

Application Support

This is the home page for bioinformatics application support. Topics cover configuration; utilization; memory and processing requirements; data input and handling.

Featured Content

- [BLAST with Multiple Processors](#)
- [FastQC Tutorial](#)
- [InterProScan 5](#)
- [MAKER](#)
- [OrthoMCL](#)
- [ppn and Threading - An easier way to do it](#)

Child Pages

- [ABYSS](#)
- [Agalma Pipeline](#)
- [Biopieces - Configuration Essentials](#)
- [Blast2GO](#)
- [BLAST Data Preparation](#)
- [BLAST with Multiple Processors](#)
- [CIRCOS](#)
- [Consed and Autofinish](#)
- [Cortex - Consensus and Variant Assembly](#)
- [Distruct: A program for the graphical display of population structure](#)
- [GATK - Run and Version Notes](#)
- [HOMER - Finding Enriched Motifs](#)
- [InterProScan 5](#)
- [jModelTest2 Basics](#)
- [MAKER](#)
- [Mothur - Important Tips for Multi-Processing](#)
- [Mothur - MPI versus Non-MPI Versions](#)
- [mpiBLAST](#)
- [OrthoMCL](#)
- [QIIME](#)
- [RealPhy](#)
- [SHRIMP2 - Memory Requirements](#)
- [SnpEff](#)
- [SPAdes](#)
- [Structure](#)
- [Tablet Assembly Viewer](#)
- [Velvet and Oases](#)

Search Content