

Basepair クイックガイド
サンプルアップロード編

作成日：20250911

1. ログイン

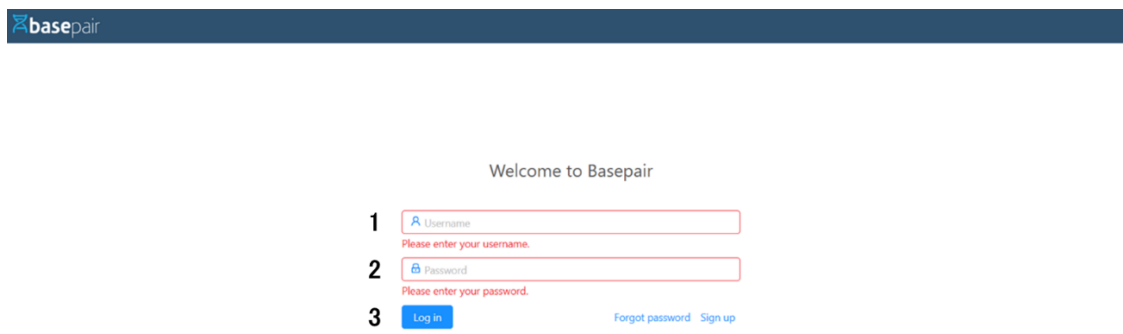


図 1：ログイン画面

1. 登録したアドレスを入力
2. 指定のパスワードを入力
3. **Log in** ボタンをクリック

2. サンプルアップロード画面選択

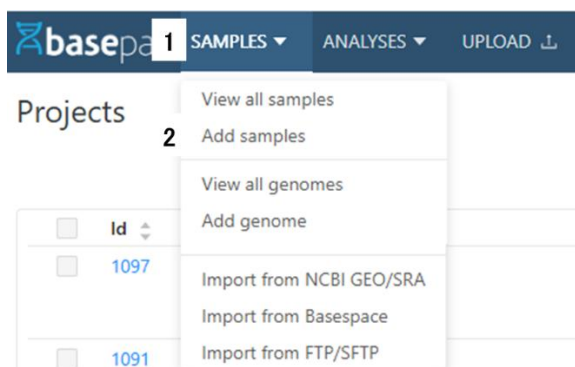


図 2：SAMPLES プルダウン選択画面

1. SAMPLES タブをクリック
2. Add samples をクリック

3. サンプルファイルの選択

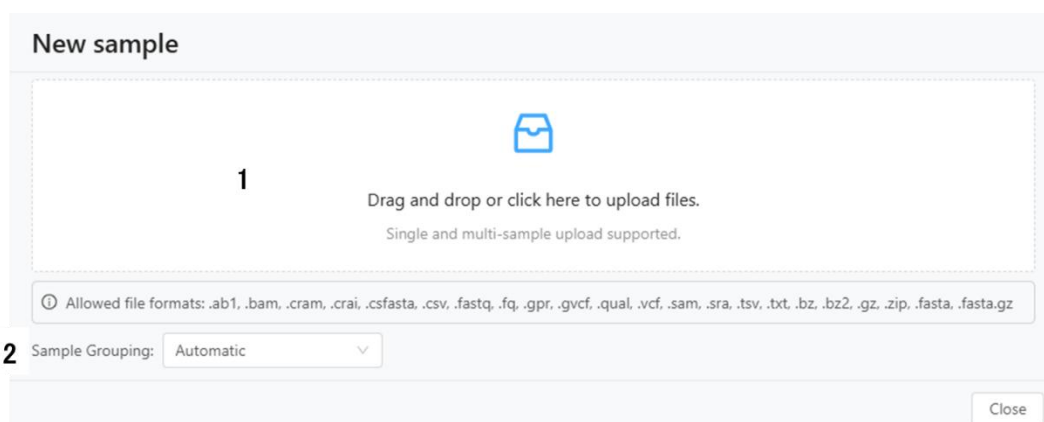


図 3 : Add samples 選択後の画面

1. サンプルファイルを枠内にドラッグアンドドロップ
または
枠内の任意の場所をクリックしてから、サンプルファイルを選択
2. ファイルの命名規則やユーザーの好みに基づいてサンプルを整理 [任意]

4. サンプルデータの設定、サンプルアップロード

The screenshot shows a web interface for uploading samples. It is divided into several sections:

- 1** **Sample name:** A text input field containing "-fq". To the right are copy and delete icons.
- Forward/Reverse:** Two sections, each with a dropdown arrow and a file upload icon. The Forward section shows "_R1.fq.gz" and the Reverse section shows "_R2.fq.gz".
- 2** **Project:** A dropdown menu with the text "'s Project".
- Tags:** A section with a "+ Add Tag" button.
- 3** **Select metadata for all samples:** A section containing several dropdown menus:
 - 4** **Platform:** Set to "CompleteGenomics".
 - 5** **Data type:** Set to "RNA-Seq".
 - 6** **Stranded (optional):** Set to "None / Don't Know".
 - 7** **Spike in (optional):** Set to "None".
 - 8** **Genome:** Set to "GRCh38".
 - 9** **Pipeline (optional):** An empty dropdown menu.
- 10** **Upload samples:** A blue button. To its right are "Reset form" and "Cancel upload" buttons.

A "Close" button is located at the bottom right of the interface.

図 4：サンプル選択後の画面

1. サンプル名を入力
2. プロジェクトを選択（デフォルトで自分のプロジェクトが選択済み）
3. ユーザーがサンプルにラベルを付けて分類するためのカスタムタグを追加 [任意]
4. シーケンスプラットフォーム（NGS メーカー）を選択
5. データタイプ（解析の種類）を選択
6. データが鎖状であるかを入力 [任意]
7. 使用したスパイクインコントロールを入力 [任意]
8. リファレンスゲノムを選択
9. 処理するパイプラインを入力 [任意]
10. **Upload samples** をクリック