

# RNA-seq 入門

## NGS の基礎から de novo 解析まで 準備編・実践編

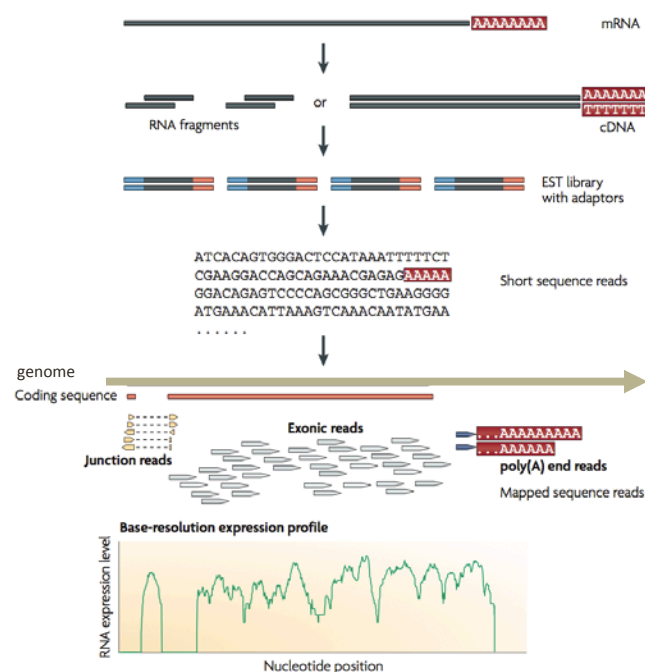
March 9-10, 2017 @ NIBB (Okazaki)

重信秀治 / Shuji Shigenobu

- サポート Wiki

<https://github.com/nibb-gitc/gitc2017mar-rnaseq/wiki>

## RNA-seq



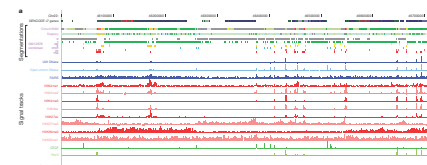
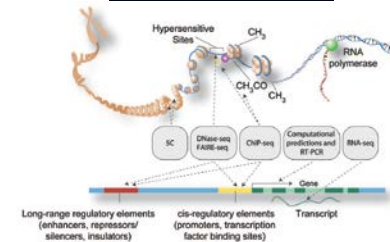
(Wang 2009 with modifications)

# 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 ...*

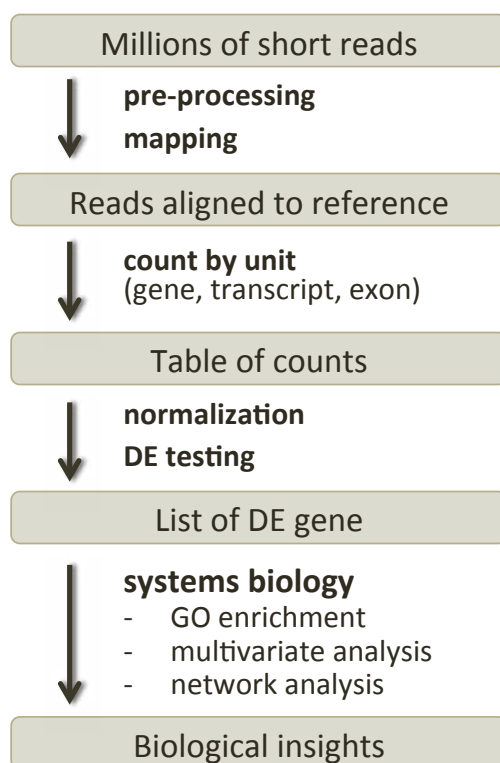


## Two major goals

- Gene cataloguing
- Gene expression analysis

# 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 6つの informatics スキル

- 初級) UNIXの基礎
- 初級) 統計的な考え方と技術
- 初級) 業界標準のツール
- 初級) データ可視化
- 中級) 初歩的なプログラミング
- 中級) データベース