

hmmer

[blocked URL](#)

Opis

HMMER se koristi za pretraživanje baza podataka sekvenci za homologe sekvenci i za usklađivanje sekvenci. Implementira metode koje koriste probablističke modele koji se nazivaju profil skriveni Markovljevi modeli (profil HMM). HMMER se često koristi zajedno s bazom podataka profila, kao što je Pfam ili mnoge baze podataka koje sudjeluju u Interprou.

Ali HMMER također može raditi sa sekvencama upita, ne samo s profilima, baš kao BLAST. Na primjer, sekvencu upita proteina možete pretraživati u bazi podataka s phmmerom ili napraviti iterativno pretraživanje s jackhmmerom. HMMER je dizajniran za otkrivanje udaljenih homologa što je moguće osjetljivije, oslanjajući se na snagu svojih temeljnih modela vjerojatnosti. U prošlosti je ova snaga dolazila uz značajne troškove računanja, ali od novog projekta HMMER3, HMMER je sada u biti jednako brz kao BLAST.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
3.4	scientific/hmmer/3.4		

Službena dokumentacija

- <http://eddylib.org/software/hmmer/Userguide.pdf>

Primjer korištenja

- Dostupne baze za korištenje
 - PFAM

hmmer-example

```
#!/bin/bash

#PBS -N hmmer-test
#PBS -q cpu
#PBS -l ncpus=8

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/hmmer/3.4

hmmsearch --cpu $NCPUS $HMMDB/pfam/Pfam-A.hmm globins45.fa
```