

別冊

実験医学別冊 2019年12月発行予定

データサイエンス・レシピ RNA-Seqデータ解析

(仮題)

編集／坊農秀雅 (ライフサイエンス統合データベースセンター)

関連キーワード・技術

- ◆ NGS ◆ 発現解析 ◆ インフォマティクス ◆ シークエンス外注
- ◆ クラウドコンピューティング

NGSの普及、公共データベースの整備が進み、医学・生命科学研究では「大量のデータを上手くハンドルできるかどうか」がインパクトあるpublicationを左右する状況になりました。一方で、データ解析を担う専門人材は慢性的に不足しており、これまでwet解析しか行ってこなかった研究者が、基本的なdry解析は自力でこなさなければならない時代になっております。そのような場面で求められているのは、体系的・積み上げ式のテキストではなく、実践的・目的志向のリファレンスです。NGSのアプリケーションのなかでもRNA-seqは、アレイを置き換える発現解析の必須ツールとして、さらに細胞の状態を計測する新たなメソッドロジーとして、多くの研究者が取り組むと同時に頭を悩ませるポイントになっています。そこで本企画は、誰でも美味しい料理がつかれる「レシピ」になぞらえ、RNA-seqデータの解析法をこれまでにない解りやすさで解説することを目指します。多くの読者が期待される本書に、ぜひ広告の形で解析環境の選択肢をご紹介いただければ幸いです。

本書へのご出稿のポイント

- 基礎科学研究から疾患研究まで幅広い読者対象
- 需要の高い解析に項目を絞った丁寧な解説
- 第42回分子生物学会年会（12/3～6）で新刊販売

広告料金表

ページ広告

掲載面	刷色	スペース	掲載料金
後付	4色	1P	150,000
	4色 (ブリード)	1P	165,000
	1色	1P	90,000
	1色	1/2P	55,000
	記事広告※ (4色)	2P	380,000

※写真修正・図案・版下・製版等は実費をいただきます
 ※価格には、消費税は含まれておりません
 ※ご掲載の頁をご指定される場合は、一割増の料金を申し受けます
 ※中付図 各掲載の頁をご指定される場合、各箇所につき1頁まで
 ※記事広告：掲載料300,000円＋編集費80,000円。写真撮影・取材等が伴う場合には実費をいただきます

発行概要

- 発行日 2019年 11～12月 予定
- 広告申込概要 (AB判オフセット印刷)
 申込締切日 2019年 10月 15日 (火)
 原稿締切日 2019年 10月 21日 (月)

※日程は変更になる場合がございます
 ※広告の掲載内容を確認させていただく場合がございます

本書はAB判 (天地 257mm × 左右 210 mm) にて発行いたします

【モノクロ広告】データ※またはポジフィルム (膜面：下 133線)

1頁……天地 220 mm × 左右 180 mm
 1/2頁……天地 105 mm × 左右 180 mm

【カラー広告】データ※または4色分解ポジフィルム (膜面：下 175線)

1頁……天地 220 mm × 左右 180 mm
 ブリード版……天地 257 mm × 左右 210 mm

記事広告

記事広告は貴社でご用意いただいた執筆原稿をもとに編集部にて製作します。お申込後、詳細な執筆要項をお送りします。詳細はお問い合わせください。

※ 入稿形式 (データの場合) : Adobe illustrator

使用したOSとソフトのバージョンをご明記ください。
 また、データは必ずアウトライン化してください。

【発行元】

株式会社 羊土社
 〒101-0052
 東京都千代田区
 神田小川町2-5-1
 TEL: 03-5282-1211
 FAX: 03-5282-1212
 URL:
 www.yodosha.co.jp/

【広告総代理店】

株式会社 エー・イー企画
 〒101-0003
 東京都千代田区
 一ツ橋2-4-4
 一ツ橋別館4F
 TEL: 03-3230-2744
 FAX: 03-3230-2479
 E-mail:
 adinfo@aeplan.co.jp

広告掲載申込書

年 月 日

下記の通り、「RNA-Seqデータ解析 (仮)」に広告掲載致します。

貴社名 : _____ TEL : _____ FAX : _____

所在地 : 〒 _____

担当者名 : _____ 所属 : _____ E-mail : _____

掲載場所 : _____ 頁 / 枚 掲載料金 : _____

支払方法 : _____ 支払日 : _____



章 立 て

序(本書の編集方針について)	坊農秀雅 (DBCLS)
Chapter 1 まずはこれだけ! 解析環境を整える — Mac を例に + Bioconda	安水良明 (大阪大学医学部)
Chapter 2 データを入手する	
(1)RNA-Seq の注意点 — 外注時のリード数、小分子・長分子での違いなど	木本 舞 (北海道システムサイエンス)
[コラム]RNA-seq vs microarray	石井善幸 (アジレント・テクノロジー)
(2)公共データの利用 — AOE と RefEx、SRA データ取得、メタ解析	坊農秀雅 (DBCLS)
Chapter 3 転写産物の発現を定量する	
(1)リファレンスゲノムにマッピングする方法① — HISAT2 + StringTie	粕川雄也 (理化学研究所 IMS)
リファレンスゲノムにマッピングする方法② — STAR + RSEM	上樂明也 (農業・食品産業技術総合研究機構)
[コラム]Strand NGS	田中英夫 (トミーデジタルバイオロジー)
(2)リファレンスゲノムにマッピングしない方法 — salmon、kallisto、tximport	露崎弘毅 (理化学研究所 BDR)
(3)転写開始点も解析する方法 — CAGE	森岡勝樹 (理化学研究所 IMS)
[コラム]各種ツールの実行時間比較	丹下正一郎 (札幌医科大学医学部附属フロンティア医学研究所)
Chapter 4 リファレンスゲノムのない生物で de novo 解析を行う	横井 翔 (農業・食品産業技術総合研究機構)
Chapter 5 発現変動遺伝子群を検出する	門田幸二 (東京大学大学院農学生命科学研究科)
Chapter 6 サンプル間の発現変動した遺伝子群の機能を推定する — エンリッチメント解析	仲里猛留 (DBCLS)
[コラム]Ingenuity Pathways Analysis	國田竜太 (キアゲン)
[コラム]アノテーション情報と ID 変換 — Gene Ontology、BioMart、Spotfire	坊農秀雅 (DBCLS)
Chapter 7 サンプルを分類・推定する — 1 細胞解析を例に	二階堂 愛 (理化学研究所 BDR)
(1)データの次元削減と可視化	
(2)類似度の計算とクラスタリング	
[コラム]1 細胞 RNA-seq 解析の動向	
Chapter 8 統合解析 — iDEP(http://kazumaxneo.hatenablog.com/entry/2018/12/29/153838)	上坂一馬 (名古屋大学大学院生命農学研究科)
Chapter 9 データの登録・公開 — DRA、GEA ... 児玉悠一 (国立遺伝学研究所生命情報・DBJ センター)	
[コラム]解析結果を論文発表する際にはここに気をつけよう	坊農秀雅 (DBCLS)