

# RNAseq データ解析手順

1. 取得したfastqに対し、fastQC [v0.12.1]を用いてリードの品質を評価しました。
2. 取得したfastqに対し、fastp [version 0.24.0]を用いてアダプター配列のトリミング、低品質リードの除去を行いました。指定しているオプションは、`-l 40 --detect_adapter_for_pe` となります。
3. hisat2 [version 2.2.1]を用いて、リファレンス配列に対し(2)のリードをマッピングしました。指定しているオプションは、`--no-mixed --no-discordant --dta` となります。
4. featureCounts [v2.0.8]を用いて、(3)で取得したマッピング結果から遺伝子へマップされたリード数をカウントしました。指定しているオプションは、`-B -C -p --countReadPairs --extraAttributes gene_name,gene_biotype` となります。
5. Stringtie [v3.0.0] を用いて、(3)で取得したマッピング結果からTPM正規化、FPKM正規化データ算出しました。指定しているオプションは、`-e` となります。
6. Multiqc [version 1.28] を用いて、fastqc、fastp、hisat2、featureCountsの結果をまとめました。指定しているオプションは、`--template simple` です。

# 解析フロー

