

# 真核株ゲノムデータ解析手順

1. Flye [v2.9.4] を用いてアセンブルを行いました。オプションは `--genome-size Xm --asm-coverage 200` です。(Xは各サンプルの推定ゲノムサイズです。)
2. seqkit [v2.6.1]を用いて、(1)で取得したアセンブリ配列から1000塩基未満のコンティグを削除しました。
3. funannotate [1.8.17]を用いて、取得したアセンブリ配列から、遺伝子領域を推定しました。指定しているオプションは `--min_training_models 1` となります。
4. QUAST [v5.2.0]を用いて、(2)で取得したアセンブリ配列のコンティグ数、全長、GC含量などを評価しました。オプションはデフォルトとなります。
5. BUSCO [v5.7.1]を用いて、取得したアセンブリ配列の完全性および汚染度を評価しました。オプションはデフォルトとなります。
6. CAT\_pack [v6.0] を用いて、取得したアセンブリ配列の生物系統情報を推定しました。指定しているオプションは、 `--only_official` となります。