

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 穂	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ール.

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 聰	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用途別シークエンサーの選び方		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クエンス技術	前川 駿, 鈴木 穣	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	変形型SMART-Seq2プロトコールを交えて <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ールと実施例 <i>Protocol</i>	鈴木絹子	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 亘	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 穩 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

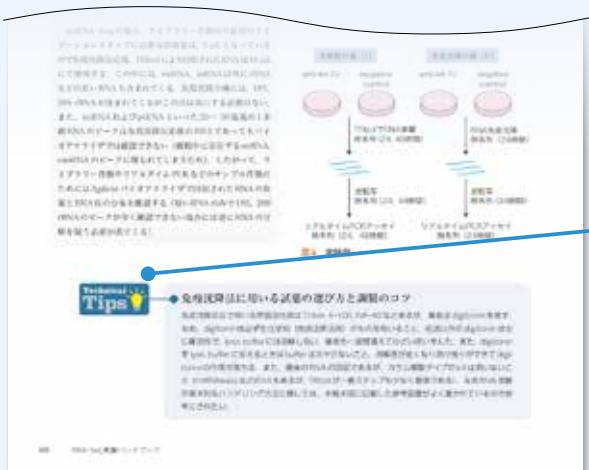
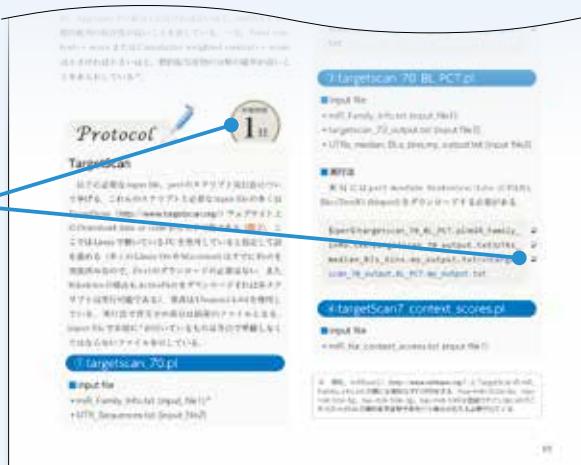
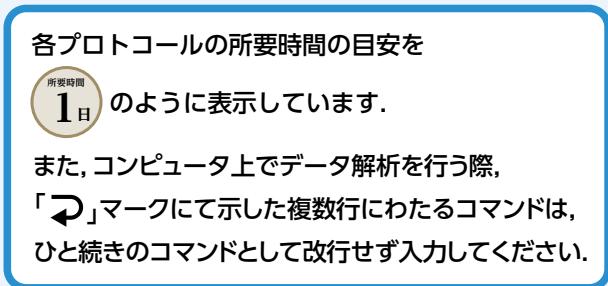
- 1 RNA-SeqのためのR教育の現状と課題** 門田幸二 96
- 2 頭の痛いノンコーディングRNA** 菅野純夫 188
- 3 RNA-Seqはこうして誕生したーそしてデータ再利用へ** 坊農秀雅 228
- 4 NGSデータ解析者の苦悩とその解決策** 八谷剛史, 清水厚志 248

- 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。



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。