

bowtie2



Opis

Bowtie 2 je ultrabrz i memorijski učinkovit alat za usklađivanje čitanja sekvenciranja s dugim referentnim sekvencama. Osobito je dobar u usklađivanju čitanja od oko 50 do 100 ili 1000 znakova, a posebno je dobar u usklađivanju s relativno dugim genomima (npr. sisavaca). Bowtie 2 indeksira genom s FM indeksom kako bi njegov memorijski otisak bio mali: za ljudski genom njegov memorijski otisak obično je oko 3,2 GB. Bowtie 2 podržava načine poravnanja s praznim, lokalnim i uparenim krajevima.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.5.3	scientific/bowtie2/2.5.3	✗	✓

Službena dokumentacija

<https://bowtie-bio.sourceforge.net/bowtie2/manual.shtml>

Primjer se nalazi na : <https://github.com/BenLangmead/bowtie2>

Primjeri

Poravnavanje uparenih krajeva

```
#PBS -N bowtie2-example
#PBS -q cpu
#PBS -l select=1:ncpus=8

cd ${PBS_O_WORKDIR}

module load scientific/bowtie2/2.5.3

bowtie2.sh bowtie2 -p $NCPUS -x example/index/lambda_virus -1 example/reads/reads_1.fq -2 example/reads/reads_2.fq
```

Izrada velikog indexa

```
#PBS -N bowtie2-example
#PBS -q cpu
#PBS -l select=1:ncpus=8

cd ${PBS_O_WORKDIR}

module load scientific/bowtie2/2.5.3

bowtie2.sh bowtie2-build --threads $NCPUS --large-index example/reference/lambda_virus.fa example/index/lambda_virus
```