

RELATÓRIO 10/12/2018

Em relação as comparações feitas pelo QUASt:

O quast considera para as comparações apenas os contigs maiores de 500bp. Por conta disto, o número total de contigs é diferente dos que são mostrados nas comparações.

Em relação as comparações com o gene 16s:

Os genes 16s utilizados foram os primeiros encontrados no site rdp. Após isto, utilizei a linha de comando para comparar o gene 16s selecionado com o arquivo fasta gerado pelo spades (isto gerará um arquivo .asn.1, que servirá de entrada para a próxima linha de comando):

```
$ blastn -query 16s.fasta -subject contigs.fasta -out  
resultado -outfmt 11
```

Posteriormente, formatei o resultado utilizando a seguinte linha de comando (esta possibilitou visualizar apenas o melhor hit encontrado):

```
$ blast_formatter -archive resultado -outfmt 7 -  
max_target_seqs 1 -out formatado
```

Com a indicação do contig resultante da comparação feita pelo blast, filtrei manualmente usando CTRL+F no arquivo contigs.fasta (Contudo, este é um código simples de implementar em C).

Tentei utilizar a ferramenta online RNAmmer mas esta estipula um número máximo de bp no arquivo fasta.