

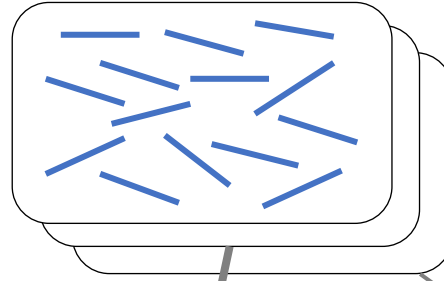
# ショートリードのマッピングとデータのフォーマット

ゲノム（リファレンス）配列

フォーマット（配列）

```
>chr
AGCTTTTCATTCTGACTGCAACGGGCAATATGTCT
CTGTGTGGATTAAAAAAGAGTGTCTGATAGCAGC
TTCTGAACCTGGTTACCTGCCGTGAGTAAATTA
TTTTATTGACTTAGGTCACTAAATACTTTAACC
TATAGGCATAGCGCACAGACAGATAAAATTACAG
AGTACACAACATCCATGAAACGCATTAGCACCACC
```

サンプル（リード）配列



フォーマット（配列+クオリティ値）

```
@SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
ATCCGGCTGGCGCACCGACCTATGTTCGGGCGAATACAAGCTGGGTGAAG
+SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
@@@AD>DDFF7DC?FFEBF@DFII<DF@AAA6AEFBDBDCA?>A?B=>B::
@SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CACCGTGTAGTACCAGCATCCTGCGTACAATCAGCAATCCCAGTCCTCCCC
+SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CCCFDFDFHDFHFIHIIIEGIHJJJGFGHGGHGGHGGIJDGIJHHGGGHIH
@SRR1515276.3 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530 length=51
CAGGACATCGCCTTTGATCGGTTTCAGACTTCGGACCAACCTGCATTTTCAG
+SRR1515276.3 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530 length=51
CCCFDFDFAFHFHFIJGHIJJIJJJJEHIIJGHIFEHIIA@FIFHGGIIGI
```

リファレンス配列へのマッピング

クオリティチェック  
アダプター除去

フォーマット（マッピング結果）

chr	RefSeq	start_codon	190	192	1.000	+	.	gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr	RefSeq	CDS	190	252	1.000	+	0	gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr	RefSeq	stop_codon	253	255	1.000	+	.	gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr	RefSeq	exon	190	255	1.000	+	.	gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";

```
@HD VN:1.0 SO:unsorted
@SQ SN:chr LN:4639675
@PG ID:bowtie2 PN:bowtie2 VN:2.2.4 CL:"/bio/bin/bowtie2-align
SRR1515276.40 0 chr 4423609 42 51M * 0 0 GGAATTCCTCACTGCCA
SRR1515276.158 16 chr 501700 42 51M * 0 0 ACGCACCGAGTGCAAAG
SRR1515276.212 4 * 0 0 * * 0 0 GGCCGCTTTCAGCGTGT
SRR1515276.319 0 chr 2922768 42 51M * 0 0 GCTTAAGTTGATTAAGG
SRR1515276.367 16 chr 2753873 42 51M * 0 0 GCGTGTCCGTCCGCAGC
SRR1515276.411 0 chr 3440721 42 51M * 0 0 ACGGCATAATTCTTGA
SRR1515276.434 0 chr 4198737 42 51M * 0 0 GCGCGGTACGCATCTGG
```

フォーマット  
（遺伝子アノテーション）

バイナリ化

フォーマット  
（マッピング結果）