



Instituto
René Rachou
FIOCRUZ MINAS

Mapaamento múltiplo

- Identificação de variantes
 - Inferência de variante de gene que na verdade vem de outra cópia do gene.



















Locus 1:

Heterozygote:

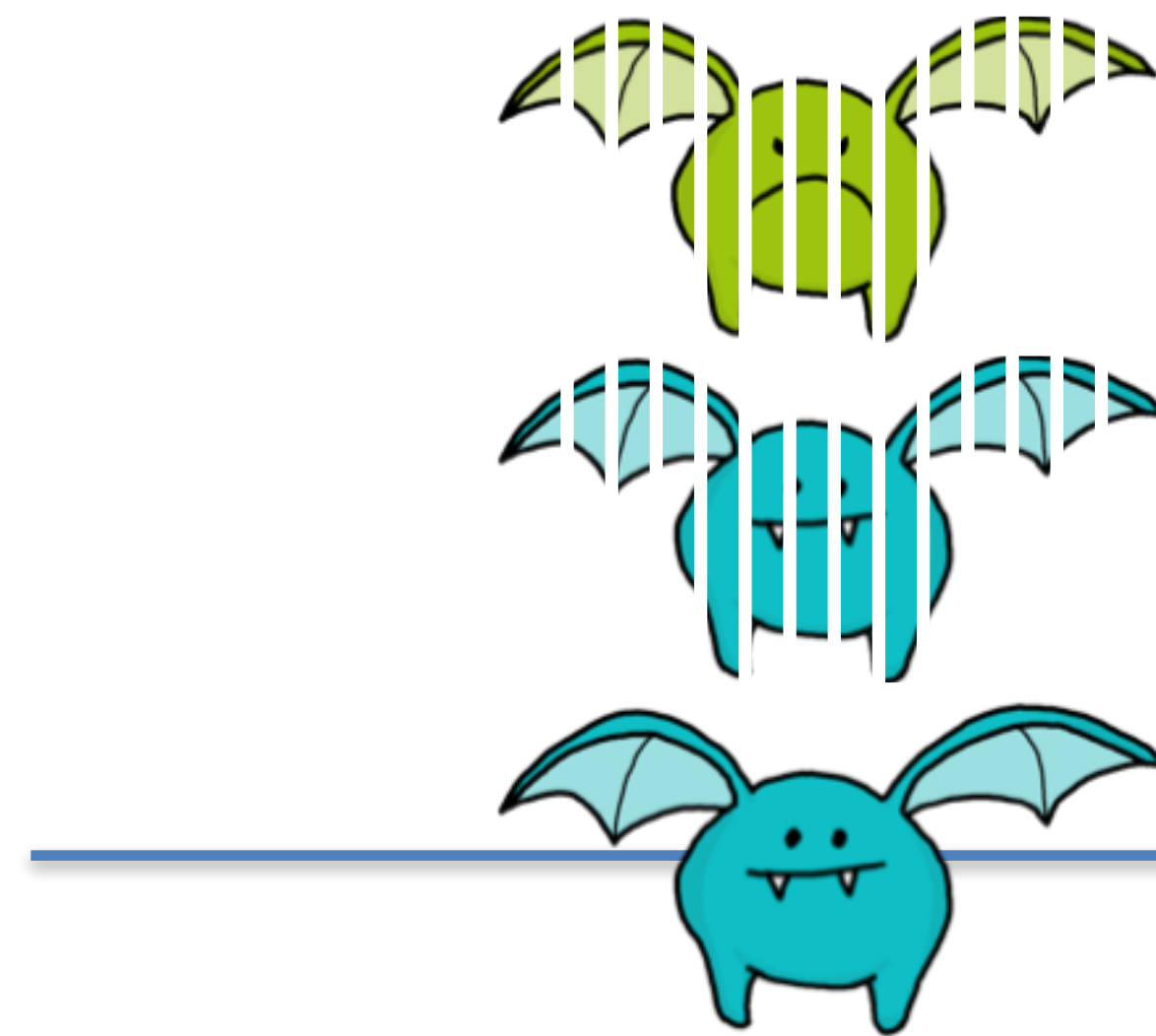




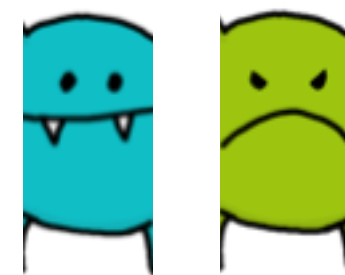
Locus 2:

Heterozygote:

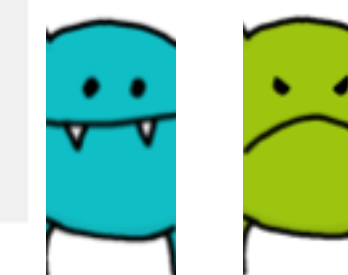
- Identificação de variantes
 - Inferência de variante de gene que na verdade vem de outra cópia do gene.



Locus 1:
Heterozigoto:



Locus 2:
Heterozigoto:



- No exemplo da tabela, comparamos Experimento Vs. Controle:
 - Gene C e E são expressos duas vezes mais no Exp que em Ctrl.
 - Gene D é menos expresso no Exp.
- Comparações de um mesmo gene em diferentes condições não demanda normalização por tamanho do gene ou número de cópias: o genoma referência é o mesmo para todos.
- A significância estatística vai ser dada pela contagem absoluta de evidências
- Ferramentas: DESeq2 e edgeR

	Ctrl 1	Ctrl 2	Ctrl 3	Exp 1	Exp 2	Exp 3
A	5	3	12	8	6	15
B	16	25	35	20	20	25
C	10	15	3	25	40	29
D	750	500	500	300	410	380
E	1504	1005	1030	4028	3021	2300