

bwa-mem2

Korištenje

Dostupne verzije i pripadajući moduli:

Verzija	Modul
2.2.1	bioinfo/bwa-mem2

Primjer skripte za opis poslova:

- primjer je napravljen prema uputama sa stranice ([bwa-mem2](#))
- `human_g1k_v37.fasta` je preuzet

indeksiranje.sge

```
#!/bin/bash
#$ -N bwa-mem2_indeksiranje
#$ -cwd
#$ -pe p28-mpisingle 2
#$ -l memory=40

module load bioinfo/bwa-mem2/2.2.1

bwa-mem2 index human_g1k_v37.fasta
```

- Primjeri su preuzeti uz pomoć sra-tools



Upotreba u slučaju velikih podataka

Pri indeksiranju potrebne su velike količine RAM-a stoga se preporuča po izračunu $28\text{GB} * N$ (N je veličina datoteke koja se indeksira). Koristi se `-l memory=(količina memorije)`. Zbog velike količine radne memorije poslovi indeksiranja se šalju isključivo na p20 ili 28.

bwa-mem2.sge

```
#!/bin/bash
#$ -N bwa-mem2
#$ -cwd
#$ -pe *mpisingle 16

module load bioinfo/bwa-mem2/2.2.1

bwa-mem2 mem -t $NSLOTS human_g1k_v37.fasta human_g1k_v37.fasta SRR7733443_1.fastq SRR7733443_2.fastq >
d3_align.sam
```

Instalacija:

- Compile je izveden sa intel/2020

Instalacija bwa-mem2

```
git clone --recursive https://github.com/bwa-mem2/bwa-mem2
cd bwa-mem2
module load intel/2020
make CC=cc CXX=icpc
```