



## Identificação de variante

- Mapeamento de reads sequenciados.
- Sobreposição das sequências.

Estatística para identificação da variante

#### CGATGCTACAGCATGCGATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCGT

#### ATGCTACAGCATGCGATCAGTCTACGATGCGTCAGCTAGCGTGC

#### GCTACAGCATGCGATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCATGCGA

#### CTACAGCATGCGATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCATGCGAT

#### TACAGCATGCGATCCGTCTACGATGCATCAGCTAGCGTGCGATC

#### CAGCATGCGATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCGTGCGATCGA

#### GCGATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCGTGCGATCGATGCATC

#### GATCAGTCTACGATGCGTCAGCTAGCGCGCGATCGATGCATCGA

#### ATCAGTCTACGATGCATCAGCTAGCATGCGATCGATGCATCGAT

#### CAGTCTACGATCCATCAGCTAGCATGCGATCGATGCATCG

#### GTCTACGATGCATCAGCTAGCATGCGATTGATGCATCGAT

#### CTACGATGCATCAGCTAGCATGCGATCGATGCATCGATCC

Heterozigoto: A/G?

### Homozigoto: G/G?

Heterozigoto: A/G?

# Identificação de variante



- Mapeamento de reads sequenciados.
- Sobreposição das sequências.
- Estatística para identificação da variante

I C I ACGAAGCA I CAGC I AGCA I GCGA I CGA I GCA I CGA I CGA I C

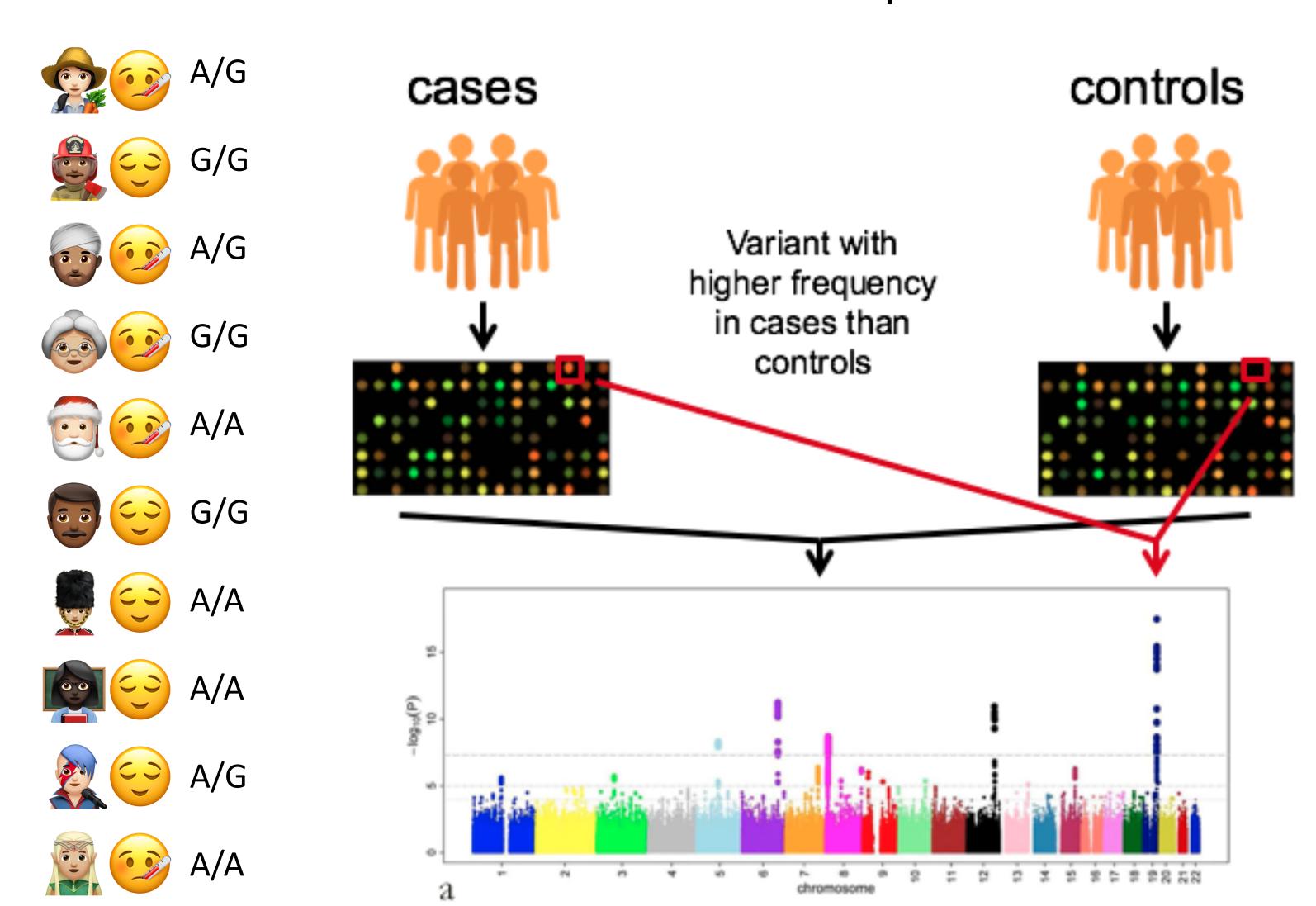
CTACGATGCATCAGCTAGCATGCGATCGATCGATCC

ACGATGCATCAGCTAGCGTGCGATCGATCGATCGATCCTA

## Estudos de associação



Associar uma variante a um fenótipo



p = 1	G/G	Não G/G
Doente	1	4
Saudável	2	3
p = 6e-12	G/G	Não G/G
p = 6e-12 Doente	G/G 100	Não G/G 400