

# RNA-seq 入門

NGS の基礎から de novo 解析まで  
準備編・実践編

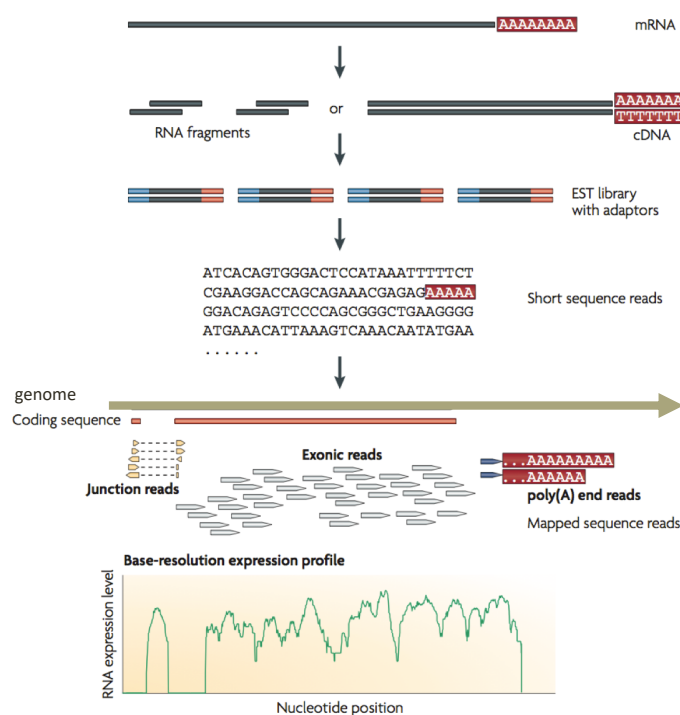
## Overview

March 8-9, 2018 @ NIBB (Okazaki)

重信秀治 / Shuji Shigenobu

- サポートWiki  
<https://github.com/nibb-gitc/gitc2018mar-rnaseq/wiki>

## RNA-seq



(Wang 2009 with modifications)

# Two major goals

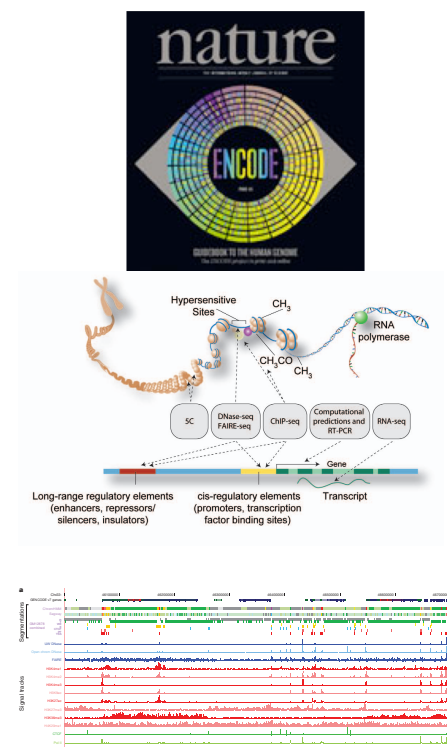
- Gene cataloguing
- Gene expression analysis

## 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

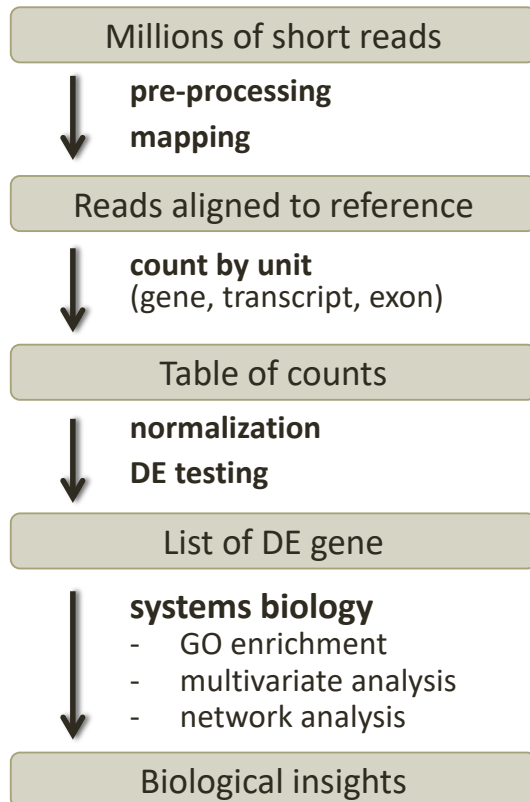
### Beyond transcriptome

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



# 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
  - Transcriptome-based: Bowtie/eXpress/edgeR
  - Genome-based: HISAT2/StringTie/edgeR