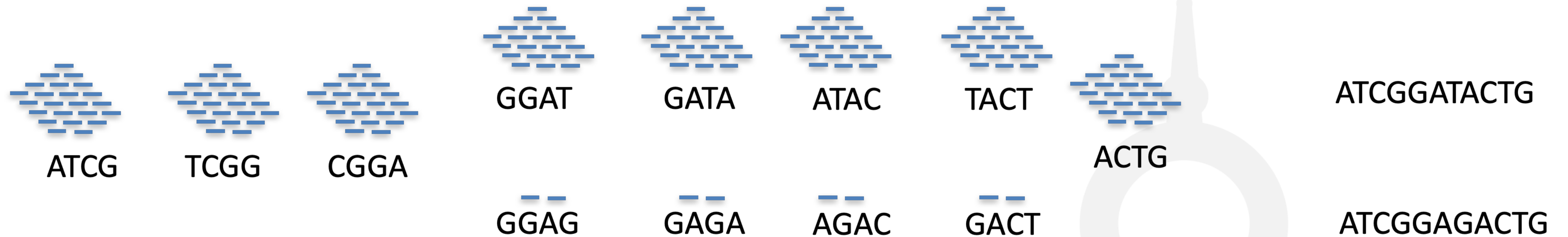


E um metagenoma?

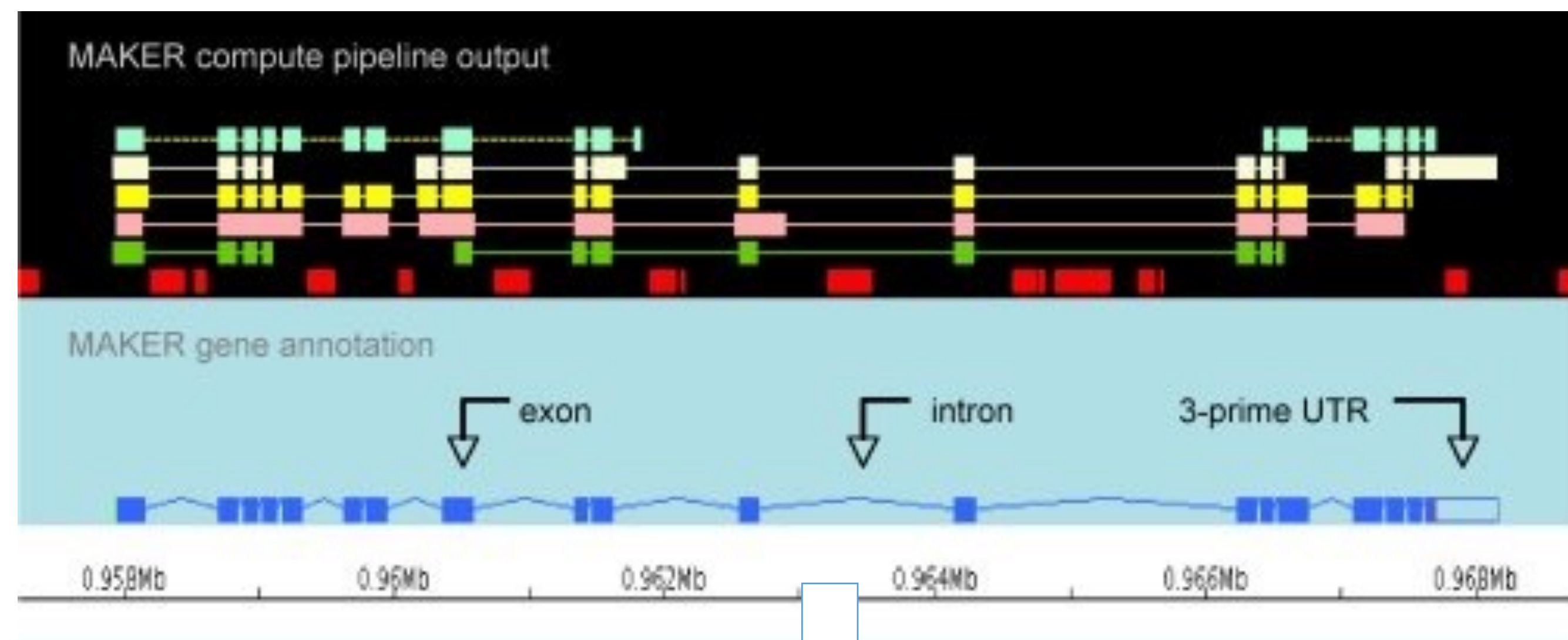
- Montagem
 - Precisa considerar todas as variantes



- Identificação de genes
 - Identifica regiões codificantes independentes da informação do codon usage.
 - MetaGeneMark: Modelo HMM.
 - Prodigal: método de aprendizado incremental.
- Limitação: Superestimação de contigs e genes.

- Identificar componentes nos genomas montados:

- Genes
- Promotores
- Introns
- Exons



- Classificação funcional

