

bcftools

Opis

BCFtools je skup uslužnih programa koji manipuliraju varijantnim pozivima u Variant Call Formatu (VCF) i njegovom binarnom parnjaku BCF. Sve naredbe transparentno rade s VCF-ovima i BCF-ovima, nekomprimiranima i BGZF-komprimiranima. Većina naredbi prihvaća VCF, bgzipped VCF i BCF s automatskim otkrivanjem vrste datoteke čak i pri strujanju iz cijevi.

Indeksirani VCF i BCF će raditi u svim situacijama. Neindeksirani VCF i BCF i streamovi će raditi u većini, ali ne u svim situacijama. Općenito, kad god se više VCF-ova čita istovremeno, oni moraju biti indeksirani i stoga također komprimirani. (Imajte na umu da se datotekama s nestandardnim nazivima indeksa može pristupiti kao npr. "bcftools view -r X:2928329 file.vcf.gz##idx##non-standard-index-name".) BCFtools je dizajniran za rad na streamu. Smatra ulaznu datoteku "-" standardnim ulazom (stdin) i izlazi na standardni izlaz (stdout). Stoga se nekoliko naredbi može kombinirati s Unix pipe-om.

Dostupne verzije:

Verzija	Modul	Supek	Padobran
1.18	scientific/bcftools/1.18		

Primjer korištenja

- Dokumentacija: <http://samtools.github.io/bcftools/bcftools.html>

dmd.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N bcftools-test
#PBS -l select=1:ncpus=12:mem=20GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bcftools/1.18

bcftools csq -f hs37d5.fa -g Homo_sapiens.GRCh38.110.chromosome.1.gff3.gz
in.vcf -Ob -t $NCPUS -o out.bcf
```