

RAXML

Opis

RAXML (Randomized Axelerated Maximum Likelihood) je program za sekvencijalne i paralelne Zaključivanje velikih filogenetskih stabala temeljeno na maksimalnoj vjerojatnosti. Također se može koristiti za post- analize skupova filogenetskih stabala, analize poravnanja i evolucijskog postavljanja kratkih očitavanja. Izvorno je izveden iz fastDNAmI koji je pak izveden iz Joea Felsensteina dnaml koji je dio PHYLIP paketa.

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
8.2.13	scientific/raxml/8.2.13	✗	✓

Službena dokumentacija

- <https://github.com/stamatak/standard-RAxML/tree/master/manual>

Primjer

- Primjer: https://cme.h-its.org/exelixis/web/software/raxml/hands_on.html

```
#!/bin/bash

#PBS -N raxml-test
#PBS -l select=1:ncpus=12
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/raxml/8.2.13

raxml.sh raxmlHPC -PTHREADS-SSE3 -T $NCPUS -m BINGAMMA -p 12345 -s binary.
phy -n T1
```