

Скачать

FastTree Crack + Download For Windows

FastTree — это программа приблизительного максимального правдоподобия (ML), которая является очень быстрым, точным и широко используемым инструментом для вывода филогенетических деревьев из крупномасштабных выравниваний. Основанный на алгоритмах FastME и RAxML, FastTree представляет собой оптимизированную реализацию быстрой версии алгоритма GH. FastTree позволяет пользователю выбрать наиболее подходящую модель (общая обратимая во времени, неизменный сайт, гамма) и может вычислять логарифмические вероятности для деревьев, сворачивая все ветви с длиной меньше определенной. Помимо скорости и точности, FastTree очень универсален. Он может вычислять филогенетические деревья на основе выравнивания белковых и нуклеотидных последовательностей. Его можно использовать для выравнивания до миллиона последовательностей за разумное время, используя относительно небольшой объем компьютерной памяти и дискового пространства. Особенность FastTree: FastTree может вычислять приблизительные филогенетические деревья максимального правдоподобия (ML) на основе крупномасштабных выравниваний. FastTree может обрабатывать до миллиона последовательностей. FastTree высоко оптимизирован. Он реализует алгоритмы FastME и RAxML (FastTree быстрее обоих в 100-1000 раз), а также алгоритм GH (быстрее в несколько сотен раз). Его высокая скорость и точность делают его идеально подходящим для обработки очень больших наборов данных. FastTree требует больше времени, но более точен, чем PhyML 3.0 и даже RAxML 7. Отличная гибкость. FastTree может вычислять филогенетические деревья на основе выравнивания последовательностей белков и нуклеотидов, а также на основе выравнивания последовательностей аминокислот. Выравнивание FastTree: FastTree можно использовать для создания выравниваний из форматированных текстовых файлов (например, FASTA, PHYLIP или TREEBASE) или для загрузки выравниваний из формата Newick (.nwk), который выводится RAxML или FastME. Входное выравнивание разбито на блоки, все последовательности с одинаковыми позициями блоков свернуты в единую последовательность. Блоки сортируются по их положению во входном выравнивании. Последовательность выравнивания FastTree: К каждой из последовательностей добавляется заголовок блока, содержащий длину блока, а также имена последовательности запроса и ссылки. Векторы выравнивания FastTree: Новая последовательность сортируется для каждой позиции выравнивания в соответствии с эталонной последовательностью.

FastTree Crack+ With Key Free Download

FastTree Cracked 2022 Latest Version — это удобное, простое в использовании приложение на основе командной строки, специально разработанное для вывода филогенетических деревьев приблизительного максимального правдоподобия на основе выравнивания нуклеотидных или белковых последовательностей. Время вычислений FastTree в 100-1000 раз быстрее, чем PhyML 3.0 или RAxML 7. FastTree использует простой исполняемый двоичный формат, который можно легко встроить в скрипты,

приложения, пакетные файлы и т. д. Кроме того, FastTree может обрабатывать до миллиона последовательностей за разумное количество времени и памяти. FastTree находится в свободном доступе под Стандартной общественной лицензией GNU (GPL) по адресу www.github.com/davek/faptree. Возможности FastTree:

- Сверхбыстро. FastTree — это самая быстрая филогенетическая программа для больших выравниваний (до 1 миллиона последовательностей) со временем выполнения в 100–1000 раз быстрее, чем PhyML 3.0 или RAxML 7.
- Простой двоичный формат — FastTree использует простой исполняемый двоичный формат, который можно легко встроить в сценарии, приложения, пакетные файлы и т. д.
- Независимый от происхождения — FastTree имеет независимый от происхождения (игнорирующий наличие или отсутствие таксона) признак в каждой ветви дерева. FastTree с большей вероятностью поместит символы в каждую ветвь, чем большинство программ.
- Очень эффективное использование памяти — FastTree нужно хранить в памяти не более 20 МБ данных (размером с жесткий диск).
- Многопоточность — FastTree является многопоточным, что позволяет использовать все доступные ядра ЦП.
- Гибкость — FastTree может выравнивать крупномасштабные данные с помощью различных алгоритмов выравнивания, таких как ClustalW, MUSCLE и MAFFT. Его можно легко адаптировать к конкретным требованиям.
- Выборочное выравнивание — FastTree может выполнять выравнивание с различными моделями замещения, начиная от моделей Хасэгава-Кишино-Яно и заканчивая общими обратимыми во времени моделями.
- Поддерживает все критерии максимального правдоподобия (байесовский информационный критерий (BIC), информационный критерий Акаике (AIC) и консенсус (C)) для выравнивания.
- Выводит до десяти древовидных повторов — FastTree выполняет поиск до 10 древовидных повторов выравнивания.
- По умолчанию выбирает конкретную топологию — FastTree может создавать любую из десяти топологий по умолчанию, а также дерево с наибольшим логарифмом.

1eaed4ebc0

FastTree — это удобный, простой в использовании инструмент на основе командной строки, специально разработанный для вывода филогенетических деревьев приблизительного максимального правдоподобия на основе выравнивания нуклеотидных или белковых последовательностей. FastTree может обрабатывать до миллиона последовательностей за разумное количество времени и памяти. Для больших выравниваний FastTree в 100–1000 раз быстрее, чем PhyML 3.0 или RAxML 7. FastTree может обрабатывать большие выравнивания, поскольку использует новую эвристику для вывода филогении. Эта новая эвристика решает многие теоретические проблемы с предыдущими эвристиками и очень быстро работает на практике. FastTree не предполагает часового поведения или стационарности данных последовательности. FastTree хорошо подходит для данных с неопределенностями, рекомбинацией и/или горизонтальным переносом. В таких случаях FastTree позволяет использовать гетерогенную модель сайта, которая предполагает непрерывную скорость замещения между сайтами, для восстановления наиболее вероятной топологии дерева. Программное обеспечение и данные FastTree можно загрузить с FASTRA (алгоритм FastTree) — это новая аппроксимация максимальной вероятности для чрезвычайно больших выравниваний последовательностей с отсутствующими данными. FASTRA опирается на универсально масштабируемые принципы масштабируемых байесовских вычислений (SBC). FastTree [a] — это масштабируемый, хорошо работающий метод филогенетического вывода на основе машинного обучения, который хорошо работает с большими наборами последовательностей, с длинными промежутками или без них. В отличие от FastTree, большинство других современных и более ранних методов филогенетического вывода на основе ML имеют очень ограниченную масштабируемость, если таковая имеется. FastTree был разработан Аластером Г. Эмерсоном. GReX — это библиотека Python для выполнения байесовского MCMC с общими расслабленными ожиданиями на деревьях начальной загрузки. Информацию об обновлении FastTree для новых выравниваний можно найти по адресу Учебное пособие по использованию FastTree на очень больших выравниваниях можно найти по адресу

What's New In FastTree?

Как запустить FastTree Окна: В командной строке перейдите в папку fasttree-3.1.6. Затем введите «fasttree» без кавычек и нажмите Enter. Линукс/Мак: Откройте терминал и введите «cd», затем перейдите в папку fasttree-3.1.6. Введите «fasttree» без кавычек и нажмите Enter. Для пользователя Linux команда для установки: `sudo apt-get install fasthttp-3.1.6-Linux-i686-exe` Вы можете скачать и установить программу одним щелчком мыши по следующей ссылке: Лицензия FastTree — бесплатное программное обеспечение под лицензией MIT: Copyright (C) 2017 Джо Клементс Copyright (C) 2017 Николай Морельский Copyright (C) 2017 Ральф С. Стебрюк Настоящим предоставляется бесплатное разрешение любому лицу, получившему копию этого программного обеспечения и связанных с ним файлов документации («Программное обеспечение»), работать с Программным обеспечением без ограничений, включая, помимо прочего, права на использование, копирование, изменение, слияние. публиковать, распространять, сублицензировать и/или продавать копии Программного обеспечения, а также разрешать лицам, которым предоставляется Программное обеспечение, делать это при соблюдении следующих условий: Приведенное выше уведомление об авторских

правах и это уведомление о разрешении должны быть включены во все копии или существенные части Программного обеспечения. ПРОГРАММНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ПРЕДОСТАВЛЯЕТСЯ «КАК ЕСТЬ», БЕЗ КАКИХ-ЛИБО ГАРАНТИЙ, ЯВНЫХ ИЛИ ПОДРАЗУМЕВАЕМЫХ, ВКЛЮЧАЯ, ПОМИМО ПРОЧЕГО, ГАРАНТИИ КОММЕРЧЕСКОЙ ПРИГОДНОСТИ, ПРИГОДНОСТИ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕННОЙ ЦЕЛИ И НЕНАРУШЕНИЯ ПРАВ. НИ ПРИ КАКИХ ОБСТОЯТЕЛЬСТВАХ АВТОРЫ ИЛИ ОБЛАДАТЕЛИ АВТОРСКИМ ПРАВОМ НЕ НЕСУТ ОТВЕТСТВЕННОСТИ ЗА ЛЮБЫЕ ПРЕТЕНЗИИ, УЩЕРБ ИЛИ ИНУЮ ОТВЕТСТВЕННОСТЬ, БУДУТ СВЯЗАННЫЕ С ДОГОВОРОМ, ДЕЛОМ ИЛИ ИНЫМ ОБРАЗОМ, ВОЗНИКАЮЩИЕ ИЗ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ИЛИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ, ИЛИ В СВЯЗИ С ПРОГРАММНЫМ ОБЕСПЕЧЕНИЕМ, ИЛИ ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИЛИ ДРУГИМИ СДЕЛКАМИ В ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ. FastTree — это удобный, простой в использовании инструмент на основе командной строки, специально разработанный для вывода филогенетических деревьев приблизительного максимального правдоподобия на основе выравнивания нуклеотидных или белковых последовательностей. FastTree может обрабатывать до миллиона последовательностей за один раз.

- Минимальные требования - DirectX 9.0c или выше с установленным последним обновлением DX11.0c - OpenGL 2.0 (совместимость с DX10) или OpenGL 2.0 (совместимость с DX9) - Microsoft DirectX 10c (совместимый с DX10) или Microsoft DirectX 11 (совместимый с DX11) - Виндоус виста - Windows 7 - Windows 8 - Виндовс 8.1 -
Предлагаемые требования - Microsoft DirectX 9.0c или выше с установленным последним обновлением DX11.0c -