;
the exact distribution terms for each program are described in the
individual files in /usr/share/doc/*/copyright.

Debian GNU/Linux comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY, to the extent
permitted by applicable law.
root@jessie:~# _
```

Pronto! O ambiente está pronto para o curso. Só falta testar se os programas funcionam.

Para fechar a máquina virtual, no Prompt de Comando do Windows, digite: `vagrant halt`



```
Prompt de Comando
==> default: Setting time zone...
==> default: Machine already provisioned. Run `vagrant provision` or use the `--provisi
on`
==> default: flag to force provisioning. Provisioners marked to run always will still r
un.

==> default: Machine 'default' has a post `vagrant up` message. This is a message
==> default: from the creator of the Vagrantfile, and not from Vagrant itself:
==> default:
==> default: Vanilla Debian box. See https://atlas.hashicorp.com/debian/ for help and b
ug reports

C:\curso_de_genomica>vagrant halt
==> default: Attempting graceful shutdown of VM...

C:\curso_de_genomica>
```

Toda vez que for abrir a máquina virtual, no Prompt de Comando do Windows, digite: `vagrant up`. Para fechar, digite: `vagrant halt`.

## Passo 4: Testando o ambiente

Na pasta C:\Curso\_de\_Genomica\exemplos estão alguns arquivos para testar o ambiente. Temos que acessar esta pasta pela VirtualBox. E esta pasta ficará compartilhada para os dois ambientes, Windows e Linux. Portanto, qualquer necessidade de copiar arquivos entre um e outro, basta utilizar esta pasta.

Baixe os arquivos blupf90 e renumf90:

<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/Linux/64bit/blupf90>

<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/Linux/64bit/renumf90>

Copie-os para a pasta C:\Curso\_de\_Genomica\exemplos.

Na VirtualBox, digite pwd. Deverá mostrar /root.

Digite: cd / (cd espaço /)

Digite: pwd de novo e deverá mostrar somente a barra /

Digite: cd vagrant/exemplos (cd espaço vagrant/exemplos)

Digite: ./renumf90

Digite o nome do arquivo de parâmetros: renum.par

Aguarde rodar e veja se alguma mensagem de erro ocorreu.

Digite: ./blupf90

Digite o nome do arquivo de parâmetros: renf90.par

Aguarde rodar e veja se alguma mensagem de erro ocorreu.

Se funcionou tudo, seu ambiente estará preparado para o curso.

## **Passo 5: Para aqueles que já utilizam Linux**

Baixe o arquivo Teste\_Curso\_de\_Genomica.zip pelo link abaixo e descompacte-o:

[https://drive.google.com/file/d/0B\\_tG2UX4XkoTcUIJUEVhWUJfZnc/view?usp=sharing](https://drive.google.com/file/d/0B_tG2UX4XkoTcUIJUEVhWUJfZnc/view?usp=sharing)

Baixe os arquivos blupf90 e renumf90:

<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/Linux/64bit/blupf90>

<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/Linux/64bit/renumf90>

Digite: `./renumf90`

Digite o nome do arquivo de parâmetros: `renum.par`

Aguarde rodar e veja se alguma mensagem de erro ocorreu.

Digite: `./blupf90`

Digite o nome do arquivo de parâmetros: `renf90.par`

Aguarde rodar e veja se alguma mensagem de erro ocorreu.

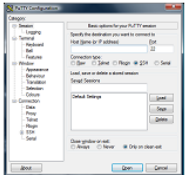
Se funcionou tudo, seu ambiente estará preparado para o curso.

## Passo 6: Visualizando gráficos com o Gnuplot

Para que se possa visualizar gráficos, serão necessários três programas:

- 1) PuTTY – para emulação de terminal no Windows
- 2) Gnuplot – para gerar o gráfico via terminal
- 3) Xming – para transmitir o que foi processado no terminal para a tela do Windows

O PuTTY não precisa ser instalado, basta baixá-lo no site <http://www.putty.org/>



### Download PuTTY

PuTTY is an SSH and telnet client, developed originally by Simon Tatham for the Windows platform. PuTTY is open source software that is available with source code and is developed and supported by a group of volunteers.

You can download PuTTY [here](#).



O Xming necessita instalação. Sugerimos baixá-lo através do site:

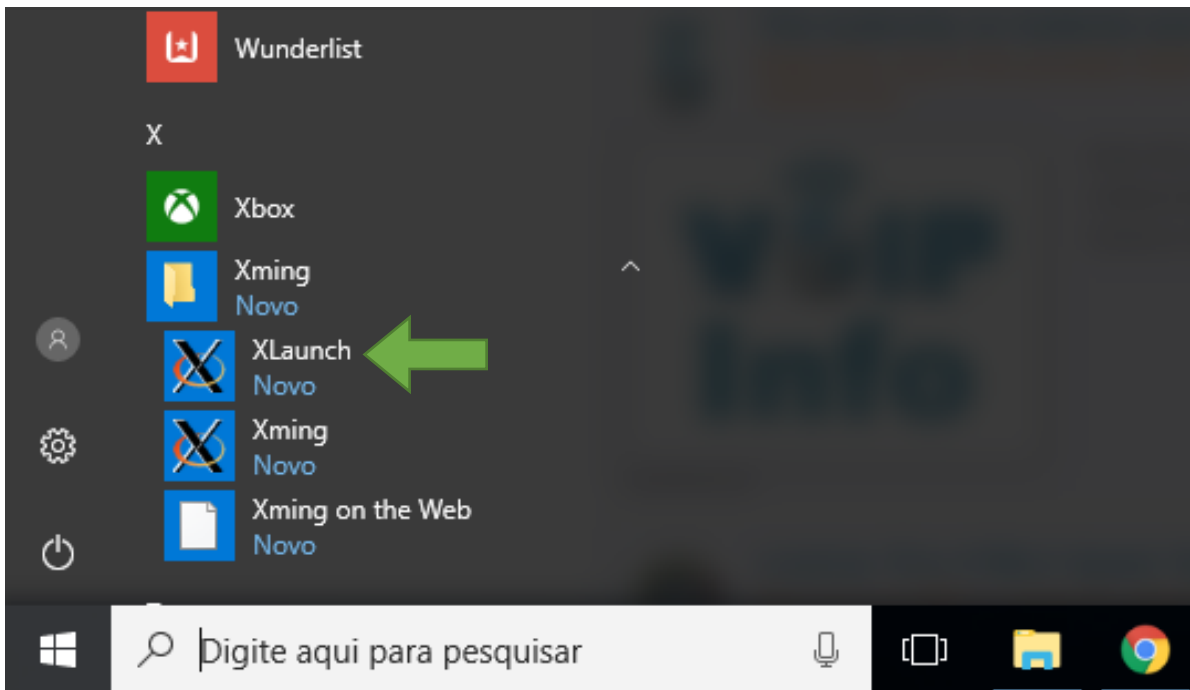
<https://sourceforge.net/projects/xming/>



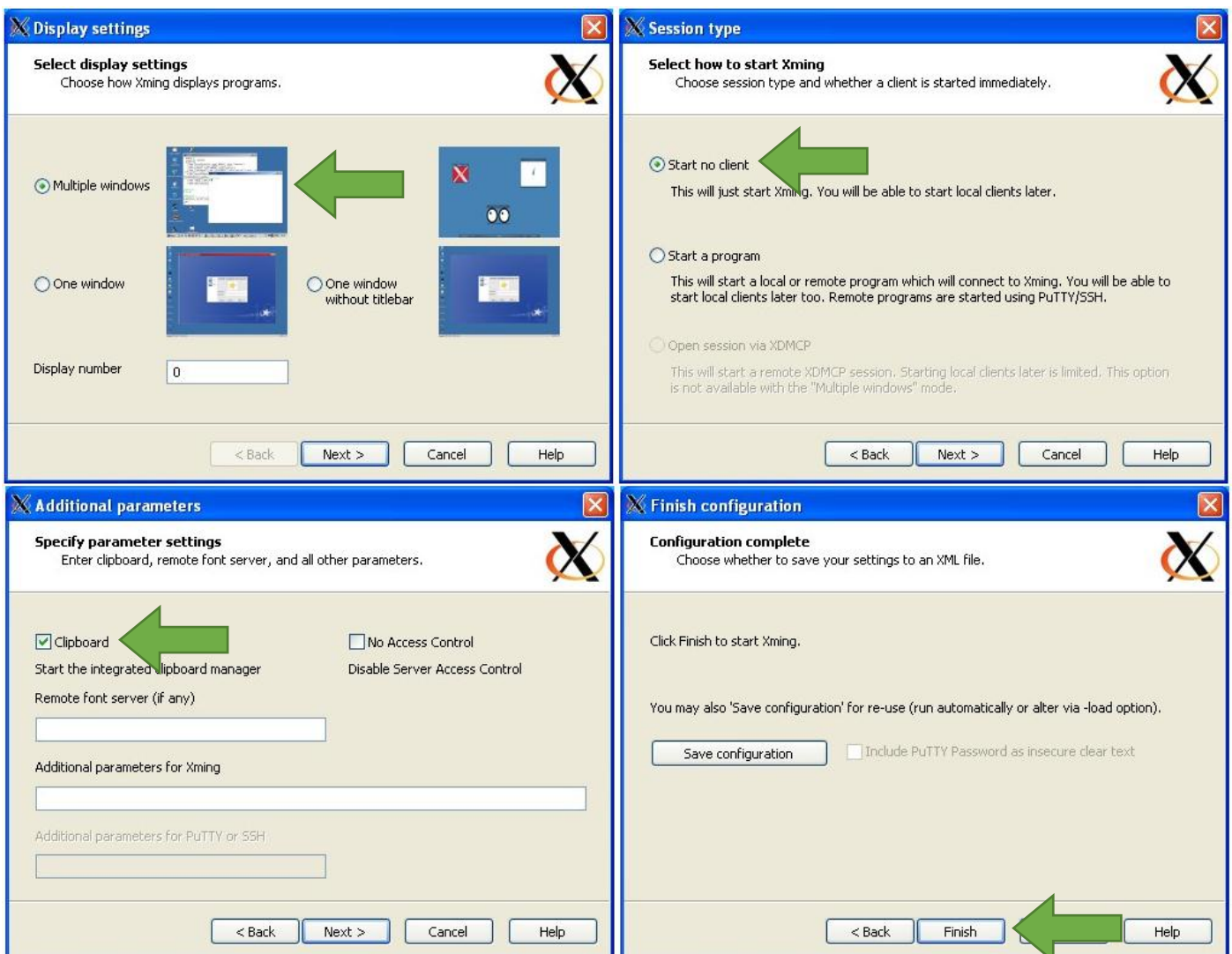
A screenshot of the SourceForge project page for Xming. It shows the 'Summary' tab selected, with '13,370 Downloads (This Week)' and 'Last Update: 2016-08-09'. There are social media buttons for Twitter, Google+, and Facebook (66 likes). A prominent green 'Download' button is visible, with the file name 'Xming-6-9-0-31-setup.exe' below it. A green arrow points to this button.

Execute o arquivo **Xming-6-9-0-31-setup.exe**. Mantenha as configurações sugeridas.

Finalizada a instalação, no Menu Iniciar, localize o item Xming e clique em XLaunch:

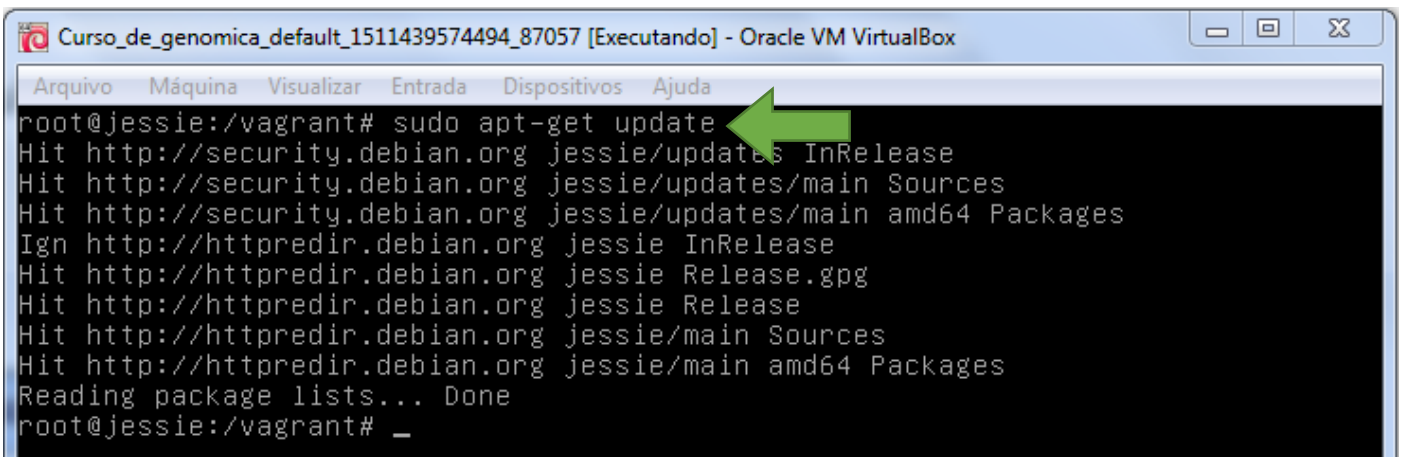


Aplice as configurações abaixo e clique em Finish:



Para instalar o Gnuplot, na máquina virtual, digite:

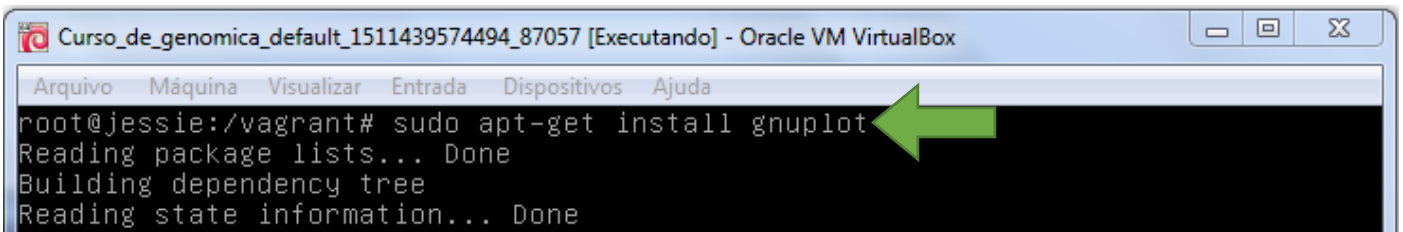
```
sudo apt-get update
```



```
Curso_de_genomica_default_1511439574494_87057 [Executando] - Oracle VM VirtualBox
Arquivo Máquina Visualizar Entrada Dispositivos Ajuda
root@jessie:/vagrant# sudo apt-get update
Hit http://security.debian.org jessie/updates InRelease
Hit http://security.debian.org jessie/updates/main Sources
Hit http://security.debian.org jessie/updates/main amd64 Packages
Ign http://httpredir.debian.org jessie InRelease
Hit http://httpredir.debian.org jessie Release.gpg
Hit http://httpredir.debian.org jessie Release
Hit http://httpredir.debian.org jessie/main Sources
Hit http://httpredir.debian.org jessie/main amd64 Packages
Reading package lists... Done
root@jessie:/vagrant# _
```

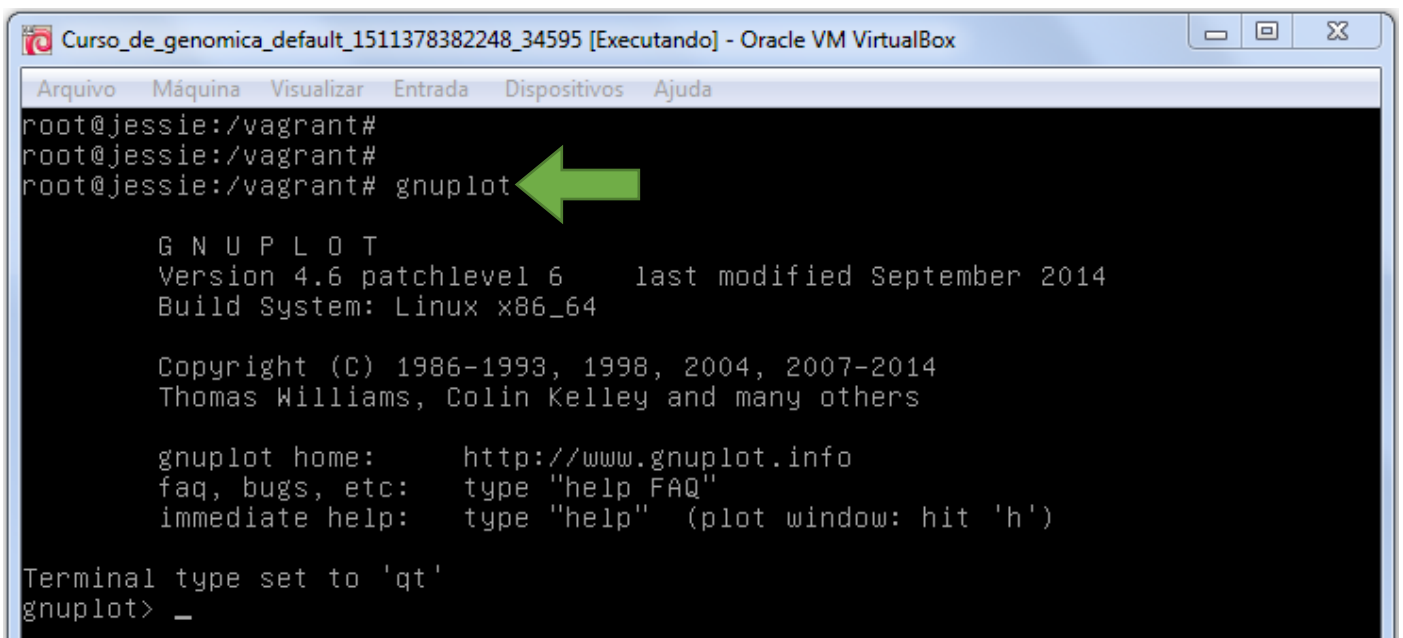
Depois digite:

```
sudo apt-get install gnuplot
```



```
Curso_de_genomica_default_1511439574494_87057 [Executando] - Oracle VM VirtualBox
Arquivo Máquina Visualizar Entrada Dispositivos Ajuda
root@jessie:/vagrant# sudo apt-get install gnuplot
Reading package lists... Done
Building dependency tree
Reading state information... Done
```

Somente para testar se a instalação deu certo, digite gnuplot:



```
Curso_de_genomica_default_1511378382248_34595 [Executando] - Oracle VM VirtualBox
Arquivo Máquina Visualizar Entrada Dispositivos Ajuda
root@jessie:/vagrant#
root@jessie:/vagrant#
root@jessie:/vagrant# gnuplot
      G N U P L O T
      Version 4.6 patchlevel 6      last modified September 2014
      Build System: Linux x86_64

      Copyright (C) 1986-1993, 1998, 2004, 2007-2014
      Thomas Williams, Colin Kelley and many others

      gnuplot home:      http://www.gnuplot.info
      faq, bugs, etc:   type "help FAQ"
      immediate help:   type "help" (plot window: hit 'h')

      Terminal type set to 'qt'
      gnuplot> _
```

Tecele q e dê um Enter para sair.

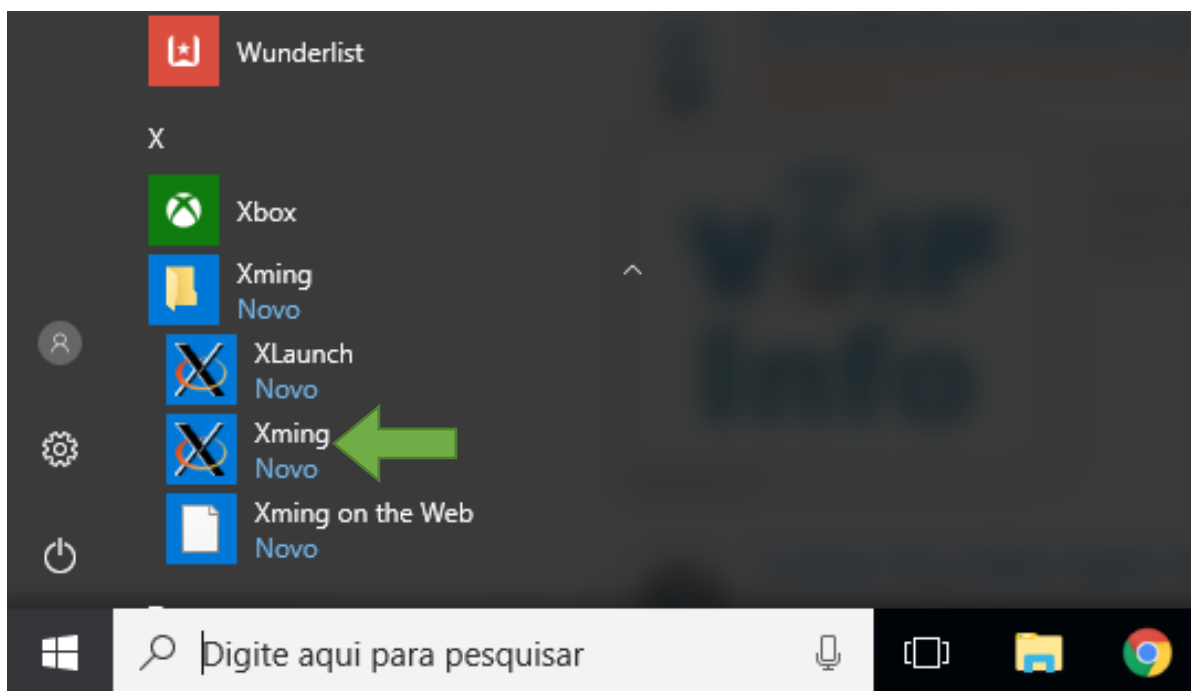
Para testar a apresentação do gráfico na tela, fazer o seguinte:

Na VirtualBox, execute o programa renumf90, utilizando o renum.par como arquivo de parâmetros. Depois, execute o programa gibbs1f90, utilizando o renf90.par como arquivo de parâmetros.

Para a pergunta “number of samples and length of burn-in”, digite 100, dê um Enter, digite 5 e dê um Enter. Para a pergunta “Give n to store every n-th sample?”, digite 1 e dê um Enter:

```
Options read from parameter file:
* SNP file: snps_ok.txt
* SNP Xref file: snps_ok.txt_XrefID
number of samples and length of burn-in
100
5
      100      5
Give n to store every n-th sample? (1 means store all samples)
1_
```

No Windows, execute o Xming:

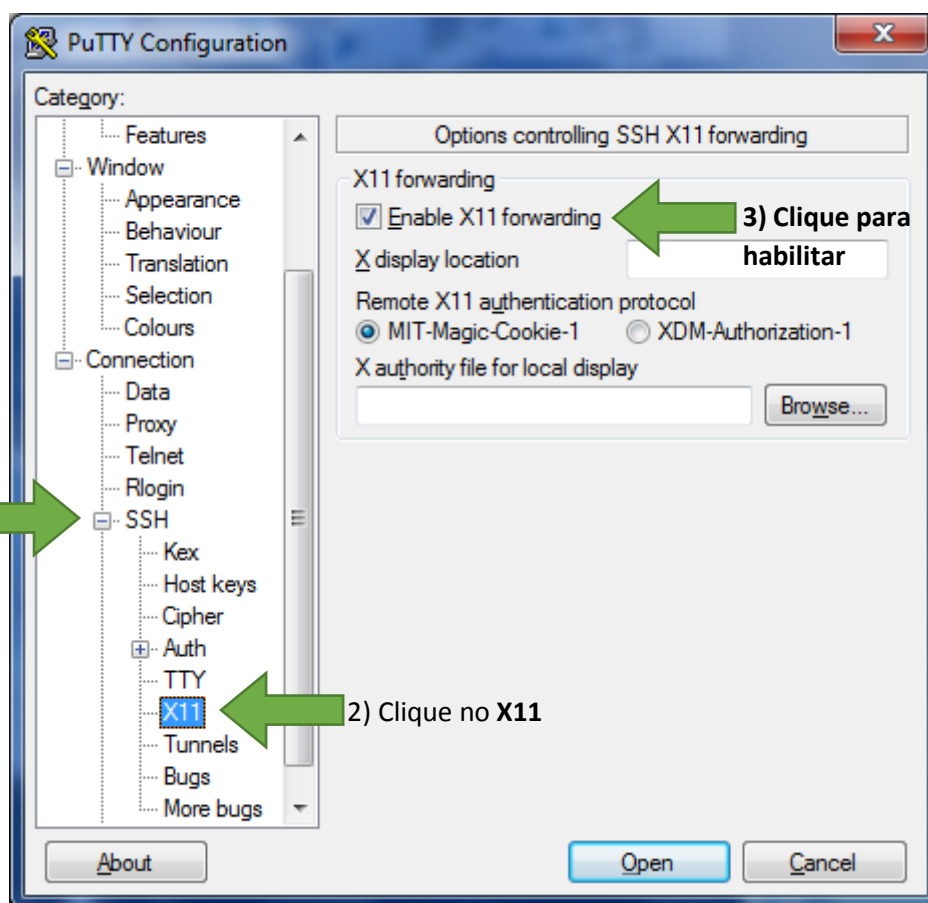
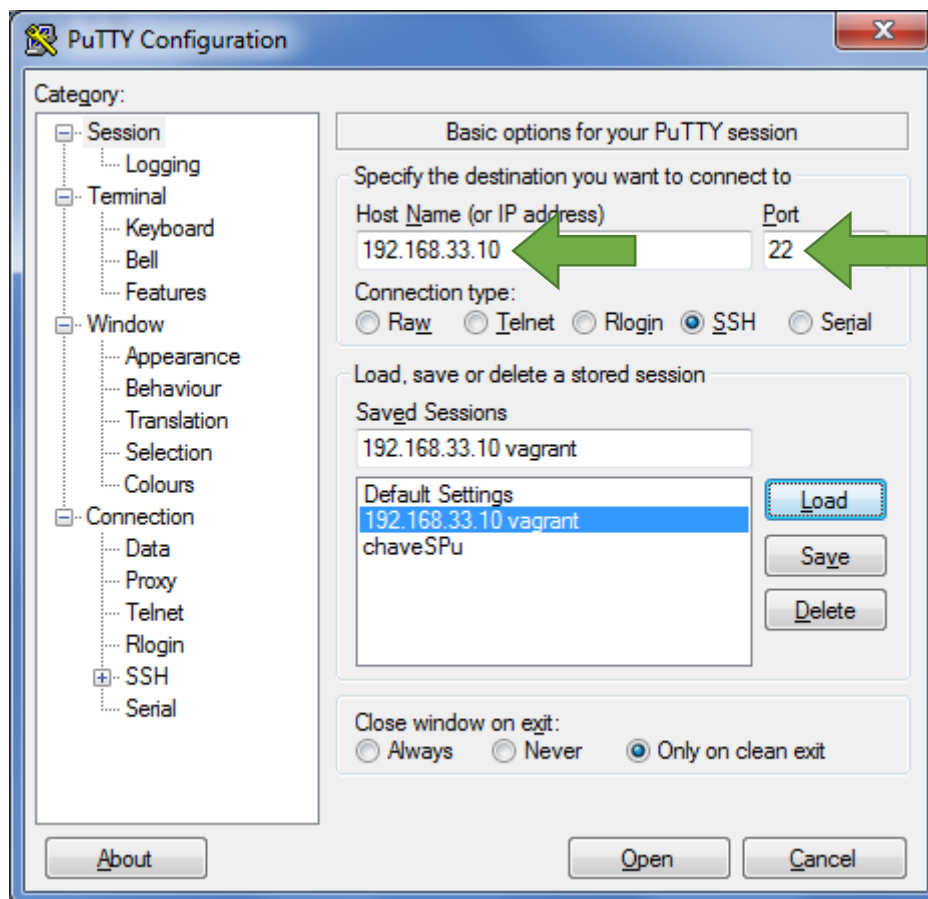


Na Barra de Tarefas, aparecerá:





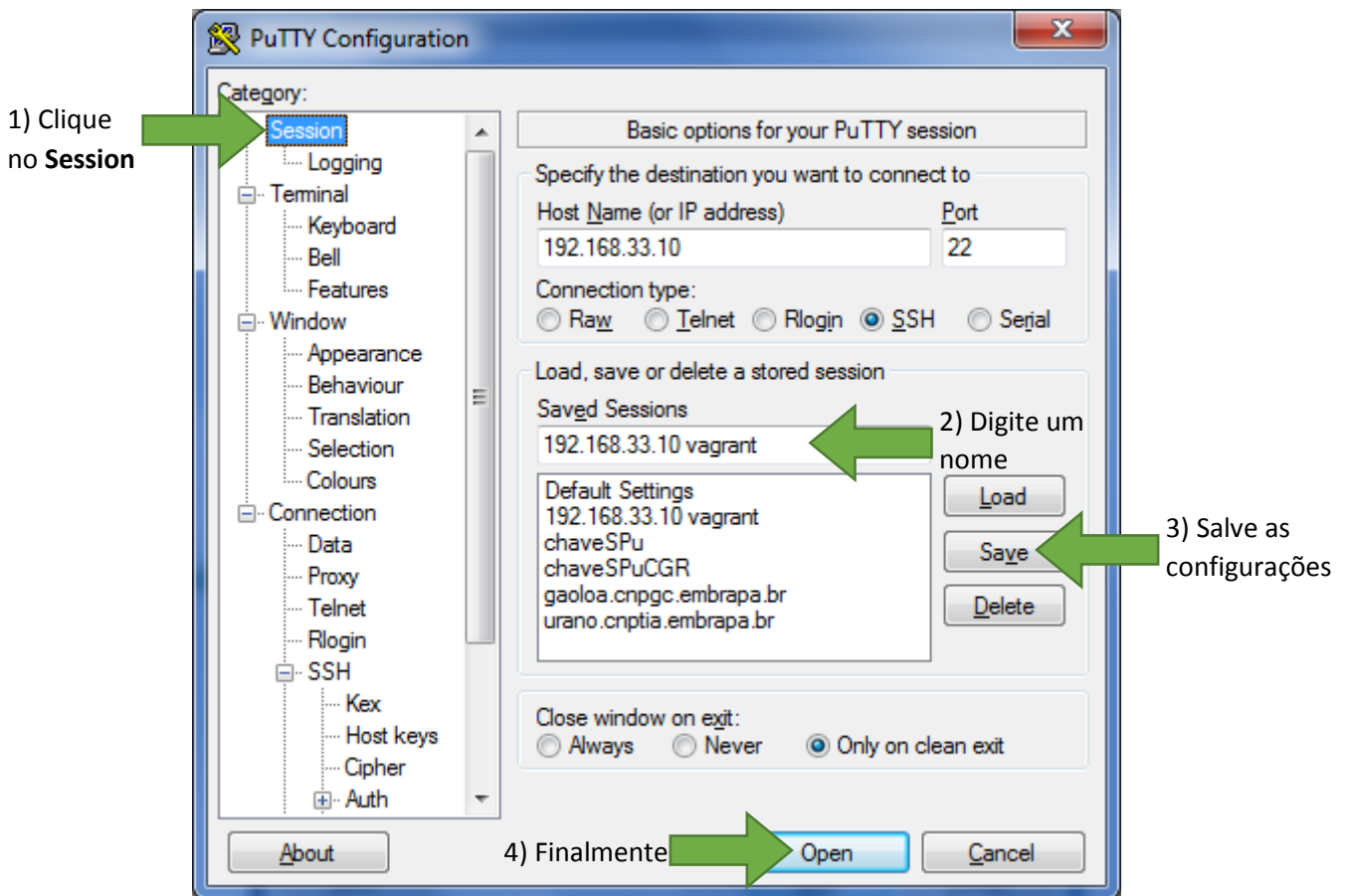
No Windows ainda, execute o PuTTY. Preencha o Host Name com 192.168.33.10, Port = 22



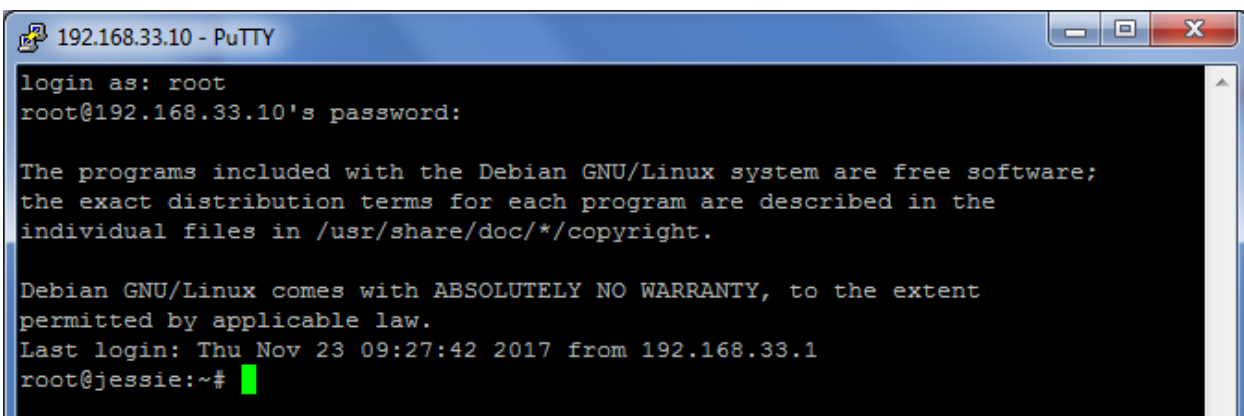
1) Clique aqui, sobre o sinal +

2) Clique no X11

3) Clique para habilitar

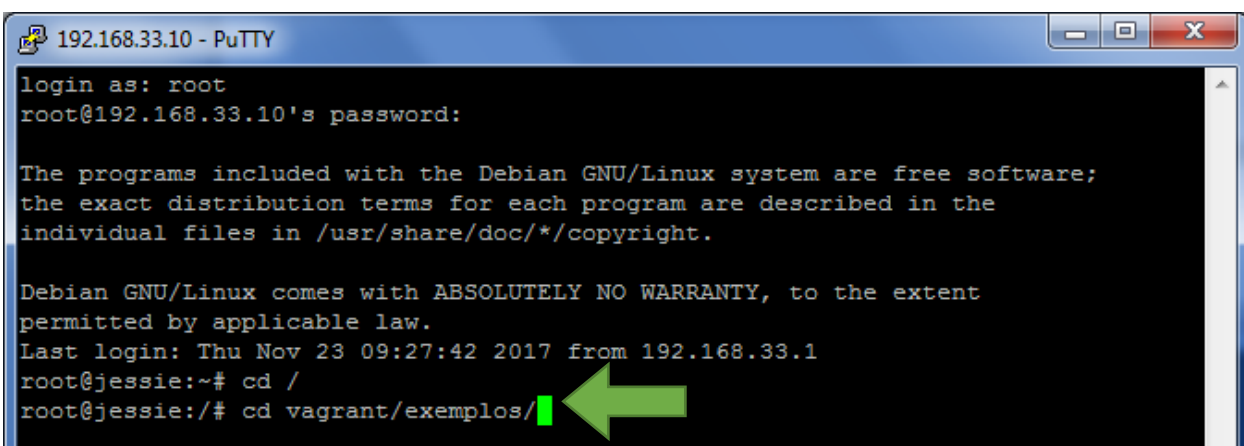


Na tela que se abrirá, digite o mesmo login e senha do virtualbox:



Digite cd (espaço) /

Digite cd vagrant/exemplos



Digite ./ postgibbsf90 e renf90.par. Para o Burn-in?, digite 0 (zero):

```
192.168.33.10 - PuTTY
root@jessie:/vagrant/exemplos# ./postgibbsf90
name of parameter file?renf90.par
renf90.par
POST-GIBBSF90 3.08
# parameters in gibbs_samples = 2
Read 95 samples from round 6 to 100
Burn-in?
0
```

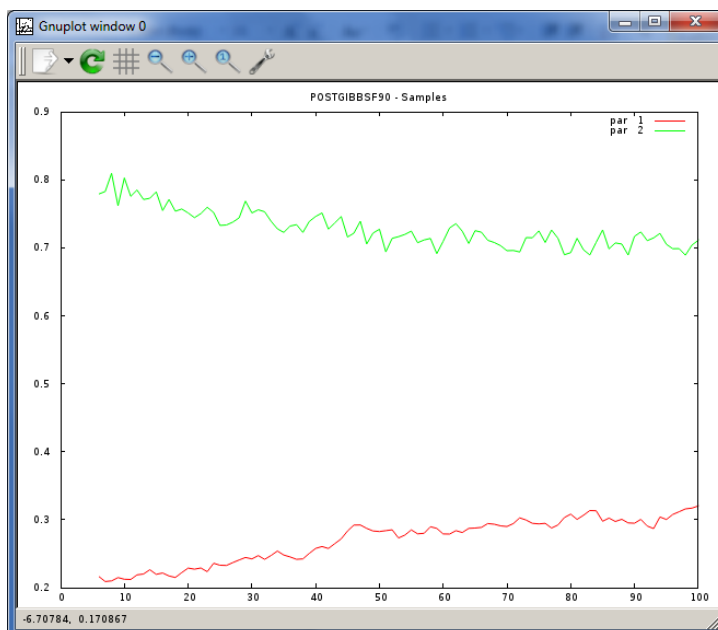
Para a pergunta “Give n to store every n-th sample?”, digite 1 e dê um Enter:

```
192.168.33.10 - PuTTY
root@jessie:/vagrant/exemplos# ./postgibbsf90
name of parameter file?renf90.par
renf90.par
POST-GIBBSF90 3.08
# parameters in gibbs_samples = 2
Read 95 samples from round 6 to 100
Burn-in?
0
Give n to read every n-th sample? (1 means read all samples)
1
```

Para a pergunta “Choose a graph for samples ...”, digite 1 e dê um Enter. Para positions, digite 1 (espaço) 2 e dê um Enter.

```
192.168.33.10 - PuTTY
2 0 0 1 1 0.27158E-01 0.72861 0.67537 0.78184
1.41 0.819 0.539 -0.478 2
Choose a graph for samples (= 1) or histogram (= 2); or exit (= 0)
1
positions
1 2
```

Aguarde que o gráfico deverá aparecer:



Para sair do PuTTY, digite CTRL+C e depois logout.

Então, para visualizar gráficos, é necessário ter o Xming ativado, rodar o postgibbsf90 pelo PuTTY conectado com a VirtualBox.

## Passo 7: Instalando o R Software

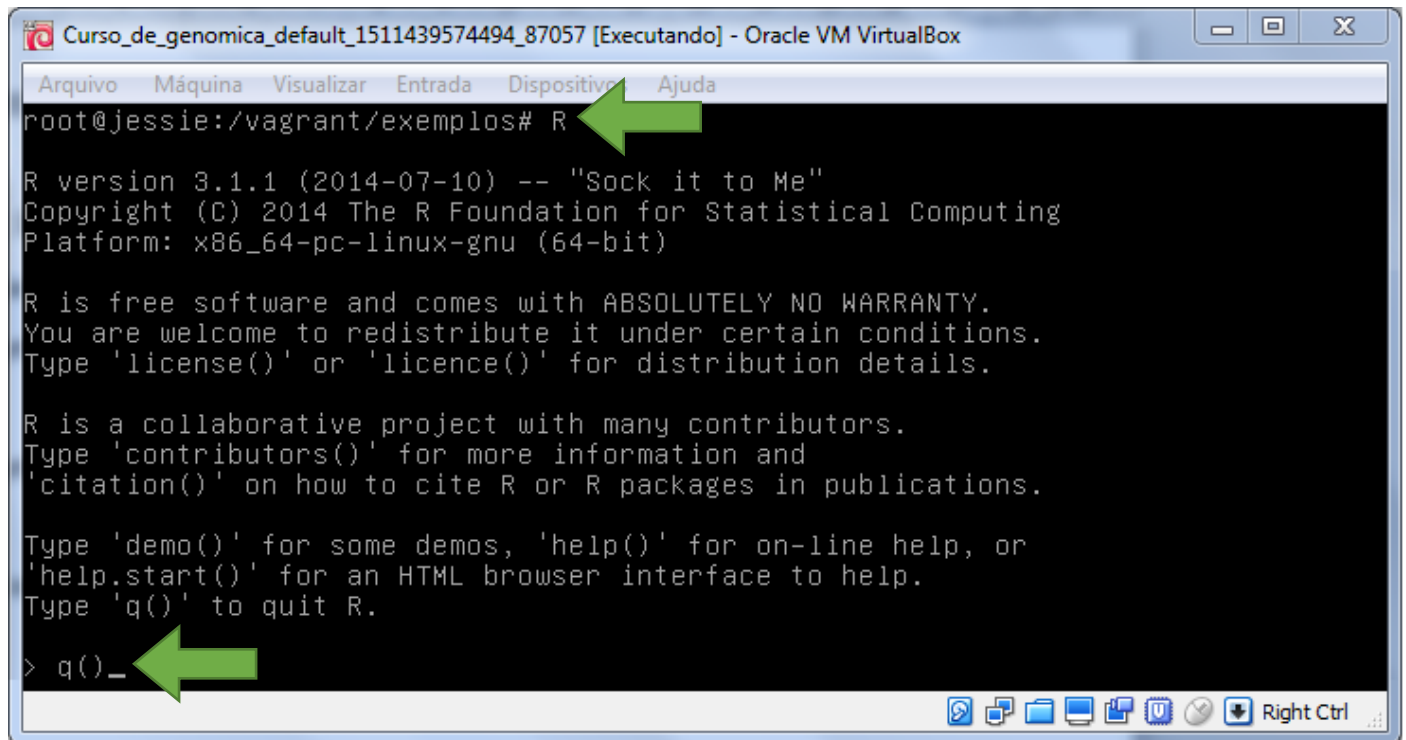
Para instalar o Gnuplot, na máquina virtual, digite:

```
sudo apt-get update
```

E depois:

```
sudo apt-get install r-base r-base-dev
```

Aguarde a instalação. Para testar, digite R e depois q() para sair:



```
Curso_de_genomica_default_1511439574494_87057 [Executando] - Oracle VM VirtualBox
Arquivo Máquina Visualizar Entrada Dispositivos Ajuda
root@jessie:/vagrant/exemplos# R
R version 3.1.1 (2014-07-10) -- "Sock it to Me"
Copyright (C) 2014 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-pc-linux-gnu (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> q()_
```

## Lista de softwares necessários para o curso:

- renumf90
- blupf90
- remlf90
- airemlf90
- gibbs1f90
- gibbs2f90
- postgibbsf90
- postGSf90
- VirtualBox + Extension Pack
- Vagrant
- Xming
- PuTTY
- Gnuplot
- R Software