

mRNA-Seq REPORT

Date. 2026. 03. 05. **Service No.** R26BJS1550

| Customer Info. 한국생명공학연구원, 손민정

| Sample Species Mouse

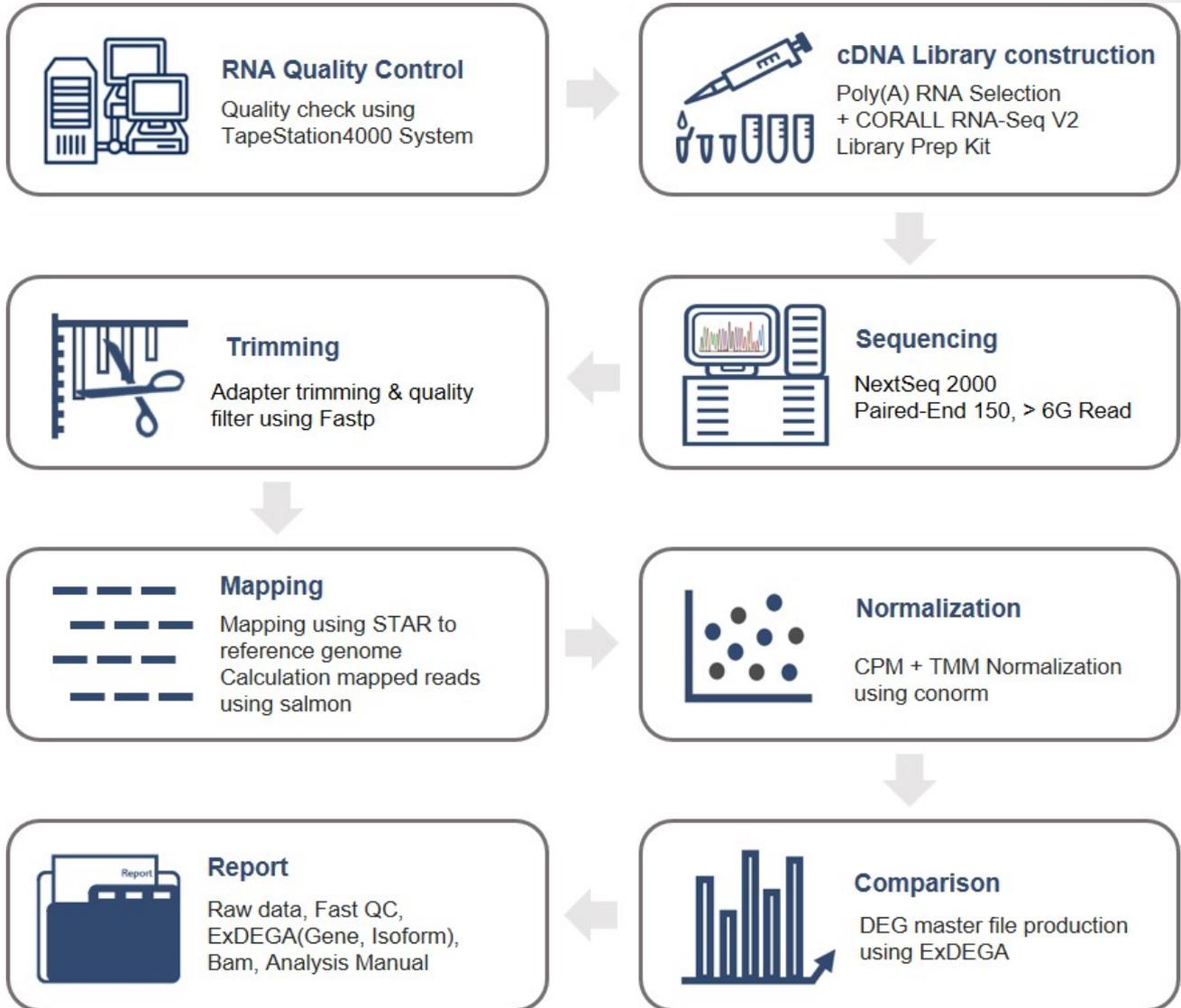
| Ref. genome GRCm39

| Genome database NCBI

Contents

- ◆ **Experiment & Analysis**
- ◆ **Sample information & Comparison**
- ◆ **Analysis Result**
- ◆ **Manual Download**
- ◆ **Result Description**
- ◆ **Notice**

Experiment & Analysis



Sample Information & Comparison

No.	Sample	Qubit		Tapestation		Result
		ng/μl	Total (μg)	Ratio (28s/18s)	RIN ^e	
1	aSR504_a	428.0	7.28	1.7	8.8	pass
2	aSR504_b	545.0	9.81	1.4	8.8	pass
3	aSR504_c	620.0	9.92	1.9	8.7	pass
4	aSR504_d	165.8	2.65	1.6	8.8	pass
5	aSR504_e	145.6	2.33	1.7	8.7	pass

■ Group Info1

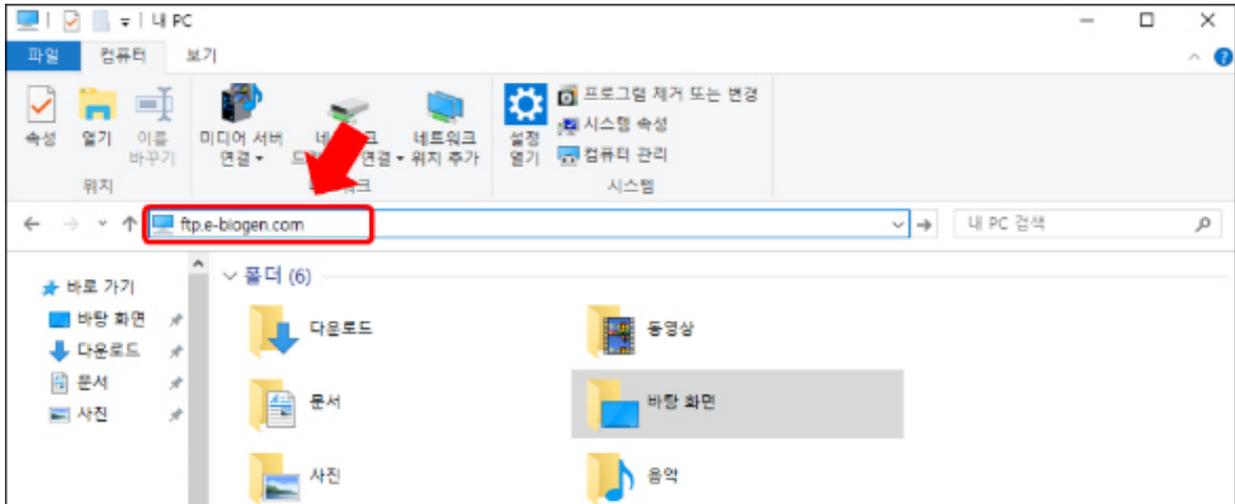
No	Sample Name	Group Name
1	aSR504_a	CTL
2	aSR504_b	CTL
3	aSR504_c	CTL
4	aSR504_d	Myf5
5	aSR504_e	Myf5

■ Comparison1

No	Control	Test
1	CTL	Myf5

Analysis Result

내 컴퓨터 폴더의 주소창에 아래 FTP 주소를 입력하여 접속하시면 파일을 쉽게 다운 받으실 수 있습니다.



FTP: <ftp://ftp.e-biogen.com>

파일을 다운로드 받으실 수 있는 ID와 PW는 아래와 같습니다.

ID : eg2408smj

PW : smj260305

Manual Download

1. [Materials & Method](#) >

RNA-seq 실험 및 분석 방법

2. [RNA-seq data analysis manual](#)

RNA-Seq Gene Expression 데이터 분석 방법 및 DEG 분석 방법에 대한 설명서

3. [IGV Manual](#)

IGV 설치 및 사용법에 대한 설명서

Result Description

1. Fastq

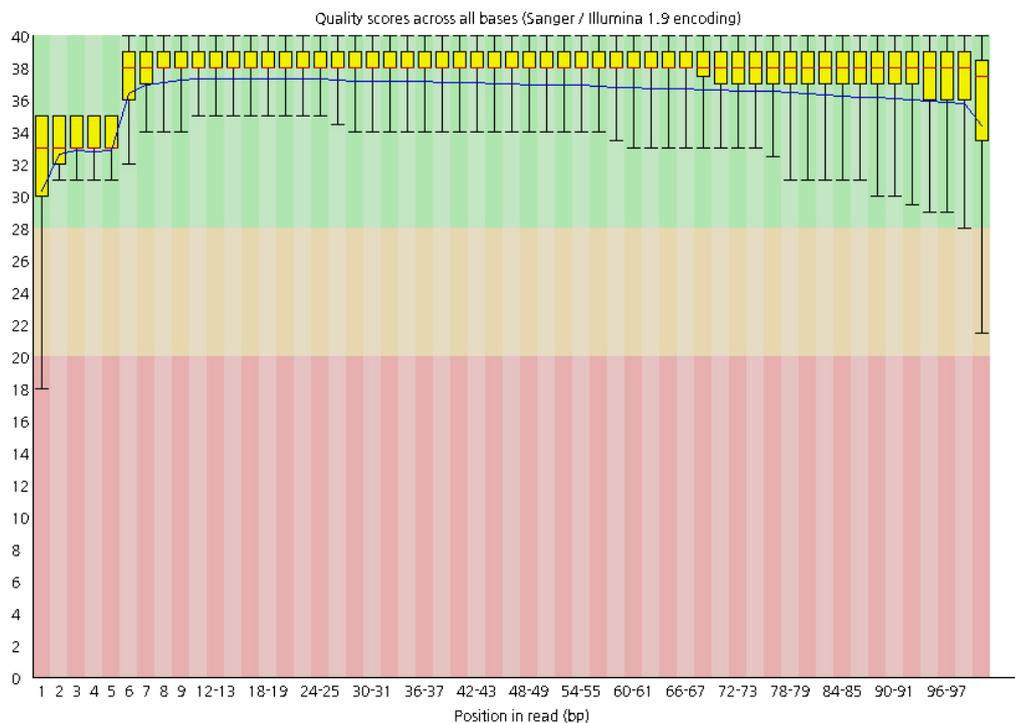
Sequencing 결과, Raw data입니다. 논문 submission시에 필요한 Raw Data 파일이므로 반드시 저장하시기 바랍니다.

2. FastQC

High throughput sequencer는 한 번 run에 수천만 개의 sequences (reads)을 생산합니다. RNA-seq 분석을 진행하기 전에 사용할 raw data가 좋은지 또는 문제는 없는지를 검토하기 위해 간단히 quality control을 진행합니다. 이 파일은 단순히 sequencer에서 생성되는 Sequencing Data (nucleotide) 자체에 대한 quality 정보를 제공합니다.

<예시>

Per base sequence quality



3. Align summary

분석 결과는 paired reads로 sequencing 하여 left reads와 right reads가 생산됩니다.

trimming된 reads 수, reference genome에 mapping된 reads 수, mapping rate 등의 정보가 정리되어 있는 파일입니다.

Input	Trimmed reads
Uniquely mapped reads rate (%)	% of uniquely mapped reads to reference genome
Multiple mapped reads rate (%)	% of reads mapped to multiple loci
Overall read mapping rate (%)	% of overall mapped reads

4. mRNA-seq_Report_Gene/Isoform

전체 genes(or isoforms)의 발현값(Read count)과 샘플 간의 비교분석 결과 파일로 ExDEGA를 이용하여 쉽게 분석하실 수 있도록 제작되었습니다. Gene은 gene 기준으로 발현값을 계산한 결과이고 isoform은 transcript 기준으로 발현값을 계산한 결과입니다.

해당 프로그램 및 DEG 분석 방법 관련하여 RNA-seq data analysis manual을 통해 확인하실 수 있습니다.

Fold change	Ratio between Control and Test (Test/Control)
p-value *	Statistical significance (T-Test)
q-value *	False Discovery Rate
One way ANOVA *	Statistical significance for differences among at least three groups
Average of normalized data (log2) *	Log2(Average of normalized data in each group)
Normalized data (log2)	Log2(TMM + CPM Normalized RC+1)
Raw data (RC)	RC (Read count) of gene or isoform
Annotation	Gene (or isoform) information

[참고] *표시의 항목은 반복 실험일 경우 제공되는 값이며, ANOVA test는 3그룹 이상일 경우 제공됩니다.

5. for IGV files

UCSC에서 제공되는 Integrative Genomics Viewer (IGV) 프로그램에서 사용할 수 있는 파일입니다. IGV에 bam 파일과 bai 파일을 넣으면 reference genome에 reads가 mapping된 결과를 이미지상으로 확인하실 수 있습니다. IGV 사용법은 IGV manual에 상세히 설명되어 있습니다.



■ Notice

본 분석결과는 타인에게 공개하지 않으며 **비밀유지**를 약속드립니다.

- 남은 **시료의 보관기간**은 샘플 접수일로부터 **6개월**이며 이후에는 폐기처분하므로 샘플을 돌려받길 원하시면 폐기일 전에 회사로 연락주시길 바랍니다.

- 분석 **데이터의 보관기간**은 결과보고일로부터 **3개월**이며 이후에는 삭제하오니 삭제일 전에 반드시 모든 데이터를 고객 컴퓨터에 저장하시길 바랍니다.

- 이바이오젠은 분석 보고 후에도 지속적인 **데이터 분석 지원**과 **논문 작성 지원** 등을 도와 드리고 있사오니 필요시 아래 연락처로 연락주시길 바랍니다.

<분석지원 연락처 : 02-3141-0791, bioinfo@e-biogen.com>