



## Metagenomica

# 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/>



**silva**  
high quality ribosomal RNA databases

**elixir**  
Core Data Resource

**de NBI**  
GERMAN NETWORK FOR BIOINFORMATICS INFRASTRUCTURE

Home SILVAngs Browser Search **ACT** Download Documentation Projects Jobs Contact

### ACT: Alignment, Classification and Tree Service

SINA 1.2.12

Input data

Paste your FASTA sequence here

This field is required

or

upload an FASTA file

Select file

Cart: 0

Show

Clear

Download