

Environment*	Programa	Comando descarga	Versión	Utilidad	Anotaciones (extras a instalar, referencias...)
04MBIF_humano	conda create -n 04MBIF_humano python=3.8 conda activate 04MBIF_humano				
	IGV	conda install -c bioconda igv	v2.4.9-0	visualización de genomas	
	FastQC	conda install -c bioconda fastqc	v0.12.1	Análisis primario de calidad	
	MultiQC	conda install -c bioconda multiqc	v1.19	Integrar archivos de calidad, mapeo, etc de diferentes análisis	
	FastP	conda install -c bioconda fastp	v0.23.4	Limpieza de adaptadores y trimming	
	BWA	conda install -c bioconda bwa	v0.7.17	mapeo de lecturas sobre genoma de referencia	
	Samtools	conda install -c bioconda samtools	v1.19	manejo de archivos SAM/BAM	
	Qualimap	conda install -c bioconda qualimap	v2.3	Análisis de calidad de archivos de mapeo	
	PicardTools	conda install -c bioconda picard	v3.1.1	Manipulación de secuencias a partir de archivos BAM/SAM/CRAM y VCF	https://broadinstitute.github.io/picard/ ,
	Freebayes	conda install -c bioconda freebayes	v1.3.7	Software para la localización de variantes/polimorfismos	
	RTG-Tools	conda install -c bioconda rtg-tools	v3.12.1	Programa para el manejo y comparación de archivos VCF	https://hpc.nih.gov/apps/rtg-tools.html
	VCFTools	conda install -c bioconda vcftools	v0.1.16	Herramientas para el manejo de archivos VCF	https://vcftools.sourceforge.net/
conda env export --file=04MBIF_humano.yml					