

Alignent con Bowtie

Indexing a reference genome/sequence using bowtie2-build

Paso 1: Crear el Índice de la Base de Datos con Bowtie, probaremos con la base de datos de betalactamicos

- crear una nueva carpeta que contenga el indice

```
mkdir bowtie2_indices
```

- crear el indice

```
bowtie2-build beta-lactam.fsa ~/ruta_a_bowtie2_indices/beta-lactam_db
```

- Mapear

```
bowtie2 -x ~/ruta_a_bowtie2_indices/beta-lactam_db \  
-1 MiP7R1_1_R1.fastq.gz \  
-2 MiP7R1_1_R2.fastq.gz \  
-S MiP7R1_aligned.sam
```

- Explorar el resultado
- Realiza los mismos pasos con los test_1.fastq y test_2.fastq

Alignent con Bowtie

Indexing a reference genome/sequence using bowtie2-build

Paso 1: Crear el Índice de la Base de Datos con Bowtie, probaremos con la base de datos de betalactamicos

- crear una nueva carpeta que contenga el indice

```
mkdir bowtie2_indices
```

- crear el indice

```
bowtie2-build beta-lactam.fsa ~/ruta_a_bowtie2_indices/beta-lactam_db
```

- Mapear

```
bowtie2 -x ~/ruta_a_bowtie2_indices/beta-lactam_db \  
-1 MiP7R1_1_R1.fastq.gz \  
-2 MiP7R1_1_R2.fastq.gz \  
-S MiP7R1_aligned.sam
```

- Explorar el resultado
- Realiza los mismos pasos con los test_1.fastq y test_2.fastq