

Materiais e Métodos

Programas utilizados

- Análise de qualidade: FastQC e SeqClean.
- Montagem:
 - Com genoma de referência: Pipeline Cufflinks
 - *De novo*: Trinity, Velvet-Oases e IDBA-Tran
- Mapeamento: TopHat, Bowtie e Bowtie2
- Estimação de abundância: Cuffdiff, RSEM e eXpress
- Análise estatística: Cuffdiff e edgeR