

bbtols

Opis

BBTools je skup brzih, bioinformatičkih alata dizajniranih za analizu podataka sekvenci DNA i RNA. BBTools može rukovati uobičajenim formatima datoteka sekvenciranja kao što su fastq, fasta, sam, scarf, fasta+qual, komprimirani ili sirovi, s automatskim otkrivanjem kvalitetnog kodiranja i ispreplitanja. Napisan je u Javi i radi na bilo kojoj platformi koja podržava Javu, uključujući Linux, MacOS i Microsoft Windows i Linux; nema ovisnosti osim Jave (verzija 7 ili novija). Opisi programa i opcije prikazani su kada se skripte izvode bez parametara.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
39.06	scientific/bbtools/39.06		

Službena dokumentacija

- <https://github.com/BioInfoTools/BBMap/tree/master/docs>

Primjer

- Popis alata: <https://github.com/BioInfoTools/BBMap/blob/master/docs/TableOfContents.txt>
- Popis referentnih datoteka pod \$REF varijablom: <https://github.com/BioInfoTools/BBMap/tree/master/resources>

bbduk.pbs

```
#!/bin/bash

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

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/bbtools/39.06

bbduk.sh -Xmx20g in=AB_adapt_filtered.fsa out=cleaned.fa ref=$REF/adapters.fa --threads=$NCPUS
```