# ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE ENSAMBLE DE GENOMA

Para el ensamble se utilizó un flujo de trabajo desarrollado en la unidad “gena” v1.0 (link github) obteniendo un ensamble del organismo FIELDMANUALd (FIELDMANUALe ?) con las siguientes características:

Total de bases en el ensamble 

No. de scaffolds 

N50/L50 de los scaffolds 

Tamaño del mayor scaffold 

GC% 

# de CDs 

# 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:

.fna == Archivo en formato fasta del genoma ensamblado

.ffn == Archivo en formato fasta de todos los transcritos predichos utilizando el software PROKKA(v1.13.3)/Augustus

.faa == Archivo en formato fasta de las secuencias peptídicas traducidas a partir de las secuencias codificantes (CDs) del .ffn

.gff == Archivo en formato GFF3 de anotación

.gbk == Archivo en formato Genbank de anotación

.txt == Estadística relacionada al genoma y la anotación.

.tbl == Archivo en formato tabular de la anotación funcional automática de ".faa" utilizando pipeline para anotación de la USMB\_annot (v1)

md5sum.txt == Archivo con las firmas md5 de todos los archivos depositados