**Genome Studio Tutorial**

* Realizar o download do programa no site do Illumina, atentando para realizar o download do módulo que você irá utilizar (nesse caso, o módulo Genotyping).

Após executar o instalador e abrir o software o mesmo irá solicitar um login, referente a um cadastro feito no site do Illumina. Após feito o login, deve-se seguir os passos a seguir:

* **File -> New Project -> Genotyping ou File -> Open Project -> Procurar pasta e arquivo a ser aberto**

**Obs.:** Geralmente o laboratório no qual a genotipagem é realizada com o BeadChip, já disponibiliza o arquivo/projeto próprio para a abertura no GenomeStudio.

* Alguns comandos básicos para o processo de ajuste dos clusters são:
  1. Para mover o cluster ou aumentar a área do mesmo, na janela SNP graph – utilizar Shift e botão esquerdo do mouse/touchpad.
  2. Marcar, excluir, incluir e colorir – utilizar o botão direito do mouse/touchpad, posicionando a seta na janela que se deseja fazer alterações ou marcações.
* Após feito o ajuste nos clusters, o próximo passo é exportar - **Analysis -> Report -> Report Wizard -> Final Report -> All samples -> Next -> Next-> Matrix -> Use (selecionar AB) -> desmarcar Included Gene call -> Next -> Selecionar local onde será salvo -> Finish**

**Obs:** O arquivo será salvo em .txt para abri-lo no Excel basta arrastar o arquivo para a janela do Excel ou selecionar “Abrir como” clicando com o botão direito do mouse.

**Organizando os dados no Excel**

* A primeira etapa após exportar os dados do GenomeStudio é organizar todos os dados inserindo informações como Sequência numérica do chip, nº do NCBI, Código BARCPV, a qual cromossomo pertence, SNP position, etc. Para isso, iremos utilizar as Tabelas BARCBean, TabelaS4 e TabelaS5. Utilizaremos nesse caso a **Função (=PROCV).**
* Selecionar dados que contém os genótipos e fazer a **Formatação condicional** (vermelho - BB e azul - AA).
* Ordenar os marcadores a partir de um dos parentais **(Classificar e Filtrar).**
* Localizar o ponto a partir do qual o genótipo dos parentais divergem, selecionar todos os dados a partir desse ponto e utilizar a aba **Localizar e Substituir (BB – CC; AA – BB; CC – AA).**
* Ordenar os dados por Chr ID e SNP position **(Classificar e Filtrar).**
* Excluir todos os SNPs monomórficos e os demais que mostrarem alguma distorção de segregação.
* **Planilha Pronta!**