



# 快速上手PARTEK FLOW



# 1

## Demo Project

使用者想參考各類型分析的DEMO PROJECT，可以直接在首頁搜尋"DEMO"，即可找到四個DEMO PROJECT

Project name	Owner	Your role	Last modified	Size
<Demo> RNA-Seq	FPRC	Project owner	12 Dec 2023, 12:13 AM	334.32 MB
<Demo> ChIP-Seq	FPRC	Project owner	11 Dec 2023, 11:58 PM	7.63 GB
<Demo> DNA-Seq	FPRC	Project owner	11 Dec 2023, 08:29 PM	973.30 MB
<Demo> scRNA-Seq	FPRC	Project owner	11 Dec 2023, 07:19 PM	340.12 MB

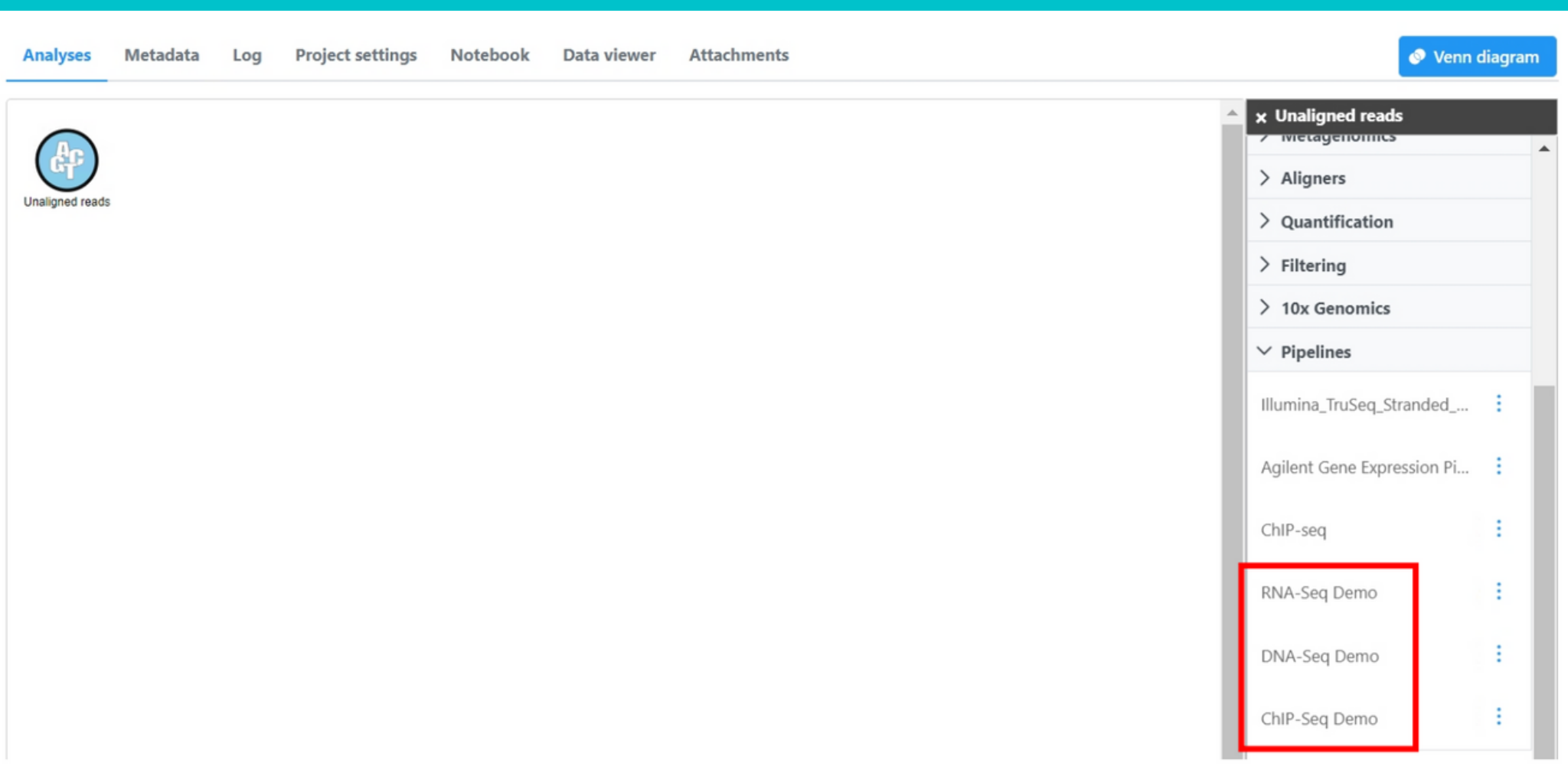
## <DNA-seq, RNA-seq, ChIP-seq>



# 2

## 直接使用pipeline

成功匯入FASTQ檔後，點選DATA NODE，接著點選右邊工具欄最下面的PIPELINES，即可找到由DEMO PROJECT建立的各個 PIPELINE。選擇 PIPELINE 後，若有TASK需要額外設定參數（如ALIGNMENT的ASSEMBLY與INDEX等），則會出現該TASK的設定頁面，全部都設定好之後就會開始分析整個流程。



# 3

## 直接使用pipeline

成功匯入H5檔後，由於SINGLE CELL QA/QC及透過QA/QC的圖來篩選細胞的步驟無法以PIPELINE的方式完成，因此須先自行完成這兩個步驟後，再選擇FILTERED CELLS的DATA NODE來跑PIPELINE。選擇PIPELINE之後，同樣需設定參數，完成後即會開始分析。



## <scRNA-seq>

