

# RNAシーケンスデータ解析の概要

## 特徴

RNAシーケンスデータ解析の一般的なフロー、RNAシーケンスデータ解析により得られる情報、注意点について概要をご説明します。

### RNAシーケンスデータ解析のフロー

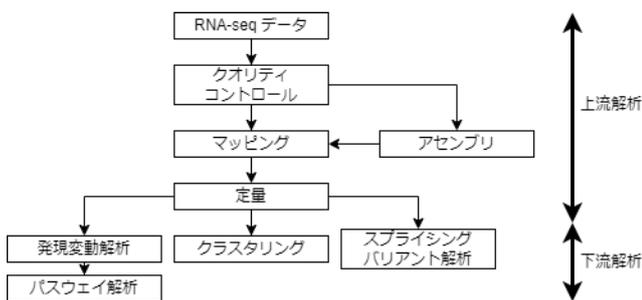


図1 一般的なRNAシーケンスデータ解析の流れ

- RNAシーケンスデータ解析は大きく**上流解析**と**下流解析**に分類されます（図1）。
- 一般的に上流解析のフローは、解析の目的によらず共通するプロセスが多い一方で、下流解析は目的に応じて多様な解析を行います。
- 上流解析では、サンプル中に含まれる各遺伝子/転写産物の**相対量を定量**することを目的とします。
- 下流解析では、各遺伝子/転写産物の相対量から、**生命現象に関する情報を抽出・可視化**することを目的とします。

### RNAシーケンスデータ解析で得られる情報

条件の異なる複数サンプル間で**発現量が異なる遺伝子/転写産物を同定**することができます。さらにそれらの遺伝子/転写産物が持つ**機能を検索**できます。その他にも、サンプル間の**クラスターリング**、**スプライシングバリエーションの同定**も可能です。

### 適用可能な技術分野や製品など

お手元のRNAシーケンスデータやオープンデータの再解析を行うことができます。データの特徴・計算リソースに適した解析フローを提案します（図2）。

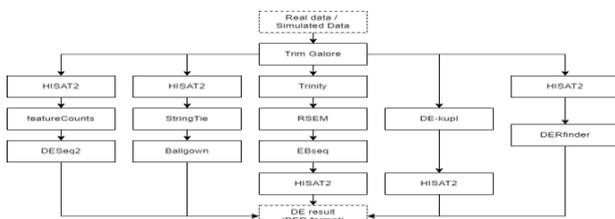


図2 解析フローの例

### 関連発表

- 2022年日本バイオインフォマティクス学会年会第11回生命医薬情報学連合大会ポスター発表 P-104 「レファレンスフリーツールを含む発現変動解析ツールの比較」

### RNAシーケンスデータ解析の注意点

データの特徴・計算リソースに適した解析ツール・パラメータ・レファレンスを選択する必要があります。ツールの性能やレファレンスの比較について文献調査を行う他、解析結果を検討し妥当性を評価する必要があります。

### 期待される効果

- データの特徴・計算リソースに適した解析**  
生物種・対象転写産物・シーケンス深度といったデータの特徴や、利用できる計算リソースに適した解析方法・パラメータ・レファレンスで解析します。複数ツールを組み合わせた性能の高い手法も提案します。
- オープンデータを活用した解析**  
RNAシーケンスデータはオープンデータが多く存在します。オープンデータを再解析することで自身の研究開発に必要な知見を得ることができる場合があります。

### 研究者からのひとこと

お手元のRNAシーケンスデータ解析についてご相談を承ります。お気軽にお問い合わせください。

