

MIRA

MIRA je alat za sastavljanje/mapiranje podataka sekvenci DNK za cijeli genom i EST/RNASeq projekte.

MIRA sastavlja/mapira čitanja dobivena:

- sekvenciranjem elektroforeze (aka Sanger sekvenciranje)
- Illumina (Solexa) sekvenciranje
- 454 piro-sekvenciranje (GS20, FLX ili Titanium)
- Ion Torrent

Potrebno je napisati manifest sa parametrima. Više o korištenju i parametrima: https://mira-assembler.sourceforge.net/docs/DefinitiveGuideToMIRA.html#chap_intro

Primjer je preuzet sa: <https://github.com/bachev/mira/tree/master/test>

Prilagođen je mini.fasta u mini.fna jer je analiza rađena bez .fasta.qual datoteke.

Verzija	Modul
V5rc1	bioinfo/MIRA/V5rc1

Primjer korištenja:

MIRA.sge

```
#!/bin/bash

#$ -cwd
#$ -N miratest
#$ -pe *mpisingle 2

module load bioinfo/MIRA/V5rc1

mira manifest.txt -t $NSLOTS
```

Primjer manifesta:

manifest.txt

```
projectname = U13_manifest
job = denovo,genome,accurate
parameters = \
    -GE:not=4\
    --noclipping\
    SANGER_SETTINGS -AS:epoq=no
readgroup = bla
data = mini.fna
technology = sanger
```