

MAG解析手順

1. 対象となるメタゲノムアセンブリに対してMetaBAT2 [v2.15]、Maxbin2 [v2.2.7]によりビニングを行い、Metagenome Assembled Genome (MAG)を構築しました。
2. MAGScoT [v1.0.0]により、(1)で構築したMAGを統合しました。オプションは -b 1 -c 1 -m 1 です。
3. QUAST [v5.2.0]を用いて、(2)で取得したMAGのコンティグ数、全長、GC含量などを評価しました。オプションはデフォルトとなります。
4. CheckM [v1.1.3]を用いて、(2)で取得したMAGの完全性および汚染度を評価しました。指定しているオプションは、lineage_wfにおいて -r -nt となります。
5. GTDBTk [version 2.3.2]を用いて、(2)で取得したMAGの生物系統情報を推定しました。オプションはデフォルトとなります。生物系統推定に使用したデータベースのバージョンは、release214となります。