

SortMeRNA

Opis

SortMeRNA je alat za usklađivanje sekvenci za filtriranje, mapiranje i klasteriranje. Osnovni algoritam temelji se na približnim početnim vrijednostima i omogućuje osjetljivu analizu očitavanja NGS-a. Glavna primjena SortMeRNA je filtriranje rRNA iz metatranskriptomskih podataka. SortMeRNA uzima kao ulazne datoteke čitanja (fasta, fastq, fasta.gz, fastq.gz) i jednu ili više datoteka baze podataka rRNA, te razvrstava zasebno poravnata i odbijena čitanja u dvije datoteke. SortMeRNA radi s podacima Illumina, Ion Torrent i PacBio i može proizvesti poravnanja nalik na SAM i BLAST.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
4.3.6	scientific/sortmerna/4.3.6		

Službena dokumentacija

- <https://sortmerna.readthedocs.io/en/latest/index.html>

Primjer korištenja

smr.pbs

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

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/sortmerna/4.3.6

sortmerna --ref test_ref.fasta --reads test_read.fasta --threads $NCPU --workdir $PBS_O_WORKDIR
```