

ClustalOmega



Opis

Clustal Omega je program za višestruko poravnavanje sekvenci za poravnavanje tri ili više sekvenci zajedno na računalno učinkovit i točan način.

Proizvodi biološki značajna višestruka poravnanja sekvenci divergentnih sekvenci. Evolucijski odnosi mogu se vidjeti gledanjem kladograma ili filograma.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
1.2.4	scientific/clustalO/1.2.4	×	✓

Službena dokumentacija

- <http://www.clustal.org/omega/README>
- Primjeri: <http://www.clustal.org/omega/homfam-20110613-25.tar.gz>
- Službena stranica: [Clustal Omega](#)

Primjer

Align

```
#!/bin/bash
#PBS -N Clustal0-test
#PBS -l select=1:ncpus=40:mem=10GB

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/clustal0/1.2.4

clustalo -i bench/tms_test-only.vie -o tms_test-only.a2m -v --threads $NCPUS
```



Napomena

Program Clustal Omega zadano uzima sve dostupne procesore, stoga je potrebno ograničiti sa opcijom **--thread** pri korištenju.