

Corset

| Verzija | Modul |
|---------|---------------------------------|
| 1.07 | module load bioinfo/Corset/1.07 |

Korištenje

Aplikacija Corset **nema opciju paralelnog računanja** tako da je korištenje ograničeno na **serijske poslove**.

Primjer skripte za pokretanje

```
#!/bin/bash
#$ -N corset_test
#$ -cwd

module load bioinfo/Corset/1.07

corset *.bam
```

Iako je aplikacija ograničena na serijske poslove, postoji mogućnost ubrzanja proračuna pokretanjem više serijskih poslova (ukoliko postoji više od jedne ulazne datoteke). Svaki od poslova pokrećemo sa jednom ulaznom datotekom i zatim grupiramo rezultate sa novim poslom. Moguće je koristiti opciju polja poslova u SGE-u kako bi se svi poslovi (osim grupiranja) pokrenuli sa jednom skriptom. Ulazne datoteke u tom slučaju moraju imati odgovarajući naziv (numerirane datoteke npr.: test_1.bam, test_2.bam, test_3.bam).

Primjer pokretanja polja poslova (3 ulazne datoteke)

```
#!/bin/bash
#$ -N corset_test
#$ -cwd
#$ -t 1:3

module load bioinfo/Corset/1.07

input="*_${SGE_TASK_ID}.bam"

corset $input -r true-stop
```

Grupiranje podataka

```
#!/bin/bash
#$ -N corset_cluster_test
#$ -cwd

module load bioinfo/Corset/1.07

corset -i corset *.corset-reads
```

Instalacija

```
mamba create -p /apps/bioinfo/Corset/1.07 python=3.8 corset=1.07 -c bioconda
```

