

# Beast

[blocked URL](#)

## Opis

BEAST je višeplosni program za Bayesovu analizu molekularnih sekvenci pomoću MCMC-a. U potpunosti je orijentiran na ukorijenjene, vremenski mjerene filogenije izvedene korištenjem strogih ili opuštenih modela molekularnog sata. Može se koristiti kao metoda rekonstrukcije filogenije, ali je i okvir za testiranje evolucijskih hipoteza bez uvjetovanja topologijom jednog stabla. BEAST koristi MCMC za prosjek prostora stabla, tako da je svako stablo ponderirano proporcionalno svojoj posteriornoj vjerojatnosti. Uključujemo program jednostavnog korisničkog sučelja za postavljanje standardnih analiza i niz programa za analizu rezultata.

## Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
1.10.5 +  pre-release of ThorneyTreeLikelihood v0.1.2	scientific/beast/1.10.5		

## Službena dokumentacija

<https://beast.community/>

## Primjeri

Trenutno na Supeku je najbolje koristiti GPU za izračune sa BEAST-om. CPU ne skalira dobro i koristi samo jednu dretvu.

BEAST-GPU primjer

```
#!/bin/bash

#PBS -N beast-gpu-run
#PBS -l ngpus=1
#PBS -q gpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/beast/1.10.5

beast -beagle_GPU input.xml
```