

## 序 (本書の編集方針について)

---

2021年の今、メタゲノム解析が注目されている。今まで検出できなかった細菌を含めて、細菌叢を構成する細菌を根こそぎ DNA 配列解読するメタゲノム解析は、ヒト腸内細菌をはじめとして、さまざまなサンプルに対してその測定が行われている。かつては微生物を単離、培養した後にゲノム配列解読、そしてデータ解析というステップを踏んでいたのが、DNA 配列解読技術の劇的な進歩により、それらが混ざったまま配列解読することが可能となったおかげである。それゆえに、その後のデータ解析が重要となっており、その需要は非常に高い。

しかしながら、そのデータ解析は、原理的には理解できたとしても、実際にはどうやったらいいのかわかり知られていない。メタゲノム解析を外注したものの、こういったデータ解析がなされているのか、得た結果をどう解釈したらよいかわからないためにその先に進めない状況も起こっているようである。

そこで、『RNA-Seqデータ解析 WETラボのための鉄板レシピ』や『バリエーションデータ検索&活用 変異・多型情報を使いこなす達人レシピ』（ともに坊農秀雅／編、羊土社）として出版した RNA-Seq やバリエーションデータ解析と同様、メタゲノムのデータ解析と結果の解釈を指南するデータ解析レシピ本があると便利だろうと、思い立った。メタゲノムデータ解析の達人たちに、実際に手許でデータ解析が再現できるレシピを公開してもらい、その手順をページ数の許す限り詳細に解説してもらった。特にメタゲノムデータ解析においてよく使われる QIIME 2 を用いた 16S rRNA のアンプリコンシーケンスによる細菌叢解析に関しては、そのエキスパートである東京農業大学の志波先生にご尽力いただき、40 ページに及ぶ詳細な解説を作成していただいた。また、Oxford Nanopore Technologies 社の MinION を使って完全長の 16S RNA を解読しそれをデータ解析する技術をもつ東海大学・関西医科大学のグループに解析プロトコルを公開していただき、詳細に解説してもらった。メタゲノムアセンブリやアノテーションについても、誰でも利用可能な凄技レシピが充実している。

2020年、自身が DBCLS から大学の教員に転職し実際に学生に教えることが日常的となった今、以前よりも増して前職時代にまとめた RNA-Seq データ解析をはじめとした各種データ解析レシピ本の有用さを日々感じている。本書もメタゲノムデータ解析のレシピ本として多くの研究者に活用されることを確信している。

2021年11月 酒都西条にて

坊農秀雅

本書の Twitter のハッシュタグは  
[#MetaGenomeRecipe](#)