

seqkit

Opis

višeplatformski i ultrabrzi set alata za FASTA/Q manipulaciju datotekama

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.6.1	scientific/seqkit/2.6.1	✗	✓

Službena dokumentacija

- <https://bioinf.shenwei.me/seqkit/>

Primjer

- Primjer: <https://github.com/shenwei356/seqkit/tree/master/tests>

```
#!/bin/bash

#PBS -N seqkit-test
#PBS -l select=1:ncpus=10
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/seqkit/2.6.1

seqkit.sh seqkit seq -j $NCPUS -r -p SIRV_150601a.fasta -w 0 > dataset_A.
seqkit.rc
```