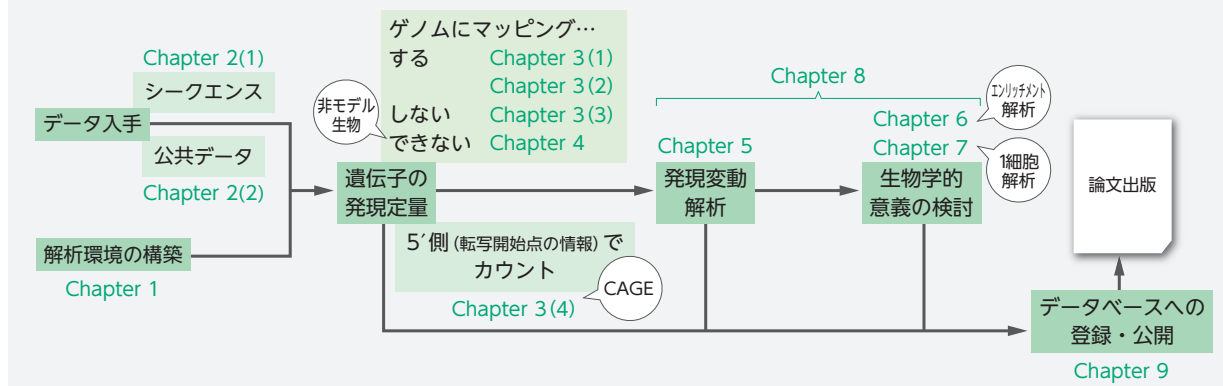


# CONTENTS

序文.....	3
著者一覧.....	4
● Annual Update と Web Supplement について .....	8

## ■ RNA-Seqでできること&ワークフロー(本書関連Chapterをあわせて記載)



<b>Chapter 1</b>	<b>まずはこれだけ! 解析環境を整える .....</b>	<b>10</b>
	Mac + Bioconda を中心に	
	執筆 安水良明	

<b>Chapter 2</b>	<b>データを入手する .....</b>	<b>28</b>
	<b>(1) RNA-Seq の注意点 .....</b>	<b>28</b>
	外注時のリード数, 小分子・長分子での違いなど	
	執筆 木本舞	
	<b>COLUMN RNA-Seq vs マイクロアレイ .....</b>	<b>39</b>
	執筆 石井善幸	
	<b>(2) 公共データの利用 .....</b>	<b>42</b>
	AOE と RefEx, SRA データ取得, メタ解析	
	執筆 坊農秀雅	

## 転写産物の発現を定量する ..... 53

## (1) リファレンスゲノムにマッピングする方法① ..... 53

HISAT2 + StringTie

執筆 安藤美波, 粕川雄也

## (2) リファレンスゲノムにマッピングする方法② ..... 66

STAR + RSEM

執筆 上樂明也

## COLUMN Strand NGS ..... 84

RNA-Seq データを GUI で解析する

執筆 田中英夫

## (3) リファレンスゲノムにマッピングしない方法 ..... 87

salmon, kallisto, tximport

🔍 RNA-Seq 定量にまつわる FAQ

執筆 露崎弘毅

## (4) 転写開始点を解析する方法 ..... 104

CAGE

執筆 森岡勝樹

## COLUMN 各種ツールの実行時間比較 ..... 118

執筆 丹下正一郎

リファレンスゲノムのない生物で *de novo* 解析を行う ..... 122

執筆 横井翔

## 発現変動遺伝子群を検出する ..... 137

執筆 門田幸二

Chapter  
**6**

**サンプル間の発現変動した遺伝子群の機能を推定する ... 153**  
エンリッチメント解析

執筆 仲里猛留

**COLUMN** Ingenuity Pathway Analysis ..... 167

発現プロファイルの生物学的意義を GUI で解析する

執筆 Stuart Tugendreich, Jean-Noel Billaud

訳 國田竜太

**COLUMN** アノテーション情報と ID 変換 ..... 171

Gene Ontology, BioMart, Spotfire

執筆 坊農秀雅

Chapter  
**7**

**多数のサンプル間の類似度を比較する ..... 173**  
1 細胞 RNA-Seq の場合

**(1) 次元削減と可視化 ..... 173**

執筆 佐藤建太, 二階堂愛

**(2) 類似度の計算とクラスタリング ..... 189**

執筆 佐藤建太, 二階堂愛

**COLUMN** 1 細胞 RNA-Seq 解析の動向 ..... 204

執筆 佐藤建太, 二階堂愛

Chapter  
**8**

**リードカウント以降の統合解析をウェブブラウザで行う ... 207**  
iDEP

執筆 上坂一馬

Chapter  
**9**

**論文投稿に必須！ データを登録・公開する ..... 228**  
DRA, GEA

執筆 児玉悠一

**COLUMN** 解析結果を論文発表する際にはここに気をつけよう ..... 245

執筆 坊農秀雅