**פרוטוקול לאנליזת RNAseq**

**שאלות מקדימות:**

|  |  |
| --- | --- |
| **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?** |  |

מה נעשה בניסוי?

טבלת metadata גנרית:

**עבודה בMobaX:**

פקודת הרצה לסקריפט:

**chmod** 755 **$script\_name**

**$script\_name** path**/**to**/**the**/**experimet**/**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.