



UNIVERSIDAD DE
COSTA RICA

Análisis genómicos con Anvio

Bradd Mendoza Guido

Genómica de procariontes B0634-SP8221

Anvío

Integrated multi-omics at scale

An open-source, community-driven **an**alysis and **vi**sualization platform for microbial
'omics.





Qué podemos hacer en Anvío?

- Anotación de genomas
- Identificación de Single Copy Core Genes
- Análisis filogenómicos usando set de genes personalizados
- Asignación taxonómica
- Análisis de Genómica comparativa:
 - ANI (Porcentage de nucleótidos compartidos entre genomas)
 - Análisis de enriquecimiento funcional
 - Comparación metabólica



Qué podemos hacer en Anvio?

- Visualización de genomas y producción de figuras complejas
- Análisis metagenómicos:
 - Ensamblaje de MAGs
 - Refinamiento de los MAGs
 - Genética de poblaciones de microorganismos



Creación de base de datos

- Anvio necesita archivos fasta de los genomas a utilizar.
- Cree un conjunto de genomas, ya sea que usted los haya ensamblado o que los haya descargado de la base de datos (NCBI).
- Serán utilizados para generar archivos con extensión .db que son databases en formato Anvio (incluye el uso de Prodigal).



Anotación con anvio

- Anvio también puede anotar genomas. Una vez creados los .db se pueden utilizar dos bases de datos en anvio para anotar:
- COG

COGs

Phylogenetic classification of proteins encoded in complete genomes

- Pfam

Pfam 37.0 (21,979 entries, 709 clans)

The Pfam database is a large collection of protein families, each represented by *multiple sequence alignments* and *hidden Markov models (HMMs)*.

Taxonomía

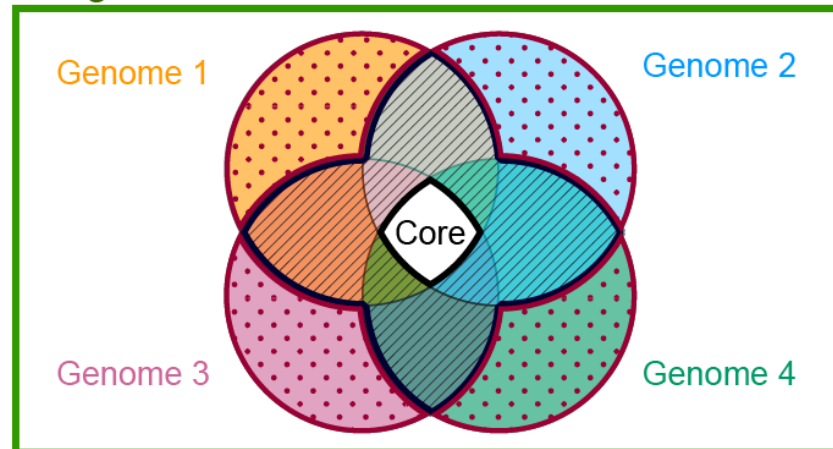
- Para esto, Anvio utiliza 22 SCCGs y los compara con las secuencias de la base de datos del GTDB (que vimos anteriormente en la clase de bases de datos).



Pangenómica

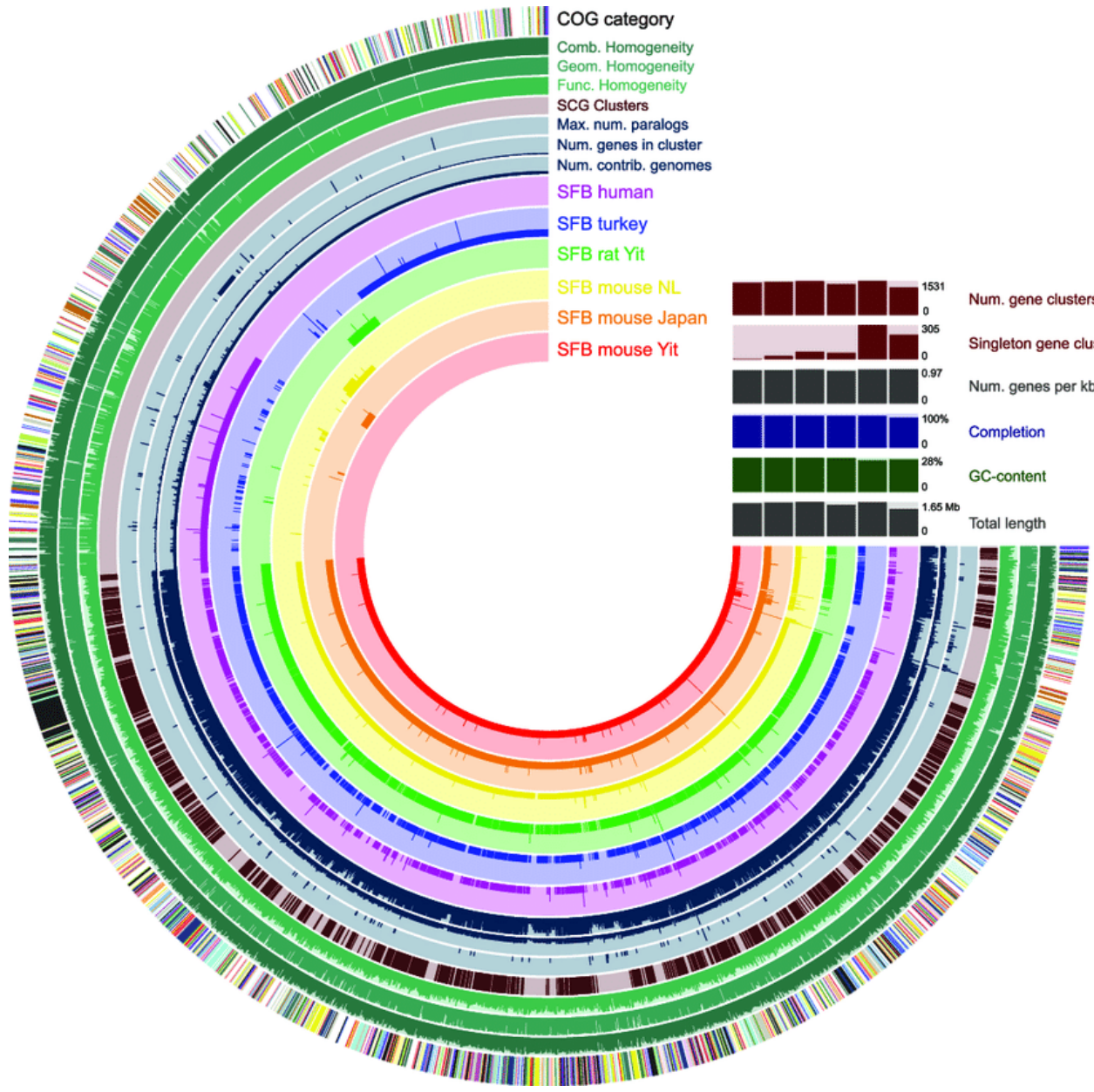
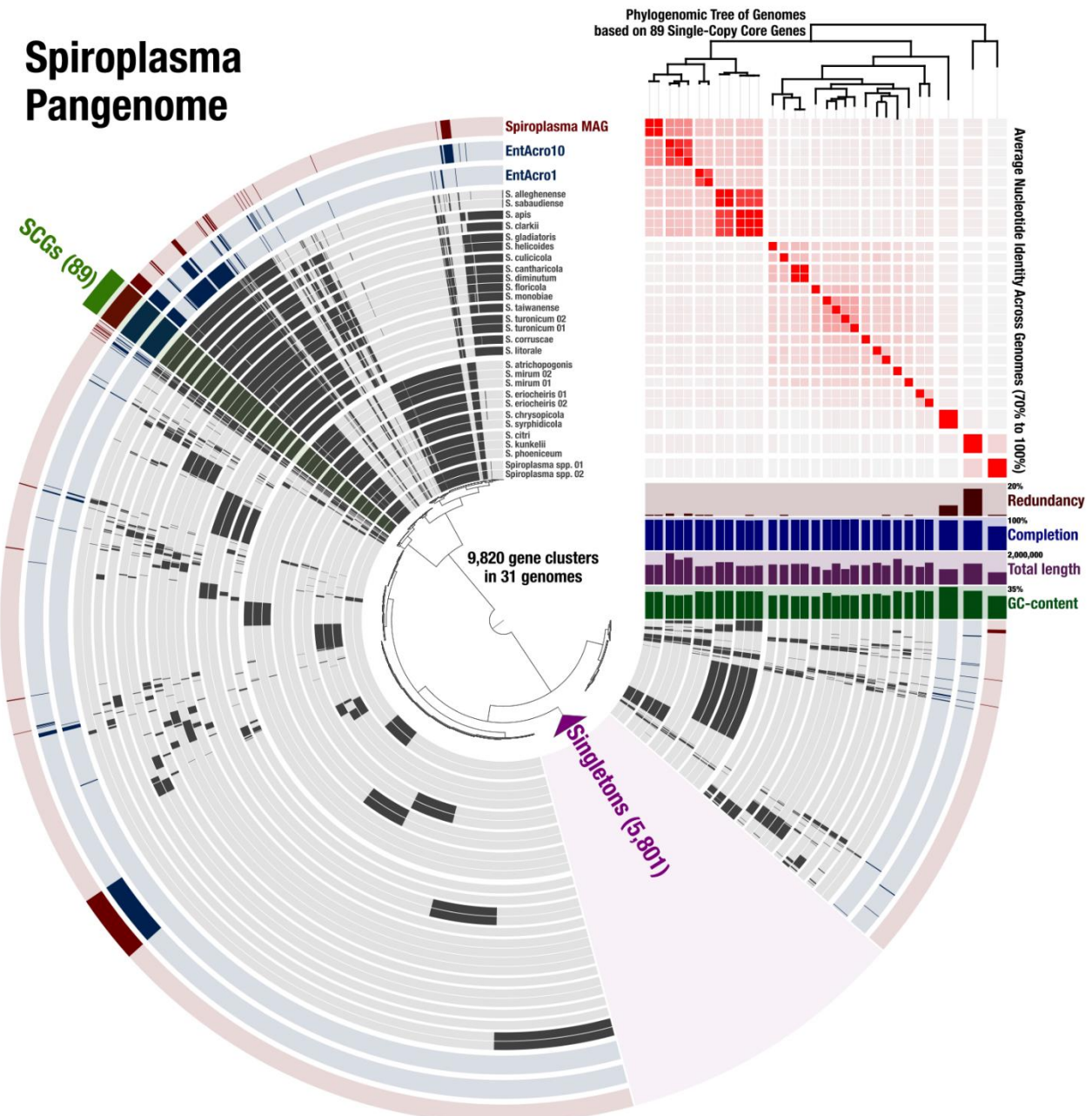
- Una vez tenemos todos los genomas anotados y en la base de datos podemos generar un análisis Pangenómico
- Anvivo compara todos los genes en nuestros genomas, cuáles son están presentes en s no.

Pangenome





Spiroplasma Pangenome



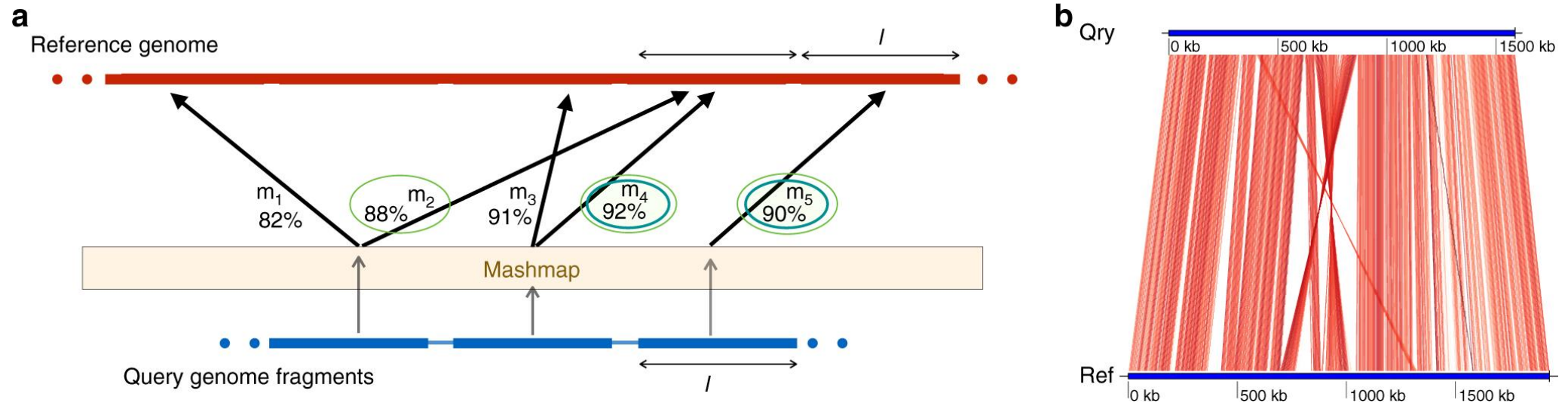
ANI para definir especies

Article | [Open access](#) | Published: 30 November 2018

High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries

[Chirag Jain](#), [Luis M. Rodriguez-R](#), [Adam M. Phillippy](#), [Konstantinos T. Konstantinidis](#)  & [Srinivas Aluru](#) 

[Nature Communications](#) **9**, Article number: 5114 (2018) | [Cite this article](#)





Preguntas?