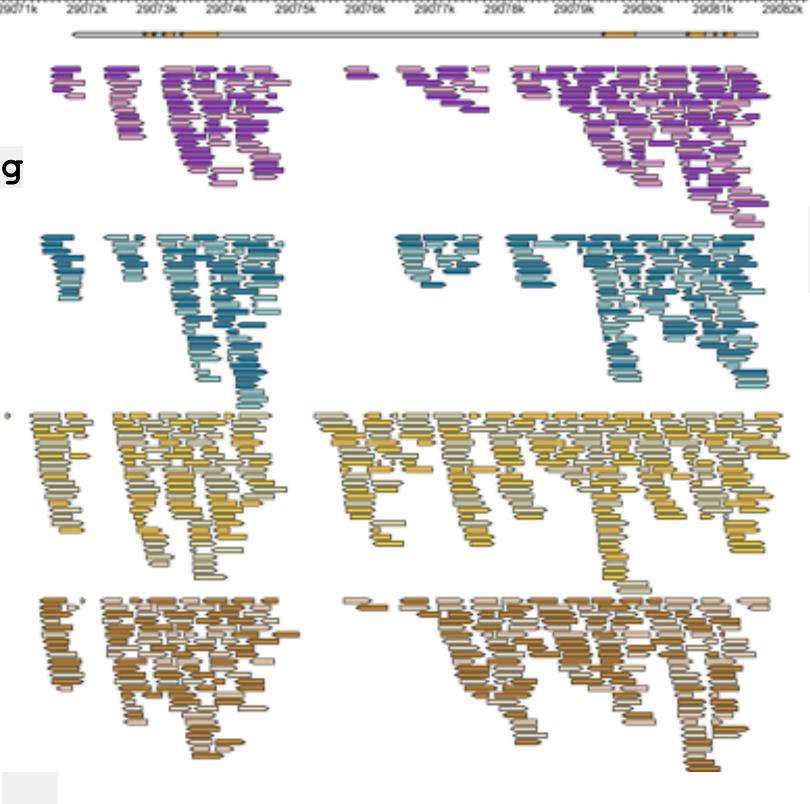
Pra que tanto?



- Cada read é uma evidência de observação biológica:
 - Expressão de um gene
 - Existência de mutação
- Quanto mais evidências, maior o suporta para as inferências.

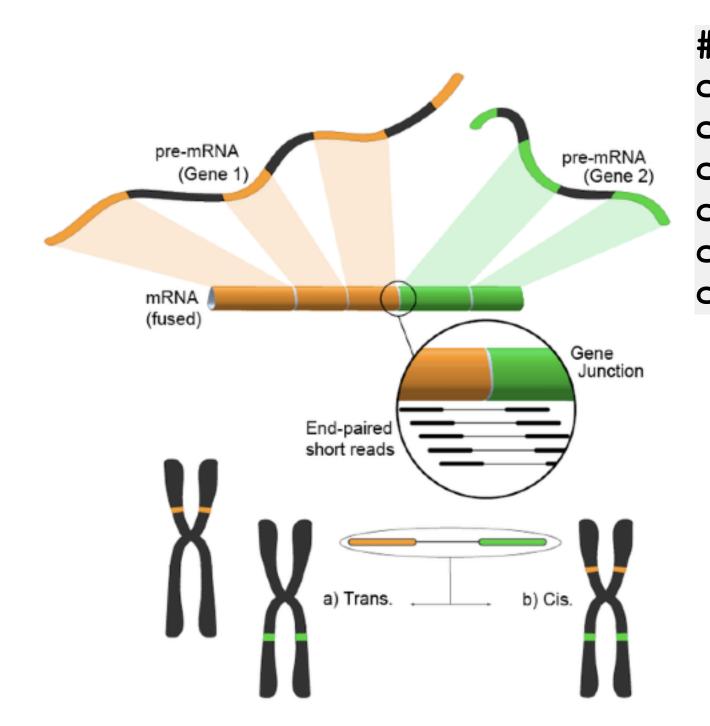
```
##gff-version 3
                                9000
                                                ID=mrna0001;Name=sonichedgehog
ctg123
        mRNA
                          1300
                                                ID=exon00001;Parent=mrna0001
ctg123
                          1300
                                1500
         exon
ctg123
                                1500
                                                ID=exon00002;Parent=mrna0001
                          1050
         exon
                                3902
ctg123
                                                ID=exon00003;Parent=mrna0001
                          3000
         exon
ctg123
                                5500
                                                ID=exon00004;Parent=mrna0001
                          5000
         exon
ctg123
                          7000
                                9000
                                                ID=exon00005;Parent=mrna0001
         exon
```



Contar o que?



- A medida base é o número de reads.
- Contam-se o número de reads mapeadas a uma feature.
- Reads curtos
- Single read (quantificação) paired-end (splice)



##gff-version 3									
ctg123	•	mRNA	13	300	9000	•	+	•	ID=mrna0001; Name=sonichedgehog
ctg123	•	exon	13	300 :	1500	•	+	•	<pre>ID=exon00001;Parent=mrna0001</pre>
ctg123	•	exon	10	050	1500	•	+	•	<pre>ID=exon00002;Parent=mrna0001</pre>
ctg123	•	exon	3	000	3902	•	+	•	<pre>ID=exon00003;Parent=mrna0001</pre>
ctg123	•	exon	5	000	5500	•	+	•	<pre>ID=exon00004;Parent=mrna0001</pre>
ctg123	•	exon	7	000	9000	•	+	•	<pre>ID=exon00005;Parent=mrna0001</pre>

