

Samtools

Opis

Samtools je paket aplikacija za obradu podataka sekvenciranja visoke propusnosti:

- samtools se koristi za rad sa SAM, BAM i CRAM datotekama koje sadrže usklađene sekvence. Također se može koristiti za indeksiranje datoteka fasta.
- bgzip komprimirane datoteke mogu se dekomprimirati pomoću gunzipa. Međutim, oni se zapravo sastoje od određenog broja komprimiranih blokova što olakšava indeksiranje i nasumični pristup.
- tabix se koristi za indeksiranje bgzip komprimiranih tabličnih podataka. Može stvoriti indekse formata .tbi i .csi.
- wgsim se koristi za simulaciju NGS čitanja. razni pomoćni programi za pretvorbu (bowtie2sam, novo2sam, blast2sam, psl2sam, ...)
- htlib je biblioteka za čitanje i pisanje gore spomenutih formata. samtools i bcftools temelje se na htlibu Svaki od glavnih alata i formata datoteka ima vlastite stranice priručnika (npr. man samtools ili man sam).

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
1.18	scientific/samtools/1.18		

Dokumentacija

- [Home page](#)
- [Priručnik](#)
- [Github](#)
- Primjer preuzet sa: <ftp://ftp.sra.ebi.ac.uk/vol1/SRA716/SRA716608/bam/P3TLH.bam>

Primjer korištenja

PADOBRAN

```
samtools.pbs

#!/bin/bash

#PBS -N samtools_threading
#PBS -q cpu
#PBS -l select=1:ncpus=20:mem=20GB

module load scientific/samtools/1.18

cd $PBS_O_WORKDIR

samtools.sh samtools sort -@ $NCPU P3TLH.bam
```