

TP TOGGLE

Données en entrée de TOGGLE :

- **Input data** : /data/projects/tp-cluster/TOGGLE/testData
- **Reference** : /data/projects/tp-cluster/TOGGLE/Bank
- **Configuration file** :
<https://github.com/SouthGreenPlatform/TOGGLE/blob/master/SNPdiscoveryPaired.config.txt>

- 1- Créer un répertoire TOGGLE dans votre home
- 2- Copier le répertoire Bank dans le dossier ~/TOGGLE
- 3- Télécharger le fichier [SNPdiscoveryPaired.config.txt](#) du dépôt github de TOGGLE sur votre ordinateur et compléter la partie SGE comme ci dessous

```
$sge  
-q bioinfo.q  
-b Y
```

- 4- Lancer TOGGLE en spécifiant en arguments :
 - le répertoire en entrée : /data/projects/tp-cluster/TOGGLE/testData/fastq/pairedTwoIndividusGzippedIrigin
 - le fichier de configuration modifié
 - la référence referenceIrigin.fasta
 - le répertoire de sortie
- 5- Lancer TOGGLE en modifiant le logiciel de détection de SNP *GATK HaplotypeCaller* par *GATK Unified Genotyper* et en repartant uniquement des fichiers bam généré par le lancement TOGGLE précédent