

SortMeRna

Verzija	Modul
2.1	bioinfo/SortMeRna/2.1
4.3.6	bioinfo/SortMeRna/4.3.6

Korištenje



Baze podataka koje su pod \$RNA varijablom:

- smr_v4.3_default_db.fasta
- smr_v4.3_fast_db.fasta
- smr_v4.3_sensitive_db.fasta
- smr_v4.3_sensitive_db_rfam_seeds.fasta

Nasprem starijih verzija sve potrebne baze za indeksiranje su u smr_v4.3_default_db.fasta.

Potrebno je odrediti --workdir za željeni radni direktorij u suprotnom program kreira svoj workdir u \$HOME/sortmerna/run

Alingment

```
#!/bin/bash
#$ -N SMR-test
#$ -cwd
#$ -pe *mpisingle 12

module load bioinfo/SortMeRna/4.3.6

sortmerna -ref $RNADB/smr_v4.3_default_db.fasta -reads set5_simulated_amplicon_silva_bac_16s.fasta -sam -fastx -
blast 1 -num_alignments 1 -v --workdir . --threads $NUMSLOTS
```

Instalacija

- Prevodioc gcc/9 je korišten
- napravljen je cmake sym link na cmake3

Instalacija

```
source /apps/miniforge3/bin/activate
conda create --prefix /home/mhrzenja/SMRNA python=3.8
conda activate /home/mhrzenja/SMRNA
module load gcc/9
mkdir ~/SMRNA2
cd SMRNA2
git clone https://github.com/biocore/sortmerna.git
export SMR_HOME=/home/mhrzenja/SMRNA2/sortmerna
python $SMR_HOME/scripts/build.py --name all [--env $SMR_HOME/script/my_env.yaml]
```