

RNA-seq 入門

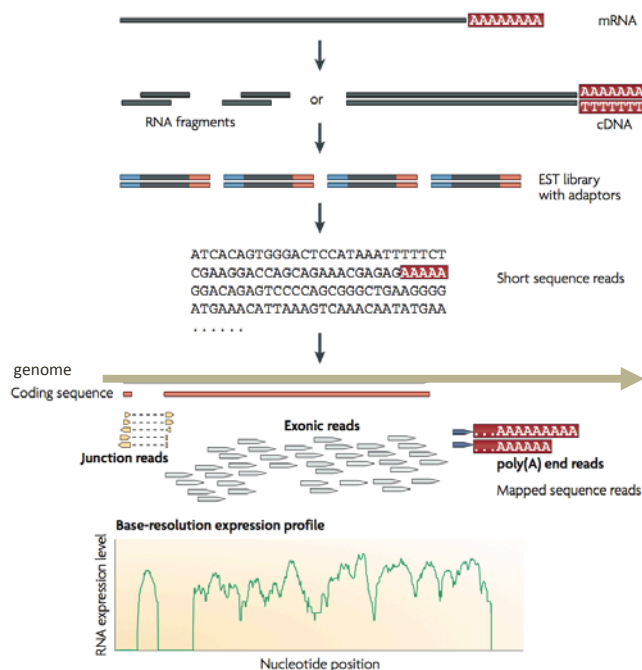
～概論～

September 9-11, 2015 in NIBB (Okazaki)

重信秀治 / Shuji Shigenobu

RNA-seq

RNA-seq is a revolutionary tool for *transcriptomics* using deep-sequencing technologies.



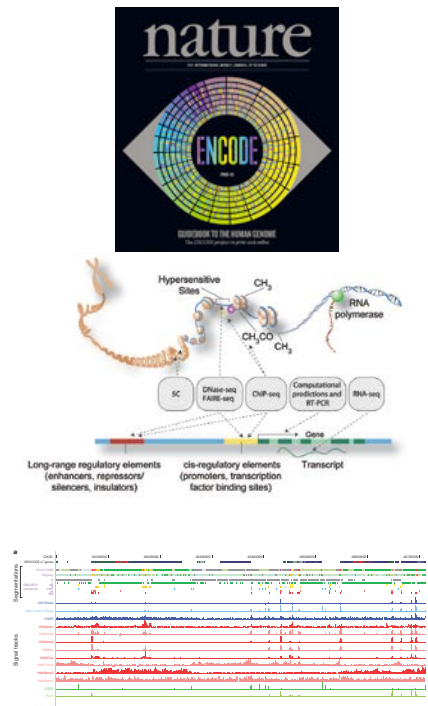
(Wang 2009 with modifications)

RNA-seq is unraveling complexities of eukaryotic transcriptomes in model and non-model organisms

- Gene expression analysis
- Novel gene discovery (model org.)
 - Coding and non-coding genes
- Gene cataloguing (non-model org.)
- Anti-sense transcripts
- RNA editing
- Novel splicing variants & fusion genes
- Allele-specific expression

Beyond transcriptome

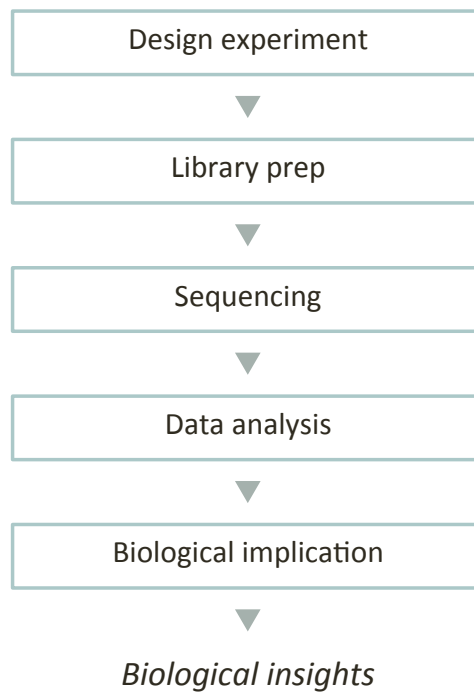
- DB for proteome analysis
- SNP finding
- *and more ...*



Two major goals of RNA-seq

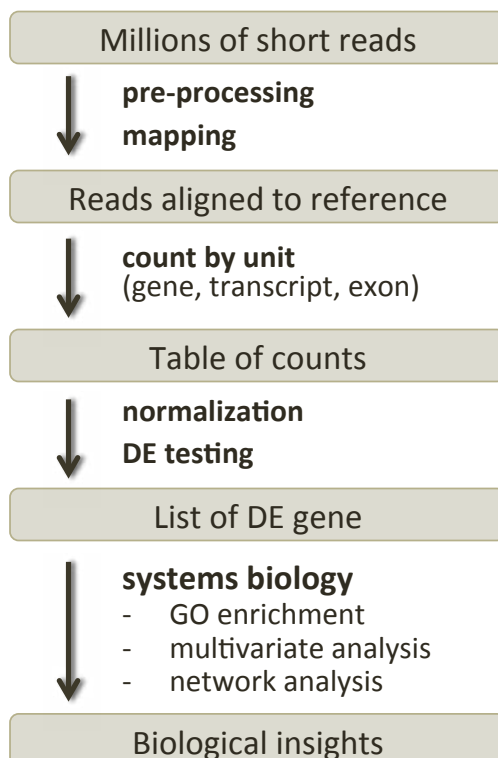
- Gene cataloguing
- Gene expression analysis

General workflow of NGS studies



RNA-seq analysis pipeline for DE

Differential Expression analysis



解析ツールの現状: RNA-seq

- 全てのプロセスをこなせる万能ツールはない。
- それぞれのステップに特化したツール群が次々に登場している。

基本戦略

- 各ステップに最適なツールをチョイス、組み合わせた、解析パイプラインの構築。

Pipeline

- 本コースで学ぶオススメの2つのパイプライン
 - Genome-based: TopHat/Cufflinks
 - Transcriptome-based: Trinity/Bowtie/eXpress/edgeR

Biologist が身に付けるべき 4つの informatics skills for RNA-seq

- 業界標準のツールとフォーマット
- UNIXの基礎
- 統計的な考え方と技術
- 初級のprogramming

勉強法

- コマンドやプログラムは自分で試してみる。
- スクリプトやコマンドはcopy & pasteでなくタイピングすること。
(熊楠メソッド)
- 気軽に質問する。
- その一方で、ヘルプやマニュアルドキュメントを活用すること。
- わからないことがあったら、隣や前後の受講生にもきいてみましょう。
- この3日間のトレーニングコースはあくまでも出発点であると認識し、学習を継続する。
- 良いツールを選んだら、とことんまで使い倒し、すみずみまで熟知する。
- 良い教科書を選ぶ。そしてその1冊を読みこむ。
- 新しい情報やネットにあふれる情報に翻弄されない。
- 学んだことを同僚に教える。
- 自分の研究との接点を常に意識する。自分の研究に応用する。データをあらゆる角度から解析し味わい尽くす。
- ゴールは何か？問うべきBiological questionを忘れない。

Support

- サポート Wiki


<https://github.com/nibb-gitc/gitc2015a-rnaseq/wiki>

講義や演習の補足情報を提供します。

コース終了後もフォローアップページとして存続します。

- USB disk

講義資料および、講義や演習に使ったデータが保存してあります。持ち帰って、復習に活用下さい。

 shige@nibb.ac.jp