

Aula de [Mineração](#) de texto

Aula de [SeedServer](#) para fabricar grupos de homólogos

Aula sobre [COG e Kegg Orthology](#)

Outros [Arquivos](#)

TUTORIAL iPath

Faça o download das sua sequências
biodados.icb.ufmg.br/cbab2011/reads_raw.

Faça o download dos identificadores a serem usados em
biodados.icb.ufmg.br/cbab2011/reads_ids.

Faça um fastacmd para selecionar somente as sequências que serão usadas:

```
$fastacmd -i <arquivo_com_ids> -d <sequencias_em_formato_database> >  
<arquivo_de_saida>
```

Retire as sequências de vetor das suas amostras usando o seqclean:

```
$seqclean <sequencias> -v <sequencias_do_vetor> -o <arquivo_de_saida>
```

TGICL

```
$tgicl <sequencias>
```

```
$cd ams_1
```

```
$cat contigs singletons > <sequencias>
```

Metagene

```
$gmhmp -a -d -f G -m <modelo_de_predicao> -o <arquivo_de_saida>  
<sequencias>
```

```
$aa_from_gff.pl < <arquivo_da_predicao> > <fasta_das_proteinas>
```

BLAST