

# bedtools

## Opis

Zajedno, pomoćni programi bedtools su švicarski vojni nož alata za širok raspon zadataka genomske analize. Najrašireniji alati omogućuju aritmetiku genoma: to jest, teoriju skupova na genomu. Na primjer, bedtools omogućuje presijecanje, spajanje, brojanje, nadopunjavanje i miješanje genomskih intervala iz više datoteka u široko korištenim formatima genomskih datoteka kao što su BAM, BED, GFF/GTF, VCF. Dok je svaki pojedinačni alat dizajniran za obavljanje relativno jednostavnog zadatka (npr. križanje dviju intervalnih datoteka), prilično sofisticirane analize mogu se provesti kombiniranjem više operacija bedtools na UNIX naredbenom retku.

## Verzije

| Verzija | Modul                      | Supek | Padobran |
|---------|----------------------------|-------|----------|
| 2.5.1   | scientific/bedtools/2.31.1 | ✗     | ✓        |

## Službena dokumentacija

- <https://bedtools.readthedocs.io/en/latest/>

## Primjer

- Primjer je preuzet sa bedtools git: <https://github.com/arq5x/bedtools2/>
- Aplikacije je serijska stoga ne može koristiti više od jedne jezgre

```
#!/bin/bash

#PBS -N bedtools-test
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bedtools/2.31.1

bedtools coverage -a x.bed -b y.bed -hist > obs
```