

DIAMOND

blocked URL

Opis

DIAMOND je aplikacija za usklađivanje sekvenci za pretraživanje proteina i prevedene DNK, dizajniran za analizu visokih performansi velikih podataka o sekvencama. Ključne karakteristike su:

- Parno poravnanje proteina i prevedene DNK brzinom 100x-10 000x od BLAST-a.
- Proteinsko grupiranje do desetaka milijardi proteina
- Poravnanja pomaka okvira za analizu dugog čitanja.
- Mali zahtjevi za resursima i pogodan za rad na standardnim stolnim ili prijenosnim računalima.
- Različiti izlazni formati, uključujući BLAST u paru, tablični i XML, kao i taksonomsku klasifikaciju.

Dostupne verzije:

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.1.8	scientific/DIAMOND/2.1.8		

Primjer korištenja:

dmd.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N dmd-cluster
#PBS -l select=1:ncpus=12:mem=64GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/DIAMOND/2.1.8

diamond cluster -d astral-scopedom-seqres-gd-sel-gs-bib-95-2.07.fa -o clusters.tsv --approx-id 40 --threads
$NCPUS --memory-limit 64G --header
```

Dostupne baze za korištenje

Baze se nalaze u **\$BLASTDB** varijabli

- nr/nr
- **nr/nr_tax** - baza sa taksonomskim značajkama
- swissprot/swissprot
- nt/nt_fa/nt
- pfam/Pfam-A.fasta
- cog/cog-20.fa

dmd.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N dmd-blastp
#PBS -l select=1:ncpus=12:mem=64GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/DIAMOND/2.1.8

diamond blastp -d $BLASTDB/swissprot/swissprot -q protein.fa -o matches_swissprot.tsv --threads $NCPUS
```