

MMseqs2

blocked URL

Opis

MMseqs2 (pretraživanje sekvenci **many-against-many**) softverski je paket za pretraživanje i grupiranje ogromnih skupova sekvenci proteina i nukleotida. MMseqs2 je softver otvorenog koda s GPL licencom implementiran u C++ za Linux, MacOS i (kao beta verzija, putem cygwina) Windows. Softver je dizajniran za rad na više jezgri i poslužitelja i pokazuje vrlo dobru skalabilnost. MMseqs2 može raditi 10000 puta brže od BLAST-a. Pri 100 puta većoj brzini postiže gotovo istu osjetljivost. Može izvršiti pretraživanje profila s istom osjetljivošću kao PSI-BLAST brzinom 400 puta većom od svoje

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
14-7e284	scientific/MMseqs2/14-7e284		

Primjer korištenja

Primjer je preuzet sa: <https://github.com/soedinglab/MMseqs2>

mmseqs-easy search

```
#!/bin/bash

#PBS -q cpu
#PBS -N mmseqs-test
#PBS -l select=1:ncpus=16

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/MMseqs2/14-7e284

mmseqs easy-search QUERY.fasta DB.fasta alnRes.m8 tmp --threads $NCPUS
```

Dostupne baze su učitane kao varijable:

- \$NR
- \$NT
- \$swissprot
- \$Uniref50
- \$Uniref90

mmseqs-easy search with DB

```
#!/bin/bash

#PBS -q cpu
#PBS -N mmseqs-test-DB
#PBS -l select1:ncpus16

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/MMseqs2/14-7e284

mmseqs easy-search QUERY.fasta $NR alnRes.m8 tmp
```