

M U N I
F I

Metagenomická analýza pôdy

Adam Michalík a Filip Jozefov

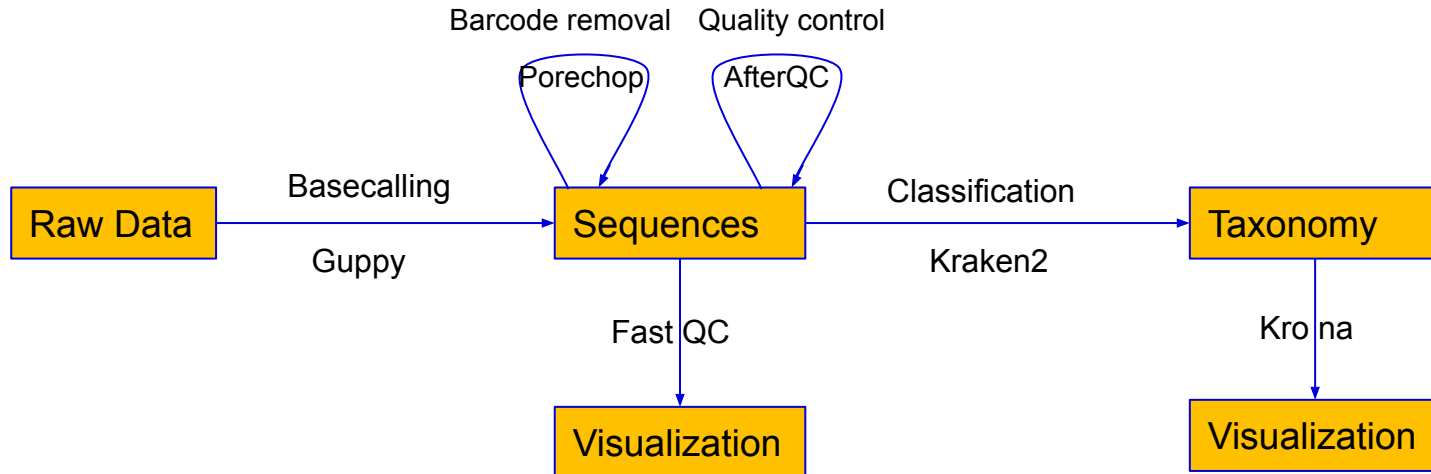
Odber Vzorku

- Brno, Komín
- $49^{\circ}14'43.344''\text{N}$
- $16^{\circ}32'28.177''\text{E}$
- Nezorané pole
- Pri letisku Medlánky
- Pestovaná plodina: Slničnica ročná
- Dve vzorky v blízkosti 20 metrov



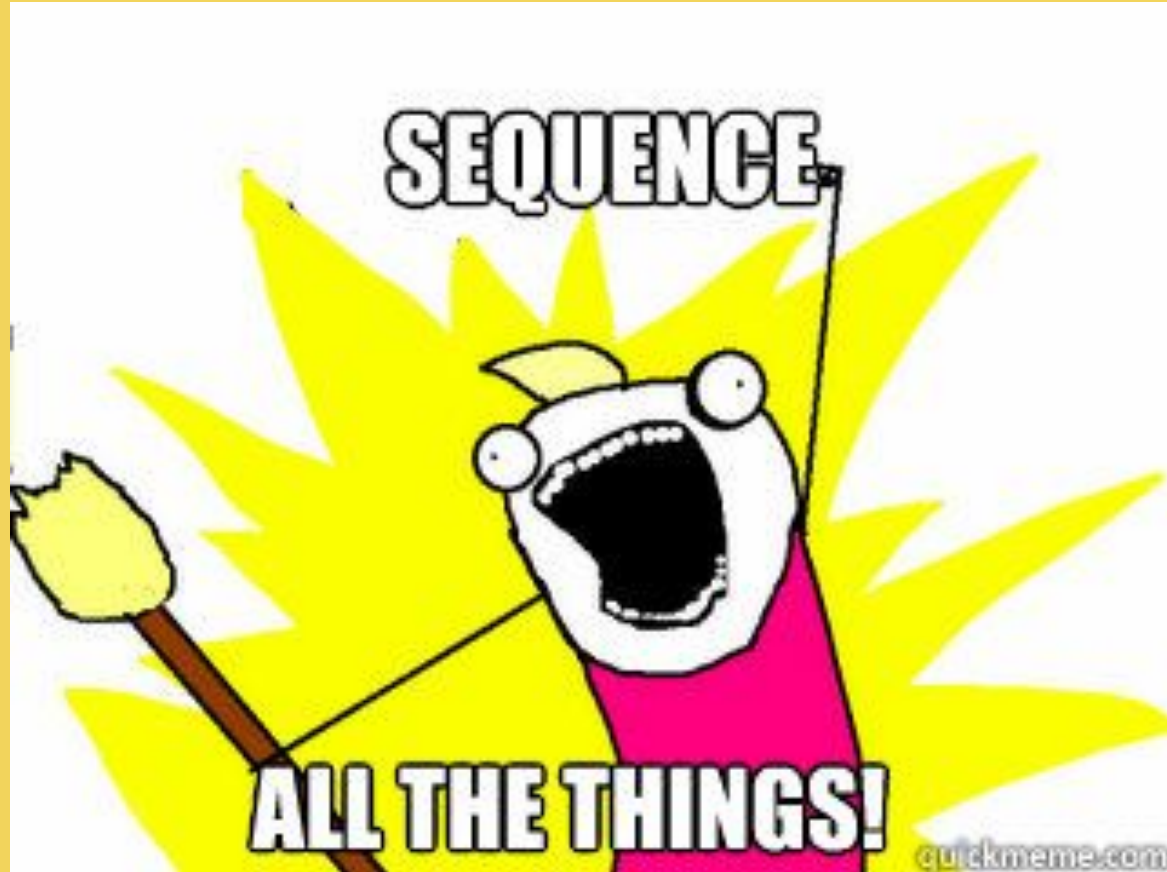
Výpočetné nástroje a zdroje

- Zdroje: Metacentrum
- Pipeline: SnakeMake
- Workflow:



Články

- **Nanopore DNA Sequencing for Metagenomic Soil Analysis**
 - <https://www.jove.com/t/55979/nanopore-dna-sequencing-for-metagenomic-soil-analysis>
 - Identifikácia druhov v pôde z nanopore dát (článok navyše popisuje aj biochemickú prípravu)
 - FastQ dáta sekvenci vybrali priamo z Fast5 súborov pomocou HDF viewer
 - Klasifikácia skrz BLASTN vyhľadávanie podobností voči NCBI non-redundantnej databáze
- **Metagenomic tools in microbial ecology research**
 - <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0958166921000240>
 - Dobrý prehľadový článok
 - Prehľadný zoznam použiteľných nástrojov
- **Signal based processing of metagenomic data from nanopore sequencing**
 - https://dspace.vutbr.cz/bitstream/handle/11012/187119/324_eeict2017.pdf
 - obsahuje jednoduchý simulovaný metagenom vhodný na vytváranie pipeline



Ďakujeme za pozornost'

MUNI
FI