

OrthoFinder

Opis

OrthoFinder je brza, precizna i sveobuhvatna platforma za komparativnu genomiku. Pronalazi ortogrupe i ortologe, izvodi zaključke o ukorijenjenim genskim stablima za sve ortogrupe i identificira sve događaje dupliciranja gena u tim genskim stablima. Također izvodi zaključak o ukorijenjenom stablu vrste za vrstu koja se analizira i mapira događaje umnožavanja gena od stabla gena do grana u stablu vrsta. OrthoFinder također pruža opsežne statistike za komparativne genomske analize. OrthoFinder je jednostavan za korištenje i sve što trebate za njegovo pokretanje je skup datoteka sekvenci proteina (jedan po vrsti) u FASTA formatu.

blocked URL

Slika 1: Automatska analiza OrthoFindera

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.5.5	scientific/orthofinder/2.5.5		

Službena dokumentacija

- <https://github.com/davidemms/OrthoFinder/tree/master>

Primjer

- Primjer: <https://github.com/davidemms/OrthoFinder/tree/master/ExampleData>

Padobran-example

```
#!/bin/bash

#PBS -N of-test
#PBS -l select=1:ncpus=10
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/orthofinder/2.5.5

of.sh orthofinder -f ExampleData/ -t $NCPUS
```