

# Genomica Evolutiva 2021-2

## Practica 2:

### Evaluacion de metricas N50 y L50 en ensambles de genomas

En esta práctica se van a calcular diferentes métricas para evaluar la calidad del ensamble de genoma que sea de su interés.

1- Descargar desde el sitio de github del laboratorio la carpeta: **Practica2\_GenomicaEvolutiva.tar.gz**

```
git clone https://github.com/Labevo/Clase_GenomicaEvolutiva.git
```

2-Dar permisos de ejecución al archivo *script\_metricas\_genoma.sh*

```
chmod +x script_metricas_genoma.sh
```

3- Descargar de bases de datos el genoma de la especie que sea de su interes (NCBI, ENSEMBL, GigaDatabase, etc) y descomprimir el archivo.

4- Calcular las métricas **N50** y **L50** para el ensamble de genoma que descargaron, utilizar el *script\_metricas\_genoma.sh*

```
./script_metricas_genoma.sh archivo_ensamble_genoma.fna
```

5- Describir las metricas de tamaño de genoma, numero de scaffolds, cobertura, **N50**, **L50** y tecnologías con las que se secuenció el genoma

6- Cuál es su opinion de la calidad del ensamble que analizaron?

7- Cómo mejorarían las métricas del ensamble?

**Nota:** Recuerden reportar todos los comandos que utilizaron