

BWA

Сайт: <http://bio-bwa.sourceforge.net/>

Мануал: <http://bio-bwa.sourceforge.net/bwa.shtml>

Программа находится в @ace:/labnas/NGS/3/bwa-0.6.1.

Треть домашнее задание

1. Посчитать статистики из второго домашнего задания с помощью BWA. Сравнить результаты полученные с помощью BWA и Bowtie.

- а) Покрытие генома
- б) Распределение расстояния вставки

2. Сравнить общее число прикладываемых ридов с помощью двух программ. Попробовать найти параметры BWA, такие что результаты прикладывания максимально похожи на результаты Bowtie.

Входные данные те же:

Если ваша фамилия начинается на А-И:

Папка: /2/E.coli/

Датасет №1: 05.reads.left.corrected.fastq, 05.reads.right.corrected.fastq

Датасет №2: s_6_1.fastq, s_6_2.fastq

Геном: MG1655-K12.fasta

Если ваша фамилия начинается на К-Я:

Папка: /2/P.stipitis/

Датасет №1: HTC10499_s_8_1.fastq, HTC10499_s_8_2.fastq

Датасет №2: HTC10508_s_8_1.fastq, HTC10508_s_8_2.fastq

Геном: P.stipitis.fasta