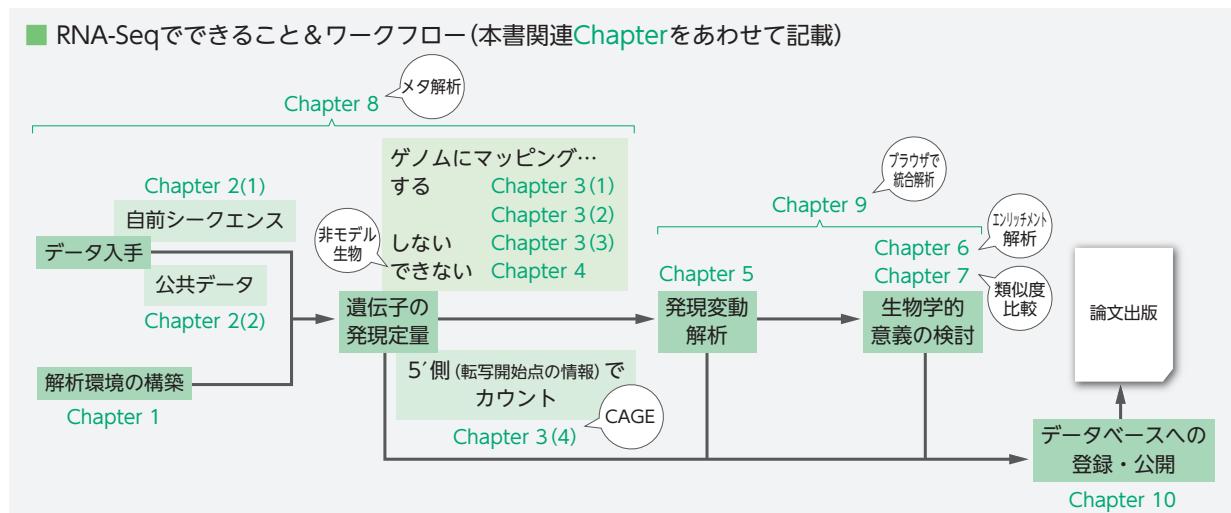


CONTENTS

改訂の序（本書の改訂方針）	3
序（本書の編集方針）	4
著者一覧	5
Annual Update と Web Supplement について	10



Chapter 1 まずはこれだけ！ 解析環境を整える 12
執筆 坊農秀雅

Chapter 2 データを入手する 25

(1) RNA-Seq の注意点 25

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, 岡田 宅

COLUMN RNA-Seq vs マイクロアレイ 36

執筆 石井善幸

(2) 公共データの利用	39
SRA からのデータ取得	
執筆 坊農秀雅	

Chapter

3

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 飯田渉太, 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

(3) リファレンスゲノムにマッピングしない方法.....	86
-------------------------------	----

salmon, kallisto, tximport

執筆 露崎弘毅

COLUMN RNA-Seq 定量にまつわる FAQ	97
----------------------------------	----

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	124
---------------------------	-----

執筆 丹下正一朗

Chapter

4

リファレンスゲノムのない生物で *de novo* 解析を行う 128

アセンブリからアノテーションまで

執筆 横井 翔

COLUMN 非モデル生物における機能アノテーション	146
----------------------------------	-----

執筆 野津 了, 坊農秀雅

Chapter

5

発現変動遺伝子群を検出する 150

執筆 門田幸二

Chapter

6

サンプル間で発現変動した遺伝子群の機能を推定する... 165

エンリッチメント解析

執筆 田村啓太

COLUMN シングルセルクラスターの生物学的意義を GUI で解釈する 183

QIAGEN Ingenuity Pathways Analysis

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 188

Gene Ontology, BioMart, Spotfire

執筆 坊農秀雅

Chapter

7

サンプル間の類似度を比較する 191

(1) 階層クラスタリング 191

執筆 横井 翔, 坊農秀雅

(2) 主成分分析 (PCA) 206

執筆 和泉隆誠, 横井 翔

COLUMN バルク解析とシングルセル解析 217

執筆 中山 淳, 山本雄介

Chapter

8

公共データから興味あるデータを抽出, 発現変動遺伝子群を検出する (メタ解析) 221

(1) ikra を使ったヒトやマウスの RNA-Seq データメタ解析 221

執筆 鈴木貴之, 坊農秀雅

(2) 非モデル生物の生物種間比較によるトランスクriプトームの
メタ解析 236

執筆 梅 浩平

COLUMN ビブリオームを活用したマルチオミックス解析 249

執筆 小野擁子

Chapter

9

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 ... 254

iDEP — ノーコードで RNA-Seq 下流解析

執筆 安水良明

COLUMN RNA-Seq でのリード数はどれぐらい? 274

執筆 坊農秀雅

Chapter

10

論文投稿に必須! データを登録・公開する 276

DRA, DDBJ, 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 291

執筆 坊農秀雅

索引 294