





Metagenomica

Ascanio Rojas A.

CeCalCULA - ULA

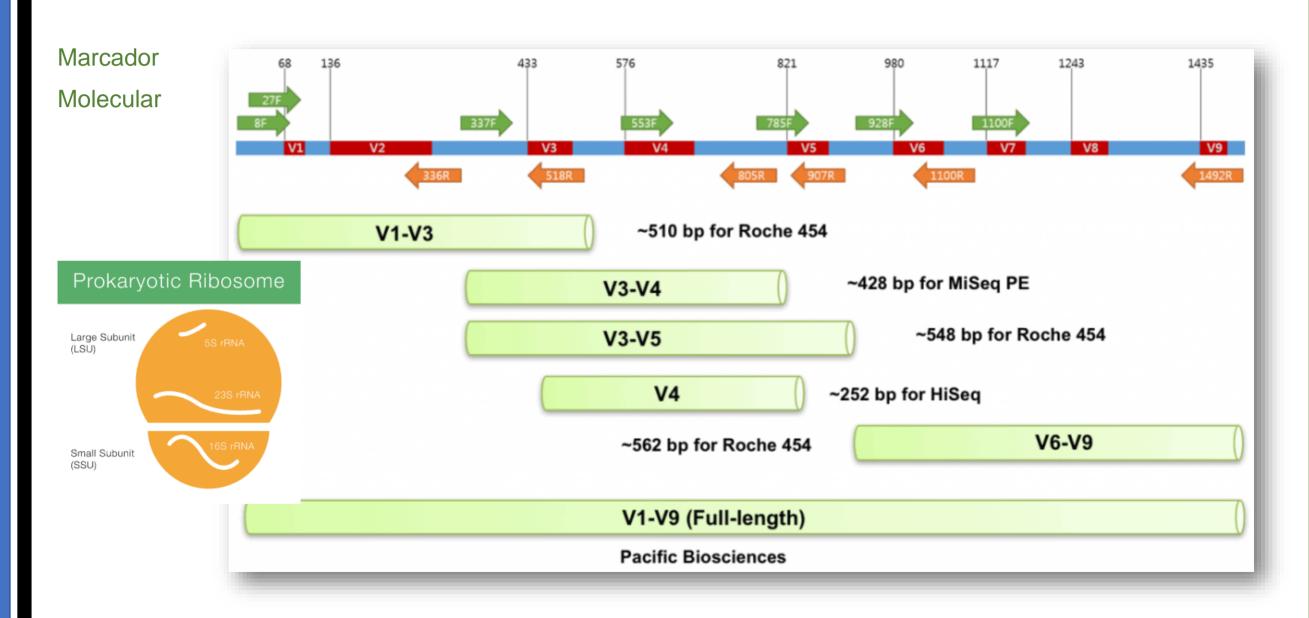
ascanio@ula.ve







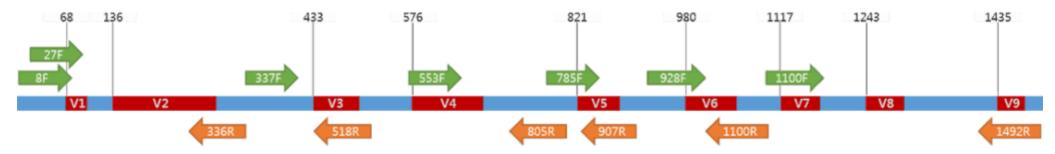












Nombre de Primer F=forward,R=reverse	Secuencia
8F	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG
27F	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG
336R	ACTGCTGCSYCCCGTAGGAGTCT
337F	GACTCCTACGGGAGGCWGCAG
337F	GACTCCTACGGGAGGCWGCAG
341F	CCTACGGGNGGCWGCAG
515FB	GTGYCAGCMGCCGCGGTAA
518R	GTATTACCGCGGCTGCTGG
533F	GTGCCAGCMGCCGCGGTAA
785F	GGATTAGATACCCTGGTA
805R	GACTACHVGGGTATCTAATCC
806RB	GGACTACNVGGGTWTCTAAT
907R	CCGTCAATTCCTTTRAGTTT
928F	TAAAACTYAAAKGAATTGACGGG
1100F	YAACGAGCGCAACCC
1100R	GGGTTGCGCTCGTTG
1492R	CGGTTACCTTGTTACGACTT







MEGAN

MEGAN6 es una completa caja de herramientas para el análisis interactivo de datos del microbioma. Todas las herramientas interactivas que necesita en una sola aplicación.

- Análisis taxonómico utilizando la taxonomía del NCBI o una taxonomía personalizada como SILVA
- Análisis funcional utilizando InterPro2GO, SEED, eggNOG o KEGG
- Gráficos de barras, nubes de palabras y muchos otros gráficos
- PCoA, clustering y redes
- Soporte de metadatos
- MEGAN analiza muchos tipos diferentes de input

MeganServer: facilitando el acceso interactivo a datos metagenómicos en un servidor.







Los proyectos metagenómicos suelen implicar un gran número de grandes conjuntos de datos de secuenciación (que suman cientos de gigabytes de datos).

Un enfoque consiste en utilizar MEGAN, un programa interactivo que permite analizar y comparar conjuntos de datos metagenómicos. Un programa independiente que sirve archivos MEGAN a la web, utilizando una API RESTful

https://github.com/husonlab/megan-ce/tree/master/src/megan/ms







SILVA

SILVA proporciona conjuntos de datos completos, de calidad comprobada y actualizados periódicamente, de secuencias alineadas de ARN ribosómico (ARNr) de subunidades pequeña (16S/18S, SSU) y grande (23S/28S, LSU) para los tres dominios de la vida (Bacteria, Archaea y Eukarya).

https://www.arb-silva.de/

ACT

Alignment, Classification and Tree Service

https://www.arb-silva.de/aligner/

