

# OrthoFinder

<https://github.com/davidemms/OrthoFinder>

Dostupne verzije:

Verzija	Modul
2.3.8	bioinfo/OrthoFinder/2.3.8
2.3.12	bioinfo/OrthoFinder/2.3.12
2.5.4	bioinfo/OrthoFinder/2.5.4

## Primjer korištenja

Prilikom pokretanja poslova potrebno je staviti opciju "-t \$NSLOTS" kako bi se aplikacija širila prema zatraženom broju CPU jezgara/slotova.

```
#!/bin/bash
#$ -N test
#$ -pe mpisingle 8
#$ -cwd

module load bioinfo/OrthoFinder/2.5.4

orthofinder -h
```

Testni primjer aplikacije.

### OrthoFinder.sge

```
#!/bin/bash
#$ -N test
#$ -pe mpisingle 8
#$ -cwd

module load bioinfo/OrthoFinder/2.3.8
orthofinder -t $NSLOTS -f /apps/bioinfo/OrthoFinder/2.3.8/ExampleData/ -o $PWD/test -S diamond
```

```
qsub OrthoFinder.sge
```



#### Važno

Nužno je koristiti paralelne okoline **\*mpisingle** jer je aplikacija paralelizirana dijeljenjem memorije (shared memory parallel model)

## Parametri instalacije aplikacije

Aplikacija je preuzeta i otpakirana:

```
wget https://github.com/davidemms/OrthoFinder/releases/download/2.3.8/OrthoFinder_glibc-2.15.tar.gz
tar -xvf OrthoFinder_glibc-2.15.tar.gz
```

Verzija 2.5.4:

```
source /apps/miniforge3/bin/activate  
mamba create -p /apps/virtenv/orthofinder/2.5.4 python=3.8 orthofinder=2.5.4 -c bioconda
```