

## AlphaFold2 (2021/8/19)

インストールの具体的な手順等については <https://ccportal.ims.ac.jp/node/2945> をご覧ください。

## ウェブページ(コード)

<https://github.com/deepmind/alphafold>

## リファレンス

- 論文(Nature): <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>
- RCCS での初期導入時メモ: <https://ccportal.ims.ac.jp/node/2945>

## 2021/8/23 更新内容

- /local/apl/lx/alphafold2 以下に導入しています。
  - 2021/8/19 時点の alphafold です。(/local/apl/lx/alphafold2/alphafold-20210819)
  - サンプルは /local/apl/lx/alphafold2/samples 以下にあります。
- run\_alphafold\_rccs.sh の改修
  - 2021/8/20 時点のデータベースを利用するようにしています
  - p reduced\_dbs への対応
  - uniclust30 のかわりに UniRef30\* を使えるように(自動的に指定しますが、UniRef30\* が複数ある場合はおそらく正常に動作しません)
  - a で alphafold コードの場所を指定できるように
    - パラメータを変更した独自バージョンを容易に呼び出すことができます (alphafold/common/residue\_constants.py の修正はおそらく必要です)

## サンプルスクリプト

```
#!/bin/sh
#PBS -l select=1:ncpus=12:mpiprocs=1:ompthreads=12:jobtype=core
#PBS -l walltime=72:00:00

# at least 8 cpu cores will be requested internally.
# in this sample, we employ 12 cores to get enough amount of memory.
# not sure how much is necessary/required, though.

# note about available memory:
# Available memory amount is proportional to ncpus value.
# If you need more memory, please increase ncpus in the header.

if [ ! -z "${PBS_O_WORKDIR}" ]; then
  cd "${PBS_O_WORKDIR}"
fi

AF2ROOT=/local/apl/lx/alphafold2
RUNAF2=${AF2ROOT}/run_alphafold_rccs.sh

# load miniconda environment (where necessary binaries reside)
. ${AF2ROOT}/conda_init.sh

# Required:
# -o [output directory]
# -f [sequence file (FASTA)]

# Optional arguments:
# -a [alphafold code root]
# (default: /local/apl/lx/alphafold2/alphafold-20210819)
# /local/apl/lx/alphafold2/alphafold-20210720 can be used instead.
# -d [database root]
# (default: /local/apl/lx/alphafold2/databases-20210819)
# -t [max template date] (default: 2021-08-20)
# in the original example 2020-05-14 was used (CASP14 target case?)
# -m [model names]
```

```
# (default: model_1,model_2,model_3,model_4,model_5)
# -p [preset] (default: full_dbs)
# speed/quality control. available values are casp14, full_dbs, reduced_dbs
# -Q
# change model names to _ptm version; additional scores will be available
# in output file. pLDDT score will be in B-factor column of output pdbs.
sh ${RUNAF2} \
-o ./dummy_test/ \
-f query.fasta \
-Q
```