**{ANALYSIS}**

**Project Report**

{DATE}

{CUSTOMERINSTITUTE}

{CUSTOMERNAME}

K.K. DNAFORM

1. **解析ワークフロー**

解析のワークフローを下記に示します。青枠内が実施した操作、灰色枠内が使用した主なツール、白抜き色枠内が主なデータとなります。



1. **納品データの構成**

各フォルダの構成と内容は以下のようになっております。



全納品データの一覧を次のページにお示しします。

{DIRTREE}

**3. Fastqフォルダの内容物**

FastqフォルダにはHiSeqあるいはNextSeqから出力されたサンプル毎のfastqファイル（生データ）、及びFastQCの結果が格納されています。解析は生データからアダプター配列を除去した配列を用いて実施しております。

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Group** | **Sample** | **read\_num** | **min\_len** | **avg\_len** | **max\_len** |

**4. Referenceフォルダの内容物**

対象生物種のゲノム配列情報（fastaファイル）、及びアノテーション情報（gtfファイル）が格納されています。本解析には、下記のリファレンスゲノムを用いました。

生物名：{COMMONNAME} ( {*SCIENTIFICNAME*} )

Genome assembly: {GENOMEASSEMBLY}

**5. Resultフォルダの内容物**

**Count\_FPKMフォルダ**

それぞれのサンプルの遺伝子およびtranscript単位でのリード数のカウント結果、及びFPKM (Fragments Per Kilobase of gene/transcript per Million mapped reads) の計算結果が格納されています（いずれもタブ区切りテキスト形式）。

**DE\_analysisフォルダ**

各サンプルの遺伝子あるいはtranscript単位でのカウント数に基づいた発現量比較解析結果が格納されています。フォルダにはDESeq2を用いた発現量比較解析結果（タブ区切りテキスト形式）、及び各サンプル比較対での遺伝子発現量のMA-Plot（html形式）が含まれます。

Geneのフォルダにはさらに、Gene ontology (GO) 解析の結果が含まれています。GO解析は3種類の条件（①padj<0.05のみの遺伝子を用いてGO解析、②pvalue<0.05のみの遺伝子を用いてGO解析、③baseMean (BM)>5, log2FoldChange>2のみの遺伝子を用いてGO解析）で行われ、それぞれ別のフォルダに結果が格納されております（統計的に有意なGO termが検出されなかった場合、ファイルの中身が空になっております）。

**Genome\_browserフォルダ**

各サンプルでの遺伝子発現量をゲノムブラウザ等で閲覧していただくために必要なファイル群（BedGraph形式、およびBigWig形式）が格納されています。

**Mappingフォルダ**

マッピング結果のbamファイル、及びマッピング結果をまとめたテキストファイルが格納されています。マッピング結果の要約をTable 1に示します。

**Table 1. Mapping information**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Sample** | **read\_num** | **min\_len** | **avg\_len** | **max\_len** |

**Sample\_Gene\_Clusteringフォルダ**

遺伝子発現量に基づいたサンプルのクラスタリングの結果、およびサンプル間の相関係数の計算結果が格納されております。また、各クラスターの遺伝子リストを用いて実施したGO解析の結果が格納されております（統計的に有意なGO termが検出されなかった場合、ファイルの中身が空になっております）。ファイル名の先頭のcX (Xは1〜20の整数)がクラスター番号を表しています。

**6. 補足情報**

**ライブラリー作製に使用したキット**

|  |  |
| --- | --- |
| **Step** | **Kit** |
| rRNA removal |  |
| Library preparation |  |

**ライブラリーサイズ情報**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Group** | **Sample** | **Average insert size (bp)** |
|  |  |  |
|  |  |  |

**解析に使用した主なツール**

納品物に含まれる別ファイル（tool\_info.txt）をご参照下さい。