

Proyecto SARS-CoV-2: Herramientas¹

Alejandro Navas González

2023-07-13

¹Andera Projekt

Recursos & Herramientas para el Análisis Genómico del SARS-CoV-2

NCBI Virus

La plataforma **NCBI Virus** es un importante repositorio que proporciona datos de secuencia del virus SARS-CoV-2 y de otras cepas de coronavirus. Los usuarios pueden acceder a secuencias completas o parciales de nucleótidos y proteínas. Además, es posible aplicar filtros según el hospedador, la fuente, la región geográfica, la completud de la secuencia, entre otros.

A continuación se tiene el enlace para [descargar los datos genómicos del SARS-CoV-2](#)

Herramientas destacadas para Visualización & Análisis

A continuación, se presentan algunas herramientas esenciales para visualizar y analizar datos genómicos del SARS-CoV-2:

1. FigTree: Árbol filogenético

FigTree es una herramienta diseñada para visualizar y generar figuras listas para su publicación a partir de árboles filogenéticos.

2. UGENE: Alineamiento de múltiples secuencias

UGENE (**Unipro UGENE**) es un software de código abierto y multiplataforma que permite gestionar, analizar y visualizar datos genómicos. Incluye herramientas ampliamente utilizadas en bioinformática y proporciona módulos de visualización para secuencias genómicas anotadas,

ensamblajes de secuenciación de próxima generación (Next Generation Sequencing, NGS), alineamientos de múltiples secuencias, árboles filogenéticos y estructuras 3D.

3. ChimeraX: Visualización de estructuras

ChimeraX (**UCSF ChimeraX**) es un programa de visualización molecular de próxima generación desarrollado por el **Resource for Biocomputing, Visualization, and Informatics (RBVI)**. Es utilizado para visualizar estructuras moleculares y realizar análisis estructurales.