

# 目 次

<b>第1章 序 論</b>	<b>1</b>
1.1 はじめに	1
1.2 マイクロアレイ	3
1.2.1 原理 (Affymetrix 3' 発現アレイ)	3
1.2.2 最近の知見	5
1.3 RNA-seq	8
1.3.1 原 理	8
1.3.2 ファイル形式 (FASTQ)	10
1.3.3 公共データベースからのデータ取得	12
1.3.4 ファイルサイズと PC 環境	16
1.3.5 アセンブル (転写物全長配列の再構築)	18
1.3.6 マッピング	22
1.3.7 カウントデータ	25
1.4 R および各種パッケージのインストール	27
1.5 本書の構成	31
<b>第2章 データ取得</b>	<b>35</b>
2.1 はじめに	35
2.2 マイクロアレイ	36
2.2.1 生データ (プローブレベルデータ) 取得	36
2.2.2 データの正規化 (基礎)	38
2.2.3 データの正規化 (計算例)	45
2.2.4 データの正規化 (その他)	62
2.2.5 アノテーション情報	70
2.3 RNA-seq	71
2.3.1 RNA-seq データ (FASTQ ファイル)	71
2.3.2 リファレンス配列	73
2.3.3 アノテーション情報	78

## viii 目次

2.3.4	マッピング (準備)	81
2.3.5	マッピング (本番)	86
2.3.6	カウントデータ取得	90
<b>第3章</b>	<b>データ解析 (基礎)</b>	<b>98</b>
3.1	はじめに	98
3.2	マイクロアレイ	98
3.2.1	クラスタリング (データ変換や距離の定義など)	98
3.2.2	実験デザイン, データ分布, 統計解析との関係	107
3.2.3	多重比較問題	111
3.2.4	各種プロット (M-A plot や平均-分散プロットなど)	121
3.3	RNA-seq	129
3.3.1	解析目的別留意点	129
3.3.2	データの正規化 (基礎編)	132
3.3.3	クラスタリング	137
3.3.4	各種プロット	145
<b>第4章</b>	<b>データ解析 (応用)</b>	<b>166</b>
4.1	はじめに	166
4.2	マイクロアレイ	167
4.2.1	2群間比較	167
4.2.2	他の実験デザイン (paired, multi-factor, 3群間)	173
4.2.3	多群間比較 (特異的発現パターン)	182
4.3	RNA-seq	188
4.3.1	シミュレーションデータ (負の二項分布)	188
4.3.2	データの正規化 (応用編)	196
4.3.3	2群間比較	201
4.3.4	他の実験デザイン (3群間)	209
	<b>参考文献</b>	<b>215</b>
	<b>索引</b>	<b>223</b>