

Samtools

Korištenje

Dostupne verzije i pripadajući moduli:

Verzija	Modul
1.9	bioinfo/Samtools/1.9
1.15.1	bioinfo/Samtools/1.15.1

Primjer skripte za opis poslova:

samtools.sge

```
#!/bin/bash
#$ -N samtools_threading
#$ -cwd
#$ -pe *mpisingle 4

module load bioinfo/Samtools/1.15.1

samtools sort -@ $NSLOTS P3TLH.bam
```



Važno

Ako se radi s velikim datotekama SAM ili BAM, poželjno je koristiti `*mpisingle` i odrediti veći broj jezgri. Ovisno o alatu u samtools-ima većina ima opciju `-@` za određivanje threadova. Broj threadova mora odgovarati broju traženih jezgri, u gornjem primjeru definirano varijablom `$NSLOTS`

Instalacija

Preduvjet za instalaciju je biblioteka **htslib**.

- Compile je izveden sa intel/2020

Instalacija samtools-a

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