Contagem das leituras mapeadas no genoma de referência
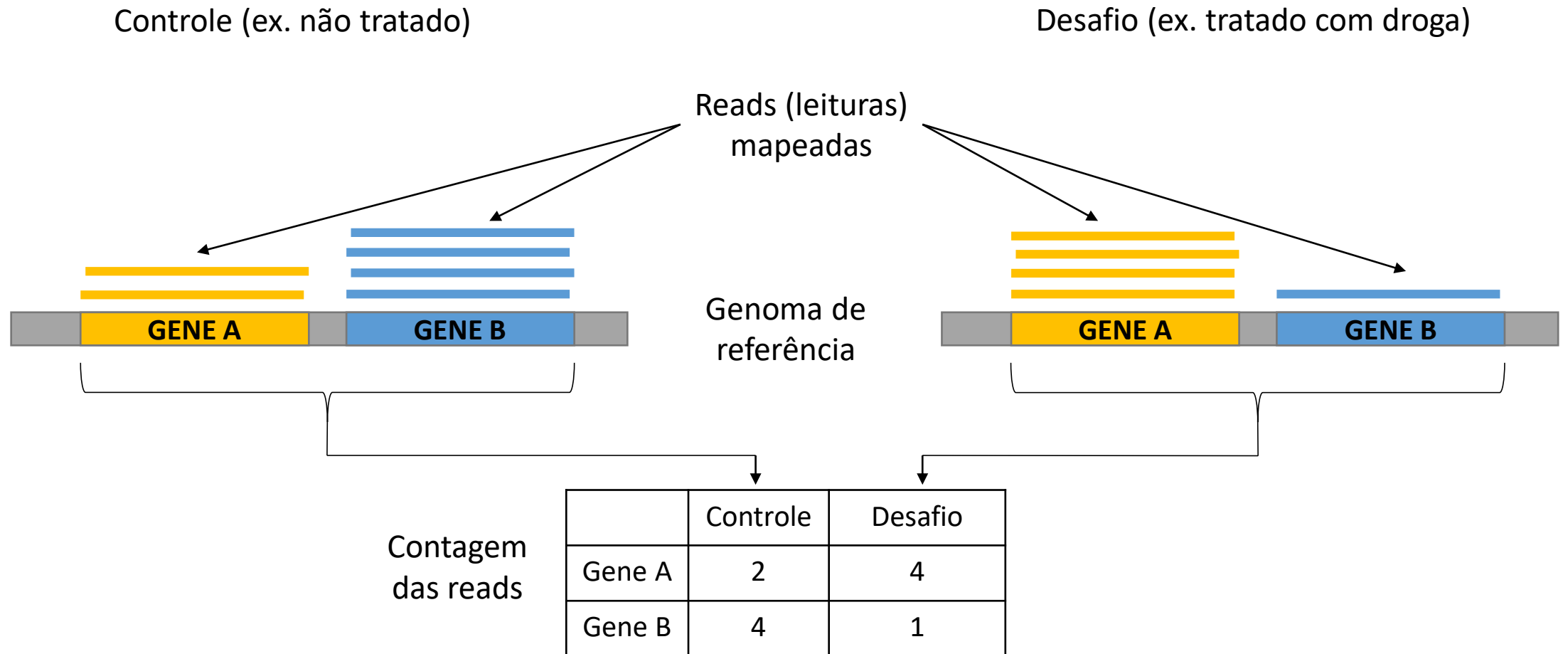
Pablo Rodrigo Sanches

Departamento de Genética – FMRP/USP

psanches@usp.br

Roteiro de análise

1. StringTie (quantificação da transcrição)
2. Obter arquivo de contagem das leituras mapeadas por Gene

Introdução

Controle (ex. não tratado)

Desafio (ex. tratado com droga)

Reads (leituras) mapeadas

Genoma de referência

GENE A **GENE B**

GENE A **GENE B**

Contagem das reads

	Controle	Desafio
Gene A	2	4
Gene B	4	1

Renomear arquivos mapped.bam no Galaxy (saída do software RNA STAR)

Renomear arquivos mapped.bam no Galaxy (saída do software RNA STAR)

Arquivo .bam no Galaxy

StringTie – Via Galaxy

Exemplo de Resultado StringTie (Gene counts)

gene_id	0h_II_RNA_STAR_on_data_106__data_105__and_others__mapped_bam
TERG_00002	1248
TERG_00003	1406
TERG_00004	2301
TERG_00008	1189
TERG_00009	589
TERG_00010	58
TERG_00011	101
TERG_00012	1052
TERG_00013	161
TERG_00014	37
TERG_00015	806
TERG_00016	161
TERG_00017	1871
TERG_00018	333
TERG_00019	845
TERG_00020	1097

Identificador do Gene

Quantidade de reads mapeadas no Gene