Contagem das leituras mapeadas no genoma de referência

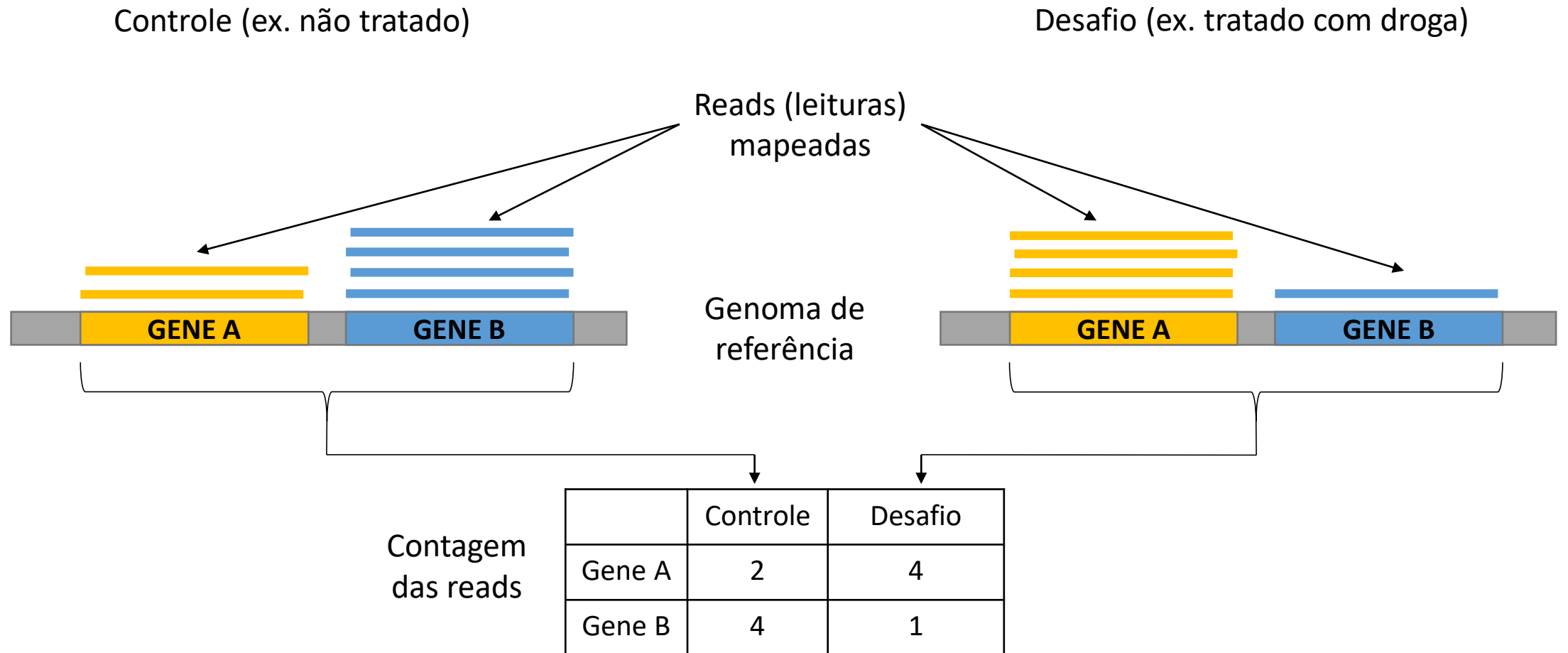**Dr. Pablo Rodrigo Sanches**

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)

Arquivo .bam no Galaxy

StringTie – Via Galaxy

StringTie – Via Galaxy

Exemplo de Resultado StringTie (Gene counts)

Column 1	Column 2
gene_id	RNA_STAR_on_data_3__data_2__and_others__mapped_bam
TERG_00002	6030
TERG_00003	17457
TERG_00004	30772
TERG_00008	23418
TERG_00009	4228
TERG_00010	92
TERG_00011	1191
TERG_00012	12182
TERG_00013	1687
TERG_00014	176
TERG_00015	8428
TERG_00016	1406
TERG_00017	8658
TERG_00018	2903
TERG_00019	5389
TERG_00020	13537
TERG_00021	9995

Identificador do Gene

Quantidade de reads mapeadas no Gene