

## פרוטוקול לאנליזת RNAseq

### שאלות מקדימות:

מה נעשה בניסוי?

	איפה קיימים הבדלים בין דגימות שונות בניסוי (הפקת רנ"א, בזמנים שונים, ביצוע הניסוי בזמנים שונים, שימוש בקיטים אחרים וכד')
	גנים מסוימים שרוצים לבדוק ביטוי שלהם (אם קיימים)
	קבוצות ביניהן משווים
	ריצוף paired end או single end
	סוג ריצוף: אקסום, כל סוגי RNA, אחר
	הפקת RNA: In vivo, in vitro ?

טבלת metadata גנרית:

### עבודה בMobaX:

פקודת הרצה לסקריפט:

```
chmod 755 $script_name  
$script_name path/to/the/experiment/directory
```

ראשית נריץ את הסקריפט שעושה validation check, ונקרא את קובץ הmultiQC שנוצר. אם נראה שיש צורך בגיזום- נריץ את הסקריפט שעושה trimming.

לאחר מכן נריץ את הסקריפט האחרון, שעושה STAR ואת כל היתר.

הסקריפטים יוצרים עץ תיקיות שנראה כך:

Input

fastq\_files

#fastq files

fastqc\_files

#fastqc files

trimmed\_files

# trimmed files

STAR

#aligned files

bam\_sorted

#sorted BAM files

counts

#HTseq files

כלומר בפועל לכל אנליזה נוצרות 6 תיקיות שמכילות את כל הקבצים.

קובץ ה-CSV נוצר בתיקיית counts.