# ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE BÚSQUEDA DE VARIANTES

El análisis bioinformático inicio con el alineamiento pareado de las FIELDBDi muestras vs FIELDMANUALd.

Descargado de FIELDMANUALe. Luego llevamos a cabo el alineamiento, con el programa BWA (BWA-mem) v.0.7.17 con sus valores predeterminados. Luego se realizó el cálculo de coberturas usando el programa Bedtools FIELDMANUALf. En el afán de descartar zonas de cero cobertura FIELDMANUALg.

Se usaron los programas de búsqueda de variantes Freebayes FIELDMANUALh y bcftools FIELDMANUALi, con el valor de diplocidad igual a FIELDMANUALj.

Se normalizaron los vcf obtenidos con bcftools FIELDMANUALk, y se generaron los siguientes archivos:

• FIELDMANUALl

• FIELDMANUALm

• FIELDMANUALn

• FIELDMANUALo

• FIELDMANUALp

• FIELDMANUALq

La intersección de los 6 archivos anteriores, con bcftools FIELDMANUALr, se reporta en el archivo FIELDMANUALs.

En caso de que el genoma tenga anotaciones:

FIELDMANUALt

• FIELDMANUALu

• FIELDMANUALv

• FIELDMANUALw

• FIELDMANUALx

# RESULTADOS

FIELDMANUALy

FIELDMANUALz