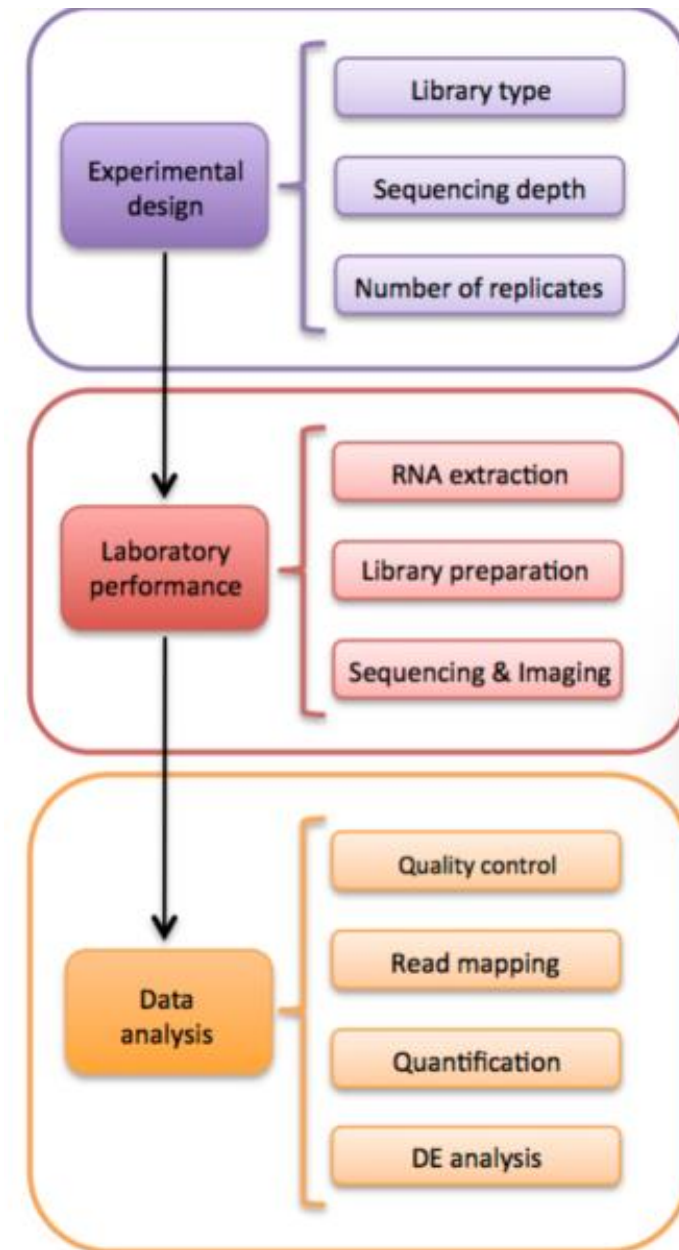
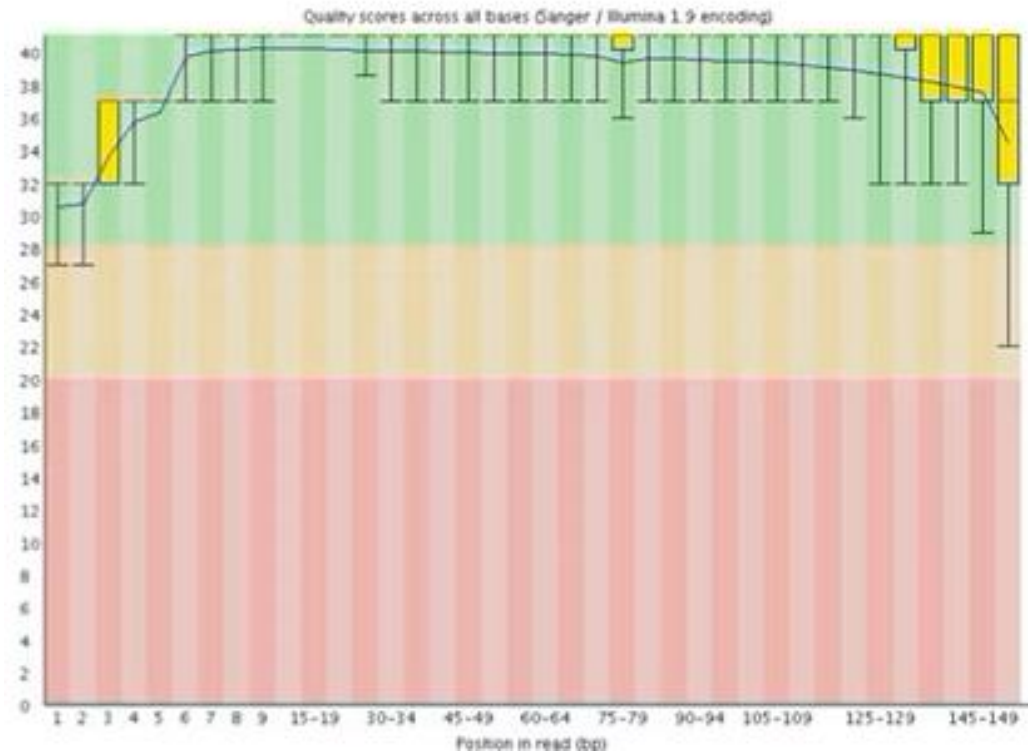
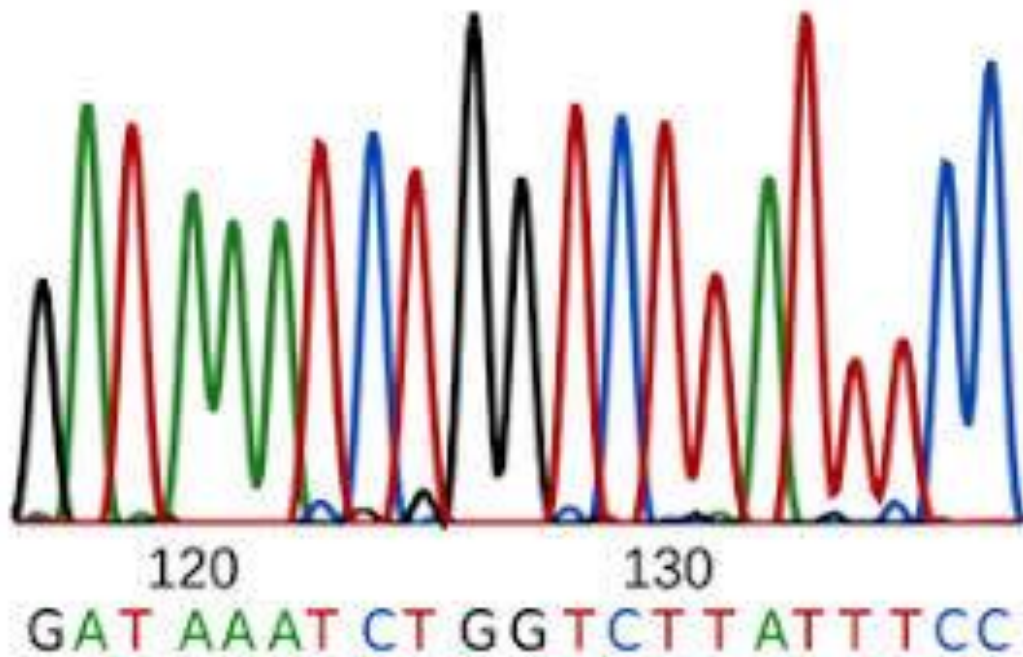


Diseño general



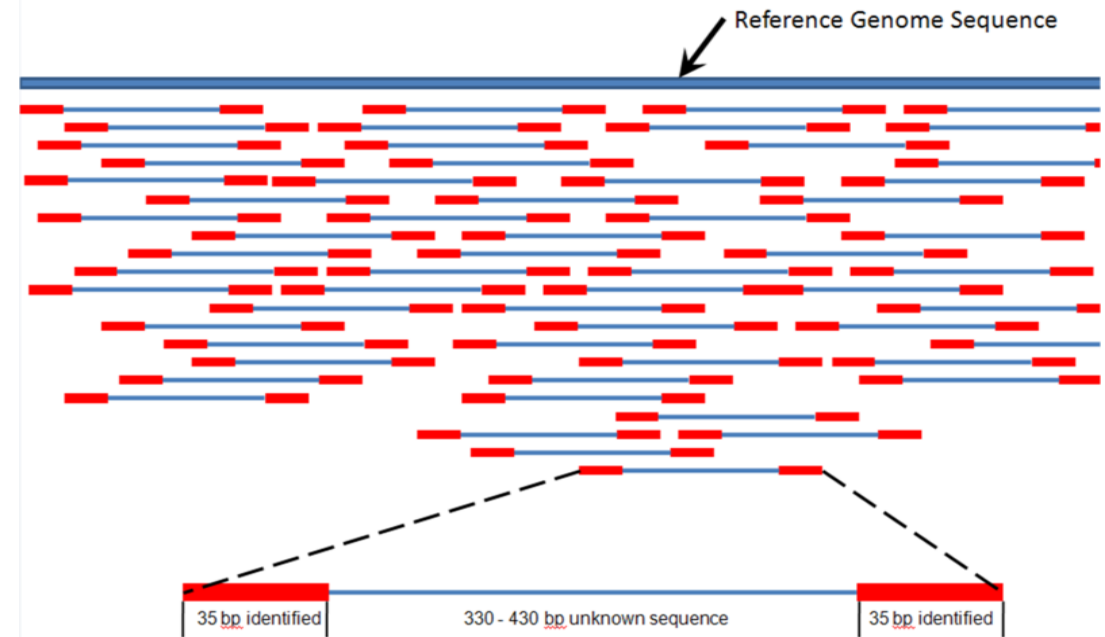
Calidad

- Llamdo de Bases (Tecnología)
- Contaminación (Preparación de la muestra)



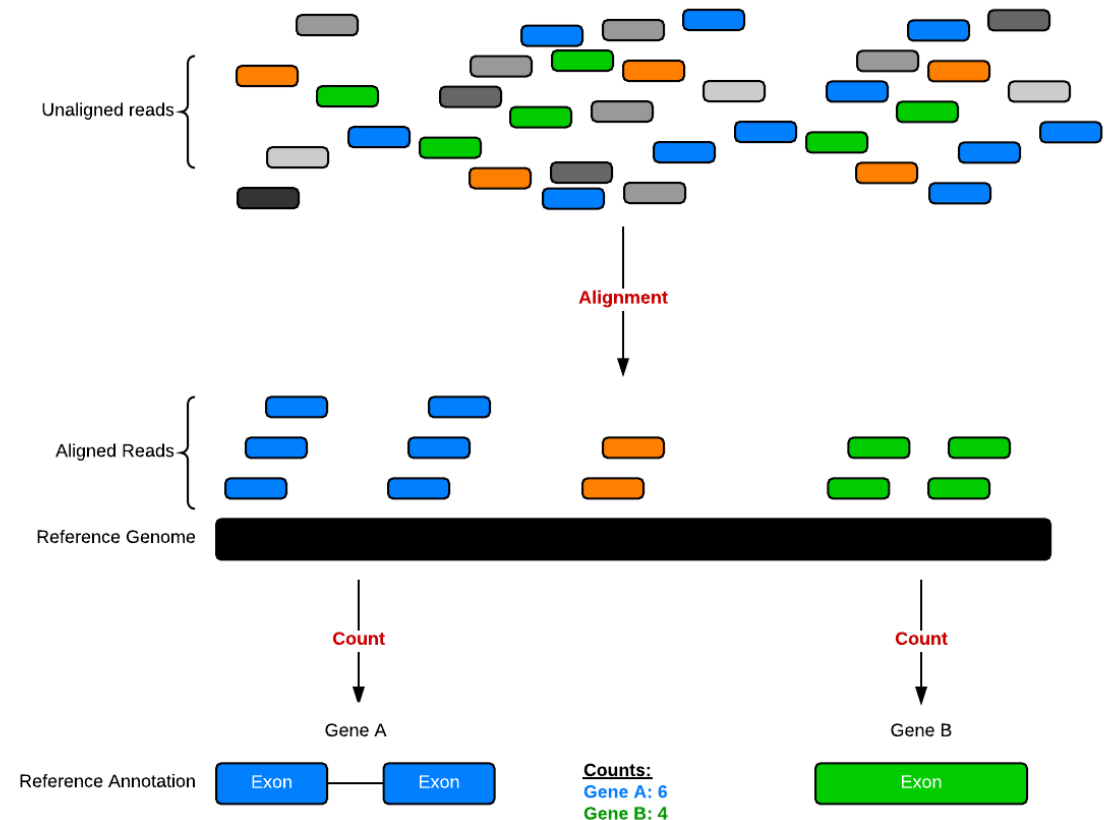
Alineamiento

Se usan algoritmos para buscar las regiones de coincidencia de las secuencias (50- 500 bases) con un genoma de referencia (humano ~ 3,088,269,832).



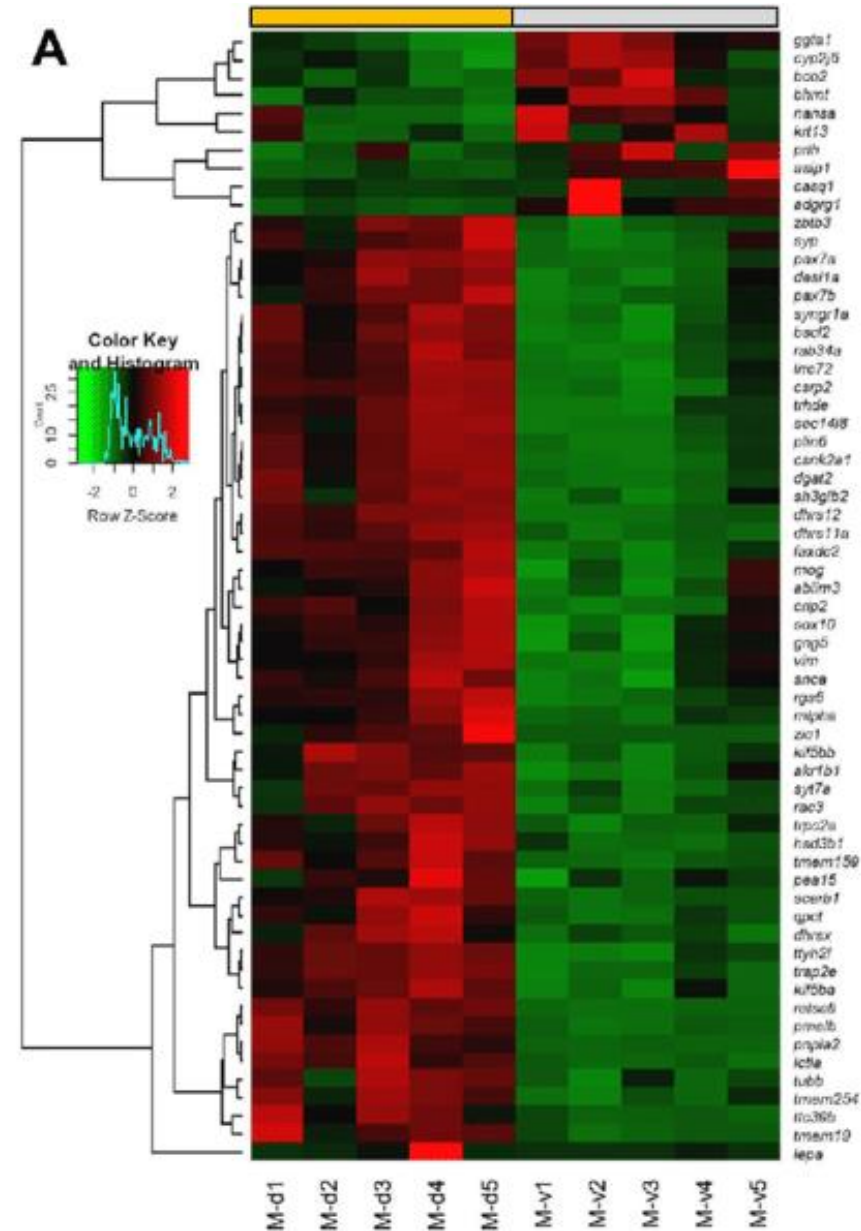
Cuantificación

Para determinar el grado de expression se obtiene una matriz de conteo donde se relaciona cada gen con su expression relativa de acuerdo al alineamiento, así poder hacer comparaciones entre condiciones.



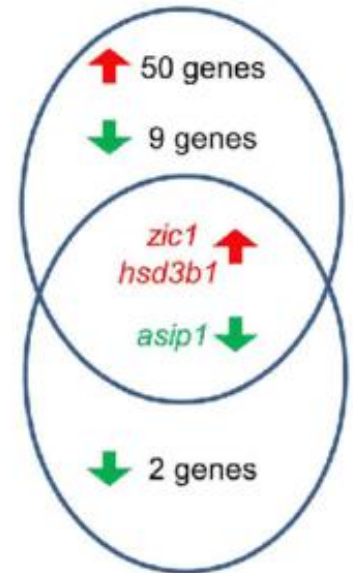
Análisis

Utilizando la matriz de conteo, se hacen desde análisis estadísticos a modelos de machine learning que pueden describir los datos en sus diversas condiciones, el análisis primario es obtener la expression diferencial entre condiciones.



B

T. duboisi Maswa
dorsal/ventral



T. duboisi Kigoma
dorsal/ventral