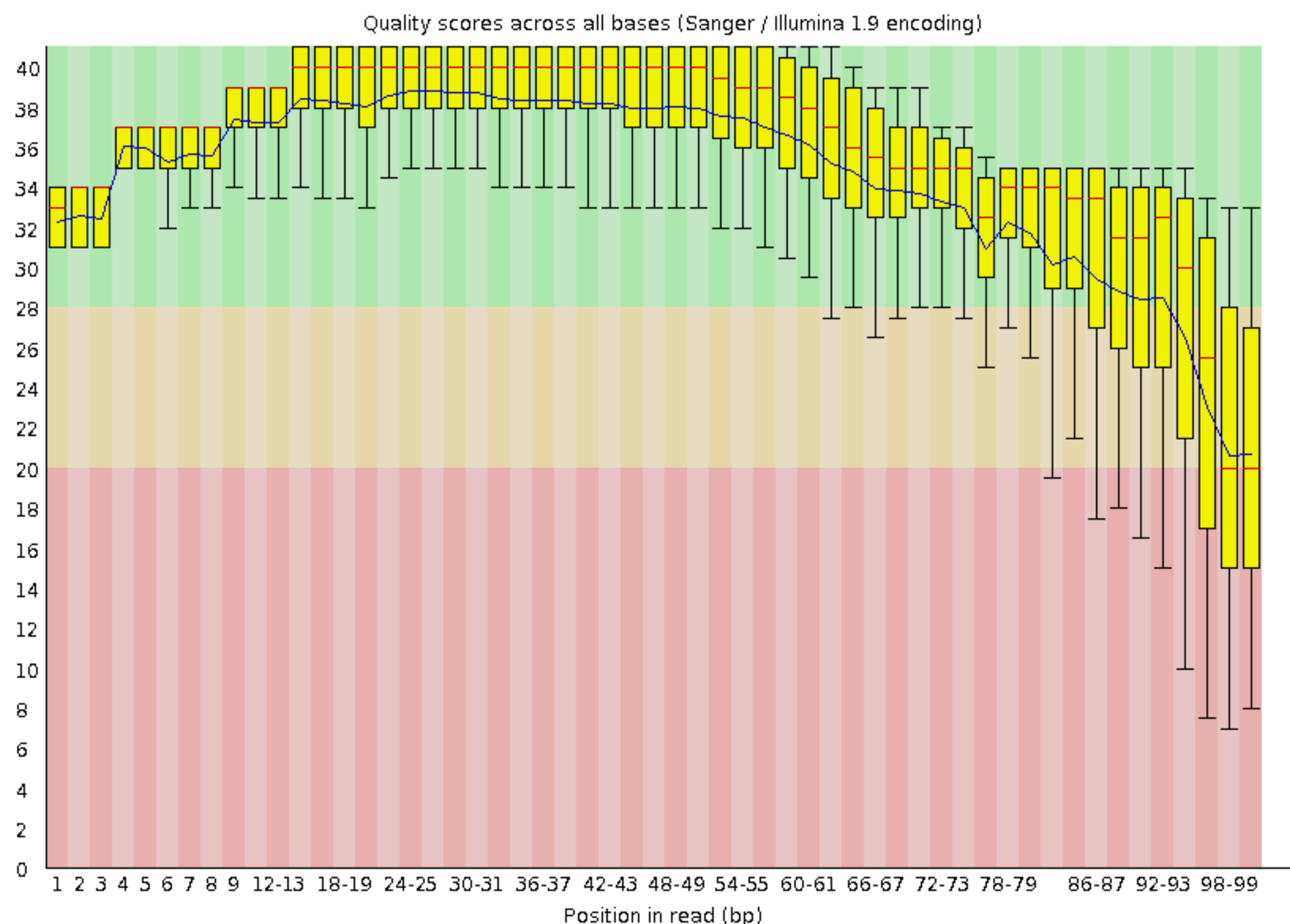


- Valor de qualidade = $-10\log_{10}(P)$
- Se uma base tem 1% de chance de estar errada: $-10 \times \log_{10}(0.01) = \mathbf{20}$
- Escala de “chance de erro”

[illegible]+
C<CCCC<@CCEC@FGGGGGFGGGC@7,8,;;C6,,,,;,,,,,6678+89B,9,+68@,,66,AC,<,,,,<9,
,,,69,A,,:,9<,95,:,,,,,9<,95A@,44,,5A,:,,,,,9B?,6,9,9,++++,,9,,,4,,6,8AD=,
,,7,7;+6++6+6,,6,;,6;9*+*66,+*+,)*,5+@@)0?87:*****1*01:A*1:,,)0)3,,.:**0)
-5(((*.8(6(((*22())6:((((/++26(,)3.:)-)))+3<C((((-((.:<-+434538*)5<)))-
6)6)1.64)6<2

Controle de qualidade

- Remoção de bases com grande chances de erros
- Remoção de adaptadores do sequenciamento
- Remoção de sequências de possíveis contaminantes
 - Hospedeiro
 - "Contaminante de bancada"



Filtrados

Genomas dos contaminantes