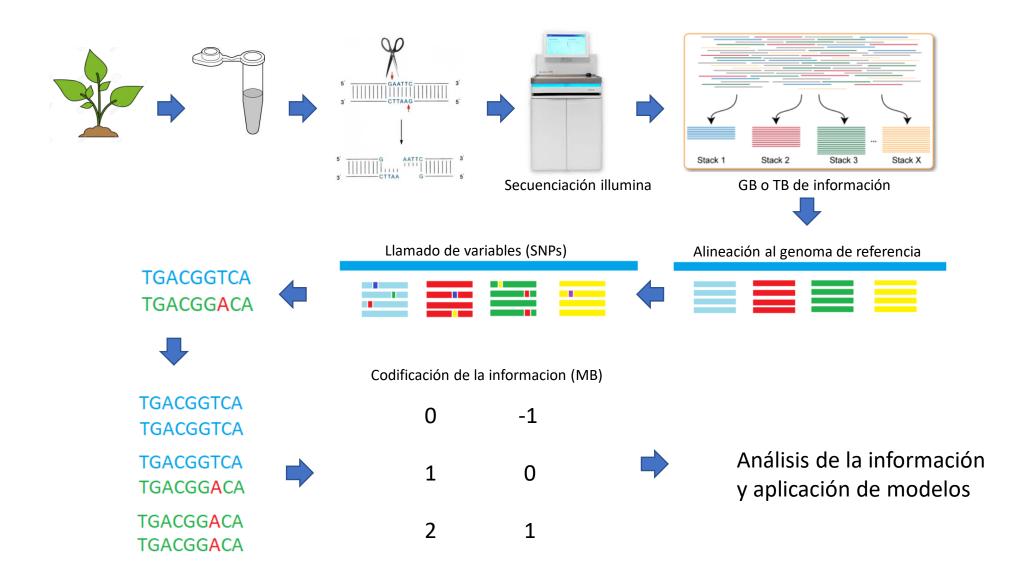
## ¿Cómo se preparan los datos genómicos?

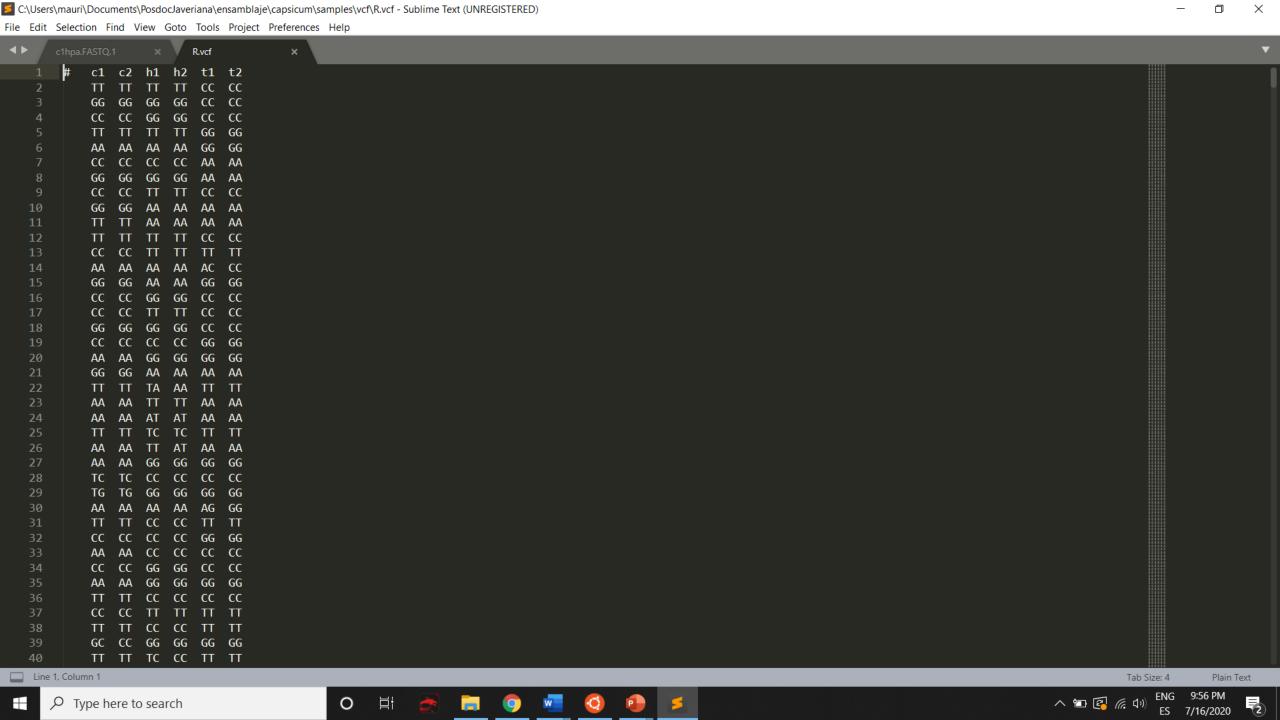


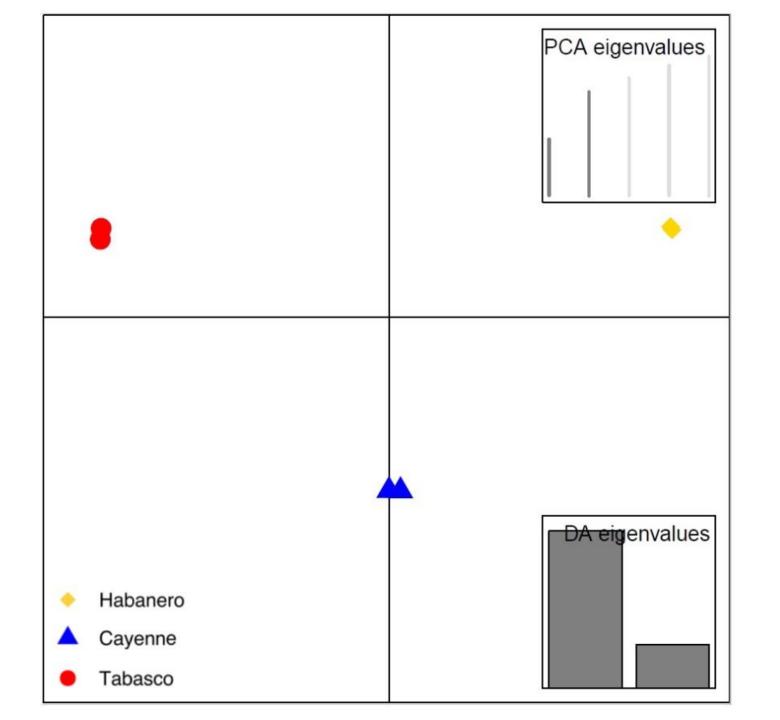
## **Ambiente GNU** Muestras .FASTQ GB ó TB de bwa index bwa mem información Genoma indexado (6 archivos) Genoma de referencia Muestras alineadas .sam samtools sort Paquete adegenet en R Muestras formato binario .bam Información en formato genind samtools index Muestras indexadas .bam.bai Análisis estadísticos bcftools mpileup Llamado de variables y compilación de muestras .vcf Mb de vcftools mpileup Organizar para cada información

programa

**Análisis Genómicos** 

Filtrado de información .vcf





## Para esta semana:

- Etiquetar variables por cromosoma y posición
- Refinar el filtrado de variables por profundidad
- Organizar guía
- Descargar datos de arroz y ejecutar este procedimiento para obtener los datos necesarios para realizar los análisis de selección genómica