

NGS アプリケーション RNA-Seq 実験ハンドブック

発現解析から ncRNA、シングルセルまであらゆる局面を網羅！

目次

序	鈴木 穰	3
概論：RNA-Seq とは何か？ 何ができるのか？	今村聖実, 鈴木絢子	10

第1章 RNA-Seq の基本

試料調製と発現解析の標準的なプロトコル.

1 Total RNA の抽出 <i>Protocol</i>	関 真秀, 今村聖実	16
2 RNA とライブラリーの定量とクオリティコントロール <i>Protocol</i>	関 真秀, 今村聖実	21
3 Stranded mRNA-Seq <i>Protocol</i>	金井昭教	29
4 RNA-Seq データのマッピング 遺伝子発現解析を例に <i>Protocol</i>	前川 翔, 鈴木絢子	38
5 miRNA を標的とした RNA-Seq RNA 免疫沈降法を中心に <i>Protocol</i>	兼松宗太郎	52
6 細胞画分からの RNA-Seq 目的に応じた RNA を解析するために <i>Protocol</i>	谷本幸介	63
7 組織サンプルの固定と RNA 抽出	山下 聡	69
8 ヒト血液検体のトランスクリプトーム解析 ゲノムコホートにおける前処理・輸送・抽出を例に <i>Protocol</i>	大桃秀樹, 古川亮平, 清水厚志	74
9 微量サンプルからの RNA-Seq <i>Protocol</i>	関 真秀	83
10 RNA-Seq 用途別シーケンサーの選び方	近藤直人	90

第2章 発展的手法

発現解析以外の発展的手法およびシングルセル解析.

1 CAGE 法を用いた転写制御領域の解析 <i>Protocol</i>	村田光義, 末木広美, 石山美樹, 吉原正仁, 伊藤昌可	98
---------------------------------------	------------------------------	----

2	転写開始点データベース DBTSS による転写制御解析	山下理宇	107
3	RNA-Seq による A-to-I RNA 編集の検出	ガリポン ジョゼフィーヌ (Josephine Galipon), 石黒 宗, 富田 勝, 程 久美子	113
4	3'-seq による選択的ポリアデニル化の網羅的な解析 <i>Protocol</i>	今町直登, 秋光信佳	119
5	リボソームプロファイリングによる細胞内翻訳反応評価 <i>Protocol</i>	秋光信佳	132
6	RNA の合成・分解を定量するシーケンス技術	前川 翔, 鈴木 穰	139
7	BRIC-Seq による網羅的な RNA 分解速度測定法 <i>Protocol</i>	秋光信佳	143
8	CLIP 法とその改良法によるタンパク質結合 RNA の高解像度解析 <i>Protocol</i>	河原行郎	149
9	シングルセル①：機器・方法編		
	C1 以外で世界的に開発されている機器・方法について	橋本真一	159
10	シングルセル②：試薬・キット編		
	改変型 SMART-Seq2 プロトコルを交えて <i>Protocol</i>	奥野浩行	166
11	シングルセル③：C1 システムのプロトコルと実施例 <i>Protocol</i>	鈴木絢子	174
12	超並列レポーターアッセイによる転写制御解析	入江拓磨	182

第3章 応用例

1	細菌叢研究における RNA-Seq		
	メタトランスクリプトームによる菌種・機能の解析 <i>Protocol</i>	恒吉桃香, 十倉充範, 大島健志朗, 須田 互	190
2	免疫研究における RNA-Seq		
	システム免疫学へのアプローチ	三野享史, 竹内 理	197
3	がん研究における RNA-Seq		
	がんのシステム異常を情報学的に俯瞰する	白石友一, 新井田厚司, 宮野 悟	204
4	神経研究における RNA-Seq		
	シングルセル RNA-Seq による新たな細胞種の発見を例に	岸 雄介	212
5	遺伝性疾患研究における RNA-Seq		
	先天異常症候群における遺伝子発現異常を例に	泉 幸佑	217
6	感染症研究における RNA-Seq		
	マラリアの宿主-病原体相互作用を例に <i>Protocol</i>	山岸潤也	222

第4章 新技術

- 1 多様なトランスクリプトーム解析技術 鈴木絢子 230
- 2 PacBio 1 分子実時間シーケンシング
ゲノム, トランスクリプトーム, エピゲノム解析への応用 森下真一 236
- 3 ナノポアシーケンサー MinION
超小型装置による RNA 解析 鈴木絢子, Lucky Runtuwene, 阿部佳澄, 鈴木 穰 242

第5章 インフォマティクスとデータベース

- 1 マイクロRNA 研究を加速するデータベース *Protocol* 木立尚孝 250
- 2 RNA 2 次構造と RNA 間相互作用の予測 浅井 潔 256
- 3 ヒトのオミクス情報を扱うデータベース
トランスクリプトームデータベース GTEx と東北メディカル・メガバンク事業を例に 山下理宇 262
- 4 FANTOM/ENCODE に関するデータベース・ウェブツール
大規模プロジェクトのデータを利用する 野口修平, 粕川雄也, Piero Carninci 268

Column

- 1 RNA-Seq のための R 教育の現状と課題 門田幸二 96
- 2 頭の痛いノンコーディング RNA 菅野純夫 188
- 3 RNA-Seq はこうして誕生した—そしてデータ再利用へ 坊農秀雅 228
- 4 NGS データ解析者の苦悩とその解決策 八谷剛史, 清水厚志 248

- 索引 277
- 執筆者一覧 281

本書内のマークについて



実験や解析の詳細な手順を含む稿の先頭には

Protocol

マークを表示しています。

各プロトコルの所要時間の目安を

所要時間
1日

のように表示しています。

また、コンピュータ上でデータ解析を行う際、「↩」マークにて示した複数行にわたるコマンドは、ひと続きのコマンドとして改行せず入力してください。



よくあるピットフォール(実験の落とし穴)と

その回避策を

Technical Tips

として紹介しています。