

bcftools

Korištenje

Dostupne verzije i pripadajući moduli:

Verzija	Modul
1.15.1	bioinfo/bcftools

Primjer skripte za opis poslova:

bcftools.sge

```
#!/bin/bash
#$      -N bcftools
#$      -cwd
#$      -q a16.q

module load bioinfo/bcftools/1.15.1

bcftools roh -G30 --AF-dflt 0.4 file.vcf
```



Ako se upotrebljuje opcija `--threads` ili `-t`, umjesto `-q a16.q` staviti `-pe *mpisingle 2`

Podnošenje posla

```
qsub bcftools.sge
```

Instalacija

Preduvjeti za instalaciju: **htslib**

Instalacija:

- Compile je izveden sa intel/2020

1.Instalacija htslib

```
module load intel/2020
wget https://github.com/samtools/htslib/releases/download/1.15.1/htslib-1.15.1.tar.bz2
bzip2 -d htslib-1.15.1.tar.bz2
tar -xvf htslib-1.15.1.tar
./configure --prefix=/home/mhrzenja/ni4os/htslib/1.15.1 CC=cc with-libdeflate
make
make install
```

2.Instalacija bcftools

```
module load intel/2020
wget https://github.com/samtools/bcftools/releases/download/1.15.1/bcftools-1.15.1.tar.bz2
bzip2 -d bcftools-1.15.1.tar.bz2
tar -xvf bcftools-1.15.1.tar
./configure prefix=/home/mhrzenja/ni4os/bcftools/1.15.1 CC=cc --with-htslib=/home/mhrzenja/ni4os/htslib/1.15.1
make
make install
```