

trimAl

Opis

trimAl je alat za automatizirano uklanjanje lažnih sekvenci ili loše usklađenih regija iz poravnanja više sekvenci. trimAl može uzeti u obzir nekoliko parametara, pojedinačno ili u više kombinacija, kako bi odabrao najpouzdanije položaje u poravnanju. Oni uključuju udio nizova s razmakom, razinu sličnosti ostataka i, ako je dano nekoliko poravnanja za isti skup nizova, razinu dosljednosti stupaca među poravnanjima. Štoviše, trimAl može ručno odabrati skup stupaca koji će biti uklonjeni iz poravnanja.

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
1.4.1	scientific/trimal/1.4.1		

Službena dokumentacija

- <http://trimal.cgenomics.org/>

Primjer

- Primjer: <https://github.com/inab/trimal/tree/trimAl/dataset>

```
#!/bin/bash

#PBS -N trimal-test
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/trimal/1.4.1

trimal.sh trimal -in example.068.AA.strNOG.ENOG411BE45.fasta -out example.
068.AA.strNOG.ENOG411BE45.fasta.trimmed
```