Checklist para el proyecto

* Corregir el párrafo de fermentación
* Hacer diagrama de flujo de la metodología del artículo base
* Rearmar objetivos (general y específicos)
* Pasar info del párrafo de eriquecimiento a introducción
* Organizar la parte de resultados / metodología
* configurar el blast online contra una base de datos de proteinas como la No-redundante del NCBI (usando los genes traducidos)
* hacer la anotación taxonómica

Ya casi https://dfast.ddbj.nig.ac.jp/analysis/annotation/49d4746d-0885-46cc-98d4-e8f5881d5f73/dqc C1E

https://dfast.ddbj.nig.ac.jp/analysis/annotation/54d6f313-2fa5-492b-9c19-3204d2a00e28/dqc 12D

* Hacer un diagrama de la metodología
* Sacar GC de cada contig
* Separar ensamblaje 12D en 5 contigs
* Anotar los contigs en RAST de 12D
* Hacer la comparación de profundidad con GC en los contigs