



bedops

blocked URL

Opis

Bedops je open-source alat za command line koji izvodi vrlo učinkovite i skalabilne Boolean i druge skupne operacije, statističke izračune, arhiviranje, pretvorbu i drugo upravljanje genomskim podacima proizvoljnih razmjera. Zadaci se mogu jednostavno podijeliti po kromosomu za distribuciju analiza cijelog genoma kroz računalni klaster.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.4.41	scientific/bedops/2.4.41		

Službena dokumentacija

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

Primjer

closest-features


```
#!/bin/bash

#PBS -N bedops-test
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bedops/2.4.41

closest-features --dist --closest --no-ref SNPs.bed DHSs.bed | cut -f2 -d '|' | grep -w -F -v -e "NA" > answer.
bed
```

 Bedops aplikacije koriste jednu dretvu i ne može se povećati broj dretvi. Zadane vrijednosti su 1 CPU i 3.8 GB RAM-a za PBS, za bedops je 2GB RAM-a. Ukoliko se javi potreba u pojedinačnim alatima(koji imaju opciju) količina memorije se može povećati.

convert2bed

```
#!/bin/bash

#PBS -N bedops-test
#PBS -l select=1:ncpus=1:mem=8GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bedops/2.4.41

convert2bed --input=bam --output=bed --max-mem=8GB < test.bam > test.bed
```

