

TRINITY AND MAPPING

6Nov15

ANNOUNCEMENTS

TRANSCRIPTOME ASSEMBLY

Trinity output

TRANSCRIPTOME ASSEMBLY

Post-Trinity

MAPPING

What is it?

MAPPING

Genome versus transcriptome

MAPPING

BWT

MAPPING - BWT

	A	B	A	A	B	A
\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>
<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>
<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$

MAPPING - BWT

	A	B	A	A	B	A
\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>
<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$
<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>
<i>b</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	\$	<i>a</i>

MAPPING - BWT

A C T G

MAPPING - BWT

Tools Available

MAPPING - BWT

Options

MAPPING - BWT

Format specification: <http://samtools.github.io/hts-specs/SAMv1.pdf>

MAPPING - BWT

Alignment Fields

Col1

Col2

Col3

Col4

Col5

Col6

Col7

Col8

Col9

Col10

Col11

MAPPING - BWT

<http://broadinstitute.github.io/picard/explain-flags.html>