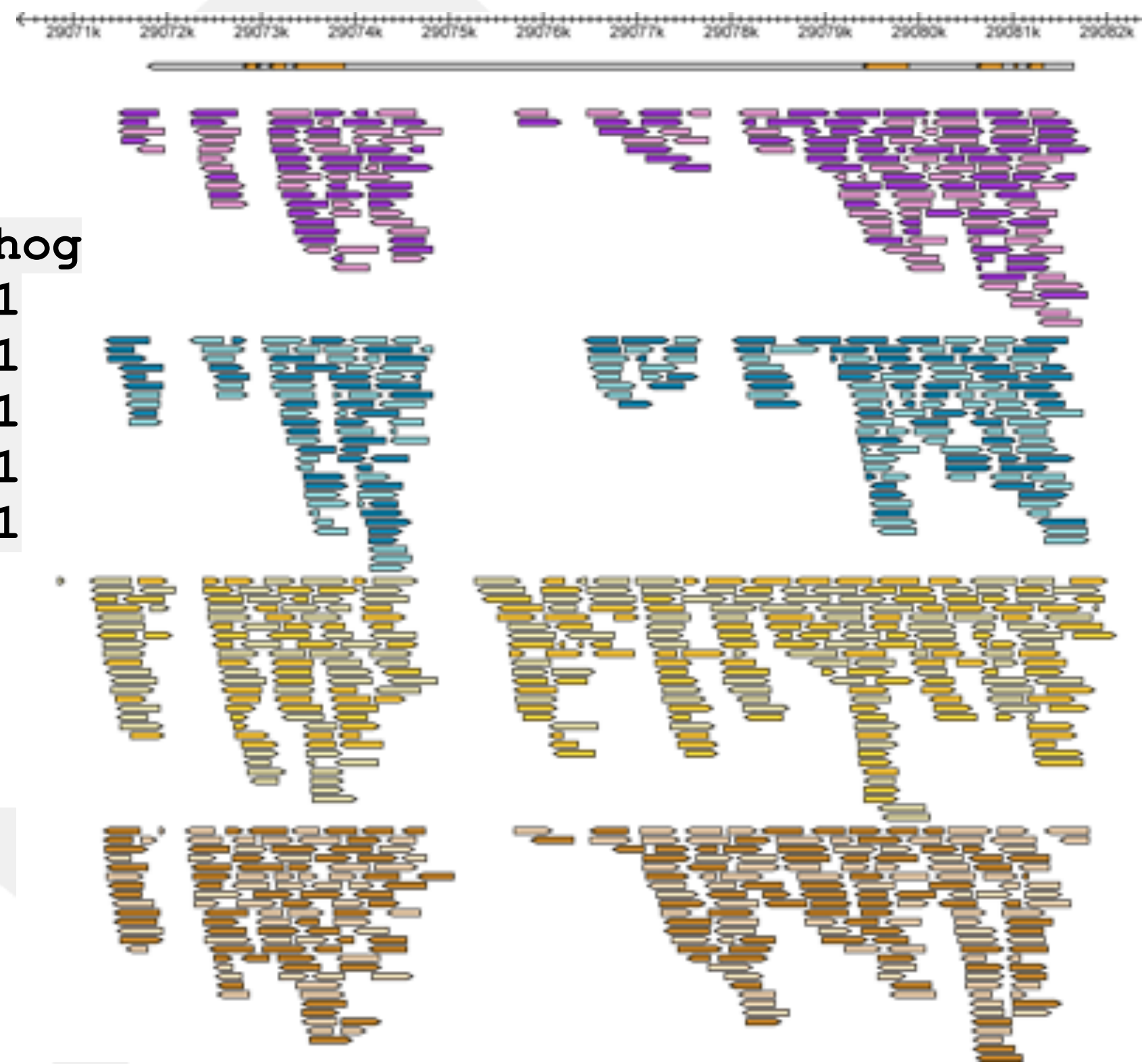


Pra que tanto?

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

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



- Identificação de variantes:
 - Poucos falso positivos
 - Alinhamento global (identifica indel)
- Quantificação:
 - Alta sensibilidade
 - Alinhamento local (splice aware)

