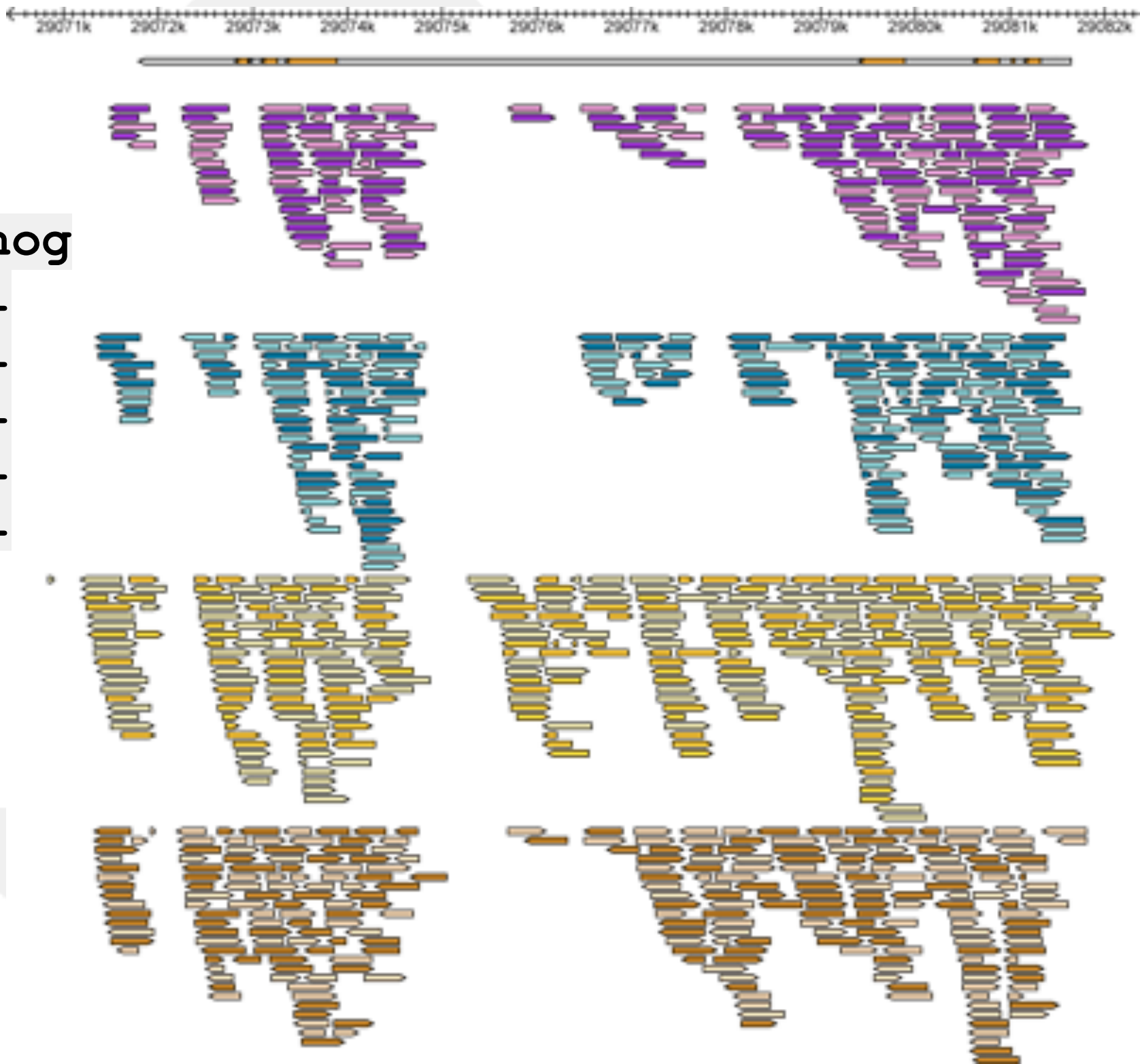


Pra que tanto?

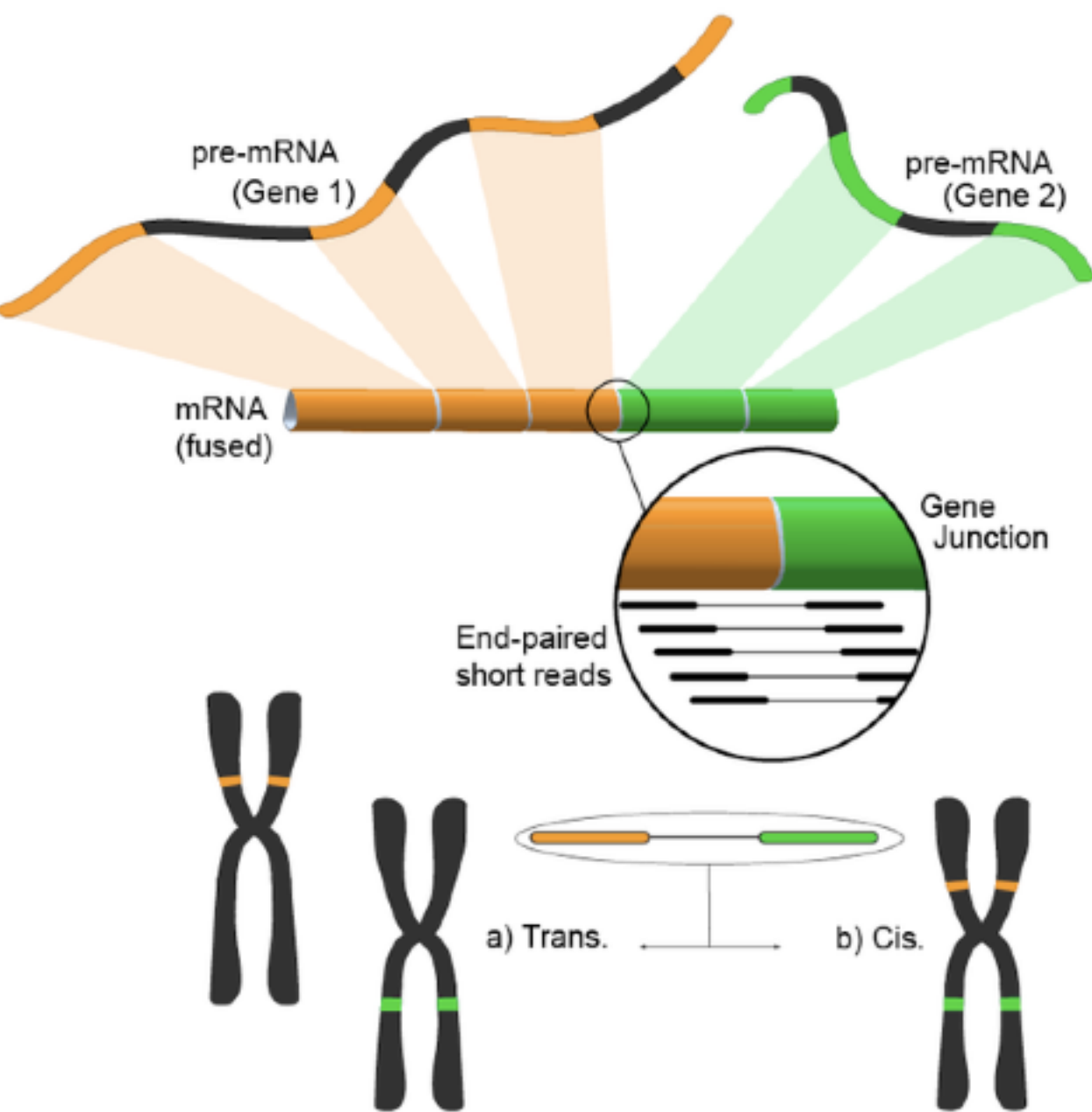
- Cada read é uma evidência de observação biológica:
 - Expressão de um gene
 - Existência de mutação
- Quanto mais evidências, maior o suporte para as inferências.

```
##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
```



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 | 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 |

