# ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE ENSAMBLE DE GENOMA

# En caso de Ensamble (WGS) - Metaphlan:

Para generar los resultados se utilizo el ensamblador Metaspades (v3.5) obteniendo un ensamble con las siguientes características:

Total de bases en el ensamble 

No. de scaffolds 

N50/L50 de los scaffolds 

Tamaño del mayor scaffold 

Posteriormente utilizamos el programa Metaphlan (v2.7.7) para realizar la anotación y clasificación taxonómica de las secuencias presentes en dicho ensamble.

# En caso de amplicones 16S/ITS - ParallelMeta:

Primeramente reconstruimos/aumentamos la longitud de los fragmentos de 16S o ITS secuenciados, para eso utilizamos el software Flash (v.1.2.11).

Posteriormente utilizamos el programa Parallel-META (v2.4.1) para realizar la anotación y clasificación taxonómica de las secuencias presentes en los archivos fastas anteriores.

Finalmente se utilizan varios scripts de Perl y R desarrollados en nuestra unidad para reportar las tablas por nivel taxonómico, los índices de diversidad y las figuras.

# RESULTADOS

Los resultados se encuentran disponibles en nuestra plataforma de administración de proyectos [SISBI](http://www.uusmb.unam.mx:11324/SISBI/uusmb/index.xhtml), favor de consultar/descargar estos accediendo con su usuario y contraseña para el proyecto.

Descripción breve de archivos que encontrará:

metaspades\_assembly\_scaffolds.fasta == ensamble metagenómico en formato fasta.

R1\_fil.fastq == secuencias forward de la secuenciación en formato fastq (luego de proceso de limpieza con software fastp (v0.19.5))

R2\_fil.fastq == secuencias reverse de la secuenciación en formato fastq (luego de proceso de limpieza con software fastp (v0.19.5))

Analysis\_Report.txt == resumen de resultados de asignación taxonómica mostrando el número total encontrado por nivel.

classification.txt == tabla detallada por "contig/secuencia" de la clasificación taxonómica

taxonomy.html == interfaz gráfica del software Parallel-META, donde podrá navegar de forma dinámica a través de diversos resultados en formas de texto y figuras que le permitirán explorar los resultados de la asignación taxonómica por muestra, así como la comparación entre estas.

count\_matrix.txt == totales por especies identificadas.

alpha\_diversity\_index.txt == Índices de diversidad por muestra (SHANNON y CHAO1).

integrated\_matrix.txt == Concatenado de los conteos de asignación taxonómica de todas las muestras.

Concatenado de los conteos de asignación taxonómica (por nivel) de todas las muestras:

domain\_matrix.txt

phylum\_matrix.txt

class\_matrix.txt

order\_matrix.txt

family\_matrix.txt

genus\_matrix.txt

species\_matrix.txt

subspecies\_matrix.txt