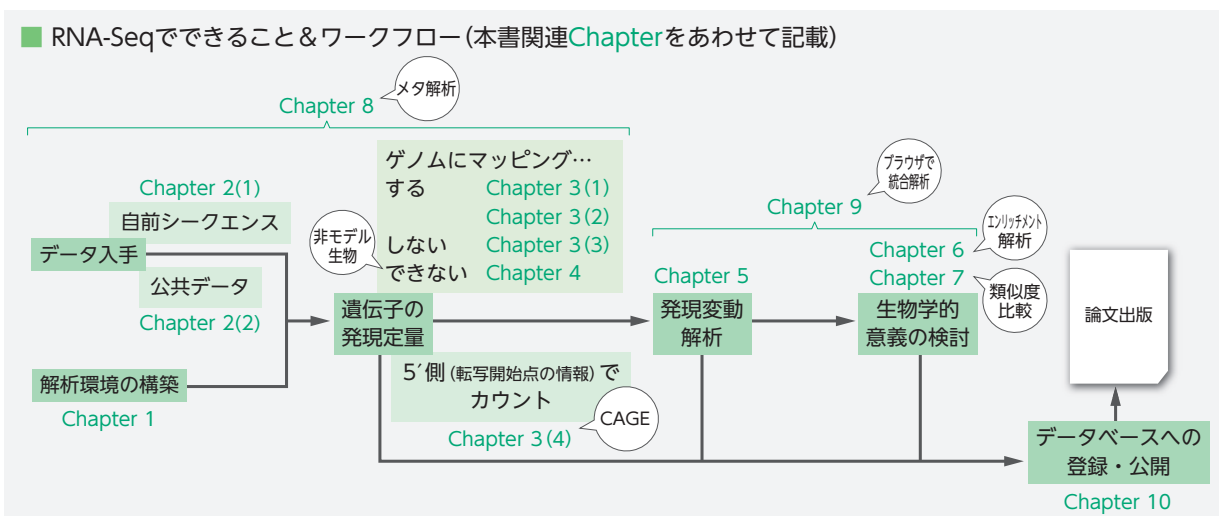


CONTENTS

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

データを手にする 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 宰

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 飯田溪太, 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 丹下正一郎	

Chapter

4

リファレンスゲノムのない生物で <i>de novo</i> 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リプトームの 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
----------	-----