

Práctica 4

Herramientas para el ensamblaje de secuencias

Objetivo

Conocer y utilizar herramientas existentes para ensamblaje y visualización de alineamientos de secuencias.

Tareas

1. (1 punto) Realiza la práctica siguiendo los siguientes pasos:
 - 1.1. Analiza la calidad de los ficheros de lecturas (FastQC)
 - 1.2. Realiza un ensamblaje *de novo* con las lecturas (SPAdes)
 - 1.3. Visualiza el grafo de ensamblaje (Bandage)
 - 1.4. Analiza la calidad del ensamblaje (QUAST)
 - 1.5. Analiza la calidad del ensamblaje utilizando el genoma de referencia (QUAST)
 - 1.6. Indexa el genoma de referencia y obtén los alineamientos del genoma con las lecturas (BWA)
 - 1.7. Convierte el fichero SAM a BAM ordenado (SAMtools)
 - 1.8. Visualiza los alineamientos ordenados de las lecturas (IGV)

Entregables

Un archivo comprimido con el siguiente contenido:

- 1) Un informe en formato pdf con la descripción del trabajo realizado y los resultados obtenidos.

Fecha de entrega

Debe entregarse a través de la plataforma campus virtual antes de las 23:59 del 6 de mayo de 2022