

## Súradnice vzorkov

[Súradnice 1](#)

[Súradnice 2](#)

## Výpočetné nástroje:

Base Calling - [gpu guppy](#), (doc [guppy](#)), [bonito](#)

Quality control - [MinIONQC](#)

\*\*Assembly - Flye, MetaVelvet, Meta-IB-Da, Genovo

\*\*Alignment -> DIAMOND, BLAST, Clustal

\*\*Alignment for taxonomy -> bowtie2

Taxonomy - [cuCLARK](#), [Kraken2](#)

\*\*Genes annotation - MetaGeneMark, GlimmerMG, MetaGene, Orphelia, MetaGun

\*\*Alpha diversity analysis - ...

Visualisation - Python, R

\*\*Polishing()

pipeline - [SnakeMake](#)

## Výpočetné zdroje:

Lokalny stroj (GTX 1080ti)

Výpočtový server [Adonis](#)

## Rozsirenie (3 clenaa skupina):

Využitie GPU k akcelerácii výpočtov:

base calling: [gpu guppy](#)

taxonomy: [cuCLARK](#)

Metagenome-assembled genome:

assembler: [Flye](#)

## Vedecká publikácia s podobným výzkumom :

[Nanopore sequencing and its application to the study of microbial communities](#)

(example) [Long-read metagenomics retrieves complete single-contig bacterial genomes from canine feces](#)