

# Ein systematischer Vergleich von Verfahren zur funktionellen und taxonomischen Klassifikation von metagenomischen Sequenzfragmenten

Marie-Sophie Briem, Inga Lemme, Sarah Weber

Zentrum für Bioinformatik, Universität Hamburg

29.01.2016

Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser

# Gliederung

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit

Parser

Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser

- ▶ Lambda und Diamond: Programme zur funktionelle und taxonimischen Klassifizierung von metagenomischen Sequenzfragmenten
- ▶ Was ist Metagenome?
- ▶ Problemstellung: Systematischer Vergleiche von Lambda und Diamond

Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser

1. Datensätze mit Lambda und Diamond gegen eine Datenbank alignieren
  - ▶ Ausgabe enthält Readnr, Gi/Refseq-Nr
2. Lambda- und Diamondoutput mithilfe von Megan mappen
  - ▶ Ausgabe enthält Readnr, Taxid
3. Goldstandart aller Datensätze erstellen
  - ▶ Enthält Readnr, Taxid, Gi/Refseq-Nr
4. Taxids von Meganoutput und Goldstadart vergleichen (Taxtree)
  - ▶ Ausgabe: Distanzen zweier Taxid im Taxtree

- ▶ Datensätze und Datenbanken downloaden
  - ▶ Folgende Datensätze: Carma, Facs, Metaphyler, Phylopythia, PhymmBL und Raiphy
  - ▶ Problem: einige Datensätze nicht vollständig verfügbar
  - ▶ Lambda Datenbank indexen
- ▶ Programme Lambda und Diamond downloaden

- ▶ Parser beschreiben
- ▶ Probleme

Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

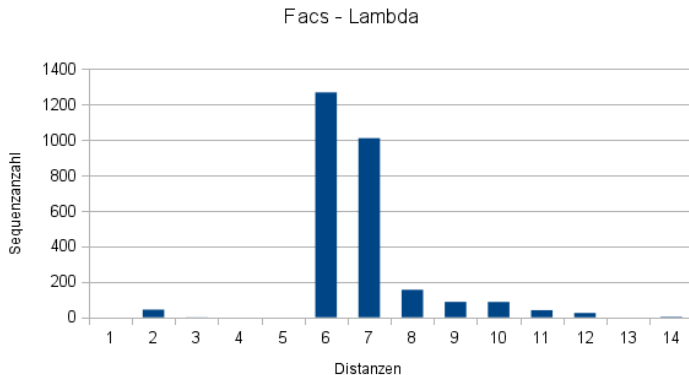
Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit

Parser



Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser



Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser



Ein systematischer  
Vergleich von  
Verfahren zur  
funktionellen und  
taxonomischen  
Klassifikation von  
metagenomischen  
Sequenzfrag-  
menten

Marie-Sophie  
Briem, Inga  
Lemme, Sarah  
Weber

Motivation

Projekt-Plan

Methoden

Vorarbeit  
Parser

