

# **Tutorial Bioinformatica**

Marcel Ferreira

2023-11-16

# Table of contents

<b>Prefacio</b>	<b>3</b>
Softwares necessários . . . . .	3
Opcionais . . . . .	3
Dados utilizados . . . . .	3
<b>1 Introduction</b>	<b>4</b>
<b>2 Dia 1 - Sequenciamento de DNA</b>	<b>5</b>
2.1 Arquivos . . . . .	5
2.2 Métricas . . . . .	5
<b>3 Dia 2 - Alinhamento de sequências de DNA</b>	<b>6</b>
3.1 Arquivos . . . . .	6
<b>References</b>	<b>8</b>

# Prefacio

## Softwares necessários

- WSL (Windows Subsystem for Linux)
- IGV ([site](#))
- fastqc ([github](#))
- bwa ([github](#))
- minimap2 ([github](#))
- samtools ([github](#))
- freebayes ([github](#))
- gatk ([github](#))
- vcftools ([github](#))
- bcftools ([site](#)) ([github](#))
- WhatsHap ([github](#))

## Opcionais

- [notepad++](#)
- [gzip](#)
- [HTSlib](#)

## Dados utilizados

- fast5/
- fastq/
- genome/
- bam/
- vcf/

# 1 Introduction

This is a book created from markdown and executable code.

See Knuth (1984) for additional discussion of literate programming.

```
1 + 1
```

```
[1] 2
```

## 2 Dia 1 - Sequenciamento de DNA

### 2.1 Arquivos

### 2.2 Métricas

$$Read\ Accuracy = \frac{N_{match}}{N_{match} + N_{mis} + N_{del} + N_{ins}} \quad (2.1)$$

$$Mis/Ins/Del = \frac{N_{mis/ins/del}}{N_{match} + N_{mis} + N_{del} + N_{ins}} \quad (2.2)$$

$$P = 10^{\frac{-Q_{score}}{10}} \quad (2.3)$$

$$Read\ Q_{score} = -10 \log_{10} \left[ \frac{1}{N} \sum 10^{\frac{-q_1}{10}} \right] \quad (2.4)$$

## **3 Dia 2 - Alinhamento de sequências de DNA**

### **3.1 Arquivos**

4

## References

Knuth, Donald E. 1984. “Literate Programming.” *Comput. J.* 27 (2): 97–111. <https://doi.org/10.1093/comjnl/27.2.97>.