

Trinity

Općenito

Trinity je *bioinfo* alat koji koristi OpenMP metodu paralelizacije (dijeljena memorija - jedan čvor) te je nužno koristiti paralelne okoline poput ***mpisingle**. Za rad zahtjeva dodatne alate:

- bowtie2
- jellyfish
- salmon
- samtools

Ako koristite Trinity verziju **2.15.0**, gore spomenuti alati automatski se učitavaju s Trinity-jem.

Moduli

Moduli koji dopremaju Trinity u Vašu okolinu definirani su u tablici niže:

Verzija	Modul
2.8.3	bioinfo/Trinity-RNASeq/2.8.3
2.8.5	bioinfo/Trinity-RNASeq/2.8.5
2.8.6	bioinfo/Trinity-RNASeq/2.8.6
2.15.0	bioinfo/Trinity-RNASeq/2.15.0

Primjer korištenja (v2.15.0)

Arhivu s ulaznim podacima i skriptom za podnošenje poslova možete preuzeti [ovdje](#).

```
#!/bin/bash

#$ -N trinity
#$ -pe *mpisingle 4
#$ -l memory=2
#$ -cwd

module load "bioinfo/Trinity-RNASeq/2.15.0"

Trinity --seqType fq --max_memory 8G --left reads.left.fq.gz --right reads.right.fq.gz --SS_lib_type RF --CPU
${NSLOTS} --no_cleanup
```



Napomena

SGE sustav koristi `-l memory` koji definira vrijednost radne memorije (u GB) po **jednoj zatraženoj jezgri** (primjer: 2)

Tu vrijednost je potrebno umnožiti za broj traženih jezgri (primjer: 4) i definirati maksimalnu radnu memoriju `--max_memory` koju će koristiti Trinity (primjer: 8 G).