

EUKulele

Opis

EUKulele je python paket koji omogućuje brzu taksonomsku oznaku metagenomskih i metatranskriptomskih podataka korištenjem pristupa posljednjeg zajedničkog pretka (LCA) za usklađivanje uzoraka s referentnom bazom podataka.

Verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
2.0.7	scientific/eukulele/2.0.7		

Službena dokumentacija

- <https://eukulele.readthedocs.io/en/latest/quickstart.html>

Primjer

- EUKulele se može koristiti s config datotekom ili izravno pisati argumente u komandnu liniju.
- no_busco opcija je obavezna jer busco nije instaliran u okolini EUKulele
- svaki DB se mora posebno skidati za korištenje lokalno zbog drugačijeg diamond referenciranja
 - MMETSP
 - PhyloDB
 - EukZoo
 - EukProt

config

```
alignment_choice: diamond
subroutine: all
database: phylodb
mets_or_mags: mets
nucleotide_extension: .fasta
original_tax_table: taxonomy-table.txt
original_taxonomy: taxonomy-table.txt
output: out
protein_extension: .faa
protein_map: prot-map.json
ref_fasta: reference.pep.fa
reference:
samples: primjeri
CPUs: $NCPUS
no_busco: 1
```

euk-run.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N Eukulele-test
#PBS -l select=1:ncpus=16:mem=60GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/eukulele/2.0.7

eukulele.sh EUKulele --config curr_config.yaml
```

