

bwa-mem2

Opis

bwa-mem2 je novija verzija bwa-mem algoritma. Proizvodi poravnavanje (alignment) identično bwa i brži je ~1.3-3.1x ovisno u use-caseu, setu podataka i mašini na kojoj se izvodi.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.2.1	scientific/bwa-mem2/2.2.1	✗	✓

Službena dokumentacija

- <https://github.com/bwa-mem2/bwa-mem2>
- Datoteke za primjer:

- SRA: SRR7733443

```
fastq-dump --split-files SRR7733443
```

- ref:

```
wget http://ftp.1000genomes.ebi.ac.uk/vol1/ftp/technical/reference/human_g1k_v37.fasta.gz
```

Primjeri

index.pbs

```
#PBS -N index
#PBS -q cpu
#PBS -l select=1:ncpus=8:mem=100GB

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bwa-mem2/2.2.1

bwa-mem2 index human_g1k_v37.fasta
```

mapping.pbs

```
#PBS -N mapping
#PBS -q cpu
#PBS -l select=1:ncpus=40:mem=100GB
cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bwa-mem2/2.2.1

bwa-mem2 mem -t $NCPUS human_g1k_v37.fasta SRR7733443_1.fastq SRR7733443_2.fastq > d4_align.sam
```

Napomene



Uzimanje resursa

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 mem=(količina memorije u mB ili GB), npr -l mem=60GB.