

序 (本書の編集方針)

RNA-Seqは高値の花でなくなった。1サンプル数万円の現実的な価格となり、その結果、1ファイルあたり数GBの塩基配列情報が簡単に得られるようになっていく。しかし、塩基配列情報をどういったツールを使って定量し、発現量としたらよいのか？ なんとか定量できたとしても、それをどう料理して図や表として可視化すればよいのか？ 論文発表する際の味付けはどうしたらよいのか？ 何かいいスパイスはないものか？ 手法が新しいだけに確立した方法に乏しく、悩みは尽きない。確かに、インターネット検索すればいろいろと情報は出てくる。しかしながら、そのうちのどれを信じて使ったらよいのかよくわからないのが正直なところだろう。生命科学データ解析業界は改廃が激しく、現時点で検索して探し当てたレシピでちゃんと動くのだろうか？ また、なんとか動いたとしてもそれが一番よく使われている解析方法なのか、もっと良い料理方法があるのではないか？ そこで、そのような悩みに応えるためにRNA-Seqデータ解析のレシピとなる本を作ろうと画策した。

本書では、次世代シーケンサー (NGS) からの配列解析全般を解説する類書とは一線を画し、多くの研究で頻繁に用いられるようになった配列解読による発現定量手法であるRNA-Seqだけに的を絞った。インターネット上に多くのコンテンツを発信している第一線のバイオインフォマティクス研究者のみならず業界関係者にお願ひし、コマンドラインの定番ツールはもちろん、有用なウェブツールや商用アプリケーションにいたるまで紹介した。それに加えて、データ解析の前段階として、データ解析環境を準備したり、配列解読を外注したり、公共データベースからデータを入手するところも省略せずに、RNA-Seqに関わるさまざまなステージで問題となるであろう部分について解説している。データ解析が終わって論文投稿する際に必要なSequence Read Archive (SRA) へのデータ登録に関しても、実際に登録受付業務を行なっている国立遺伝学研究所 DNA Data Bank of Japan (DDBJ) の担当者に執筆いただいている。例えるなら、RNA-Seqや周辺技術のエキスパートたちに最新のデータ料理方法や調理器具、果てはオリジナルスパイスにいたるまで、深く解説してもらったということになるのだろう。

本書をベースにアレンジを加えて、皆さまが自分なりのRNA-Seqデータ解析ワークフローを築き上げ、RNA-Seqデータ解析の達人になられることを心待ちにしています。

2019年11月 ようやく秋らしくなってきた三島にて
坊農秀雅

本書のTwitterのハッシュタグは
#RNAseqRecipe