
Instalada no CESGA a aplicación GeneHunter

- Actualizado (09.09.2005)

Instalouse nos servidores HPC 4500 y AP 3000 do CESGA a aplicación GeneHunter. Esta aplicación dá solución a problemas de optimización que utilizan as metodoloxías máis avanzadas de algoritmia xenética (multipoint analysis of pedigree data including: non-parametric linkage analysis, LOD-score computation, information-content mapping, haplotype reconstruction).

O uso de GeneHunter adáptase as necesidades de bioinformáticos, biólogos, médicos, xenetistas, etc

A licencia desta aplicación é FreeWare e o código fonte da aplicación atópase dispoñible. Non hai versión paralela, aínda que se compilou para o HPC4500 coa opción -xautopar a versión 2.1r2. Para usala neste caso tense que executar gh.cc.par..Co que se mellora nun 25% o tempo de execución.

Cambios de contorno:

1. Para usar a versión 2.0 engadir ó PATH o directorio /opt/cesga/GeneHunternv2.0

2. Para usar a versión 2.1 r2 engadir ó PATH o directorio /opt/cesga/GeneHunternv2.1r2

O comando execútase como gh. O manual está en formato PS en cada directorio (gh.ps) ou vía WEB en <http://linkage.rockefeller.edu/soft/gh>