

EUKulele

EUKulele je python paket koji omogućuje brzu taksonomsku oznaku metagenomskih i metatranskriptomskih podataka korištenjem pristupa posljednjeg zajedničkog pretka (Last Common Ancestor -LCA) za usklađivanje uzoraka s referentnom bazom podataka.

Dostupne verzije i pripadajući moduli:

Verzija	Modul
2.0.6	bioinfo/EUKulele/2.0.6

Korištenje

Sa skriptom:

Primjer je skinut sa <https://eukulele.readthedocs.io/en/latest/tutorial.html>

```
#!/bin/sh
#$ -N EUKulele_run
#$ -pe *mpisingle 10
#$ -cwd
#$ -R y

module load bioinfo/EUKulele/2.0.6

EUKulele --config curr_config
```

Konfiguracijska skripta:

curr_config.yaml

```
alignment_choice: diamond
subroutine: all
database: mmetsp
mets_or_mags: mags
nucleotide_extension: .fna
original_tax_table: taxonomy-table.txt
original_taxonomy: taxonomy-table.txt
output: out
protein_extension: .faa
protein_map: prot-map.json
ref_fasta: reference.pep.fa
reference: ref_dir
samples: sample_MAGs
CPUs: $NSLOTS
no_busco: 1
```



Korištenje EUKulele isključivo sa skriptom, komanda linija ne prenosi argumente za CPU pravilno.

Busco verzija je nekompatibilna sa radom 2.0.6 EUKulele stoga se koristi no_busco: 1 argument.

Odabrana baza će se automatski skinuti ako ne postoji u lokalno direktorij, stoga nakon korištenja se treba obrisati zbog veće količine podataka.

Instalacija

Instalacija EUKulele

```
source /apps/mambaforge/mamba/bin/activate  
mamba create -p /apps/virtenv/EUKulele/2.0.6 -c bioconda eukulele=2.0.6
```