

バイオインフォマティクスを用いた研究開発のポイントと実例

～基礎から実際に解析を進めるための勘所、データ判断基準、バイオインフォマティクス研究管理上での留意点まで～

著者：株式会社日本バイオデータ 代表取締役 / 次世代バイオ医薬品製造技術研究組合 事務局顧問 (ゲノム技術) 緒方 法親 先生

発行：2018年 8月27日 体裁：B5判ソフトカバー 127頁 定価：36,300円(税込 (消費税10%)) ISBN 978-4-86502-156-1

- 第1章 鍵となる因子を探す
 - 1.1. 生命現象の因子と比較
 - 1.1.1. 分子生物学とバイオインフォマティクス
 - 1.1.2. 生き物を支配し続ける
 - 1.2. 網羅的探索研究の舞台
 - 1.2.1. 負の交差抵抗性
 - 1.2.2. 稀な事象を見つける
 - 1.2.3. ゲノム
 - 1.3. 比較の具体化
 - 1.3.1. 実験材料を選ぶ
 - 1.3.2. 初代培養細胞
 - 1.3.3. 有意差はいくらでも得られる
 - 1.3.4. 理想的な比較を探す
 - 1.3.5. 多変量データの次元圧縮
 - 1.3.6. 薬剤濃度の決定
 - 1.4. 比較の実施
 - 1.4.1. 比較の原則
 - 1.4.2. 薬剤誘導試験
 - 1.4.3. シークエンシングライブラリの調整
 - 1.4.4. シークエンシング条件の検討
 - 1.4.5. ライブラリ濃度の検討
 - 1.4.6. 次世代シークエンシングデータ解析で用いるデータ
 - 1.4.7. データプロセッシング
 - 1.4.8. 次世代シークエンシングとバイオインフォマティクス解析の結果
 - 1.5. ラボの予測を現場で確かめる
 - 1.5.1. 予測した負の交差抵抗性の検証
 - 1.5.2. 負の交差抵抗性の検証
- 第2章 違いを見つける
 - 2.1. Days among the dead are past
 - 2.1.1. バイオインフォマティクスにおける情報エントロピー
 - 2.1.2. 情報エントロピーと細胞の脱分化
 - 2.1.3. 脱分化仮説と選択仮説
 - 2.1.4. 選択仮説の論拠
 - 2.2. 列挙をやめる
 - 2.2.1. データドリブンアプローチ
 - 2.2.2. 増殖しない細胞をはかる
 - 2.2.3. 培養環境下に持ち込まれた細胞の振る舞い
 - 2.2.4. 個々の遺伝子を解析対象から外す
 - 2.3. グラフからはじめる
 - 2.3.1. データ全体を俯瞰する
 - 2.3.2. 次世代シークエンシングデータの特徴
 - 2.3.3. 遺伝子発現量の分布に脱分化を見る
 - 2.4. シャノンの肩の上にいる
 - 2.4.1. 現象の同定と普遍性の検証
 - 2.4.2. 現象の検索
 - 2.4.3. 情報エントロピー
 - 2.4.4. トランスクリプトームの情報エントロピー
 - 2.4.5. トランスクリプトームデータの範囲
 - 2.4.6. データ量の検討
 - 2.4.7. モンテカルロシミュレーション
 - 2.4.8. 情報エントロピーの決定要因
 - 2.5. みんなの肩をかりる
 - 2.5.1. 公共データベースを用いた種間比較
 - 2.6. 自分の肩にももの
 - 2.6.1. 現象の普遍性について
 - 2.6.2. 順化培地を用いた実験
 - 2.6.3. 生理活性物質を用いた実験
 - 2.6.4. 双極安定性とメモリ
 - 2.6.5. ヒステリシスと遅延
 - 2.6.6. 細胞の短期記憶
 - 2.7. 科学体験の省察
 - 2.7.1. 役に立つ測定技術
 - 2.7.2. 直感を延長させる
 - 2.7.3. 機能性細胞株と情報エントロピー
 - 2.7.4. 細胞の主観的な時間と情報エントロピー
 - 2.7.5. ネットワーク解析における情報エントロピー
 - 2.7.6. 代謝ネットワークとマルチオミックス統合解析
 - 2.7.7. トランスクリプトームとメタボロームのタイムラグ
 - 2.7.8. コルモゴロフ複雑性
- 第3章 多様性の価値
 - 3.1. フルクサス(流動)の脂肪
 - 3.1.1. 役に立つ研究
 - 3.1.2. 応用基礎研究のすすめ
- 3.2. 流体中の不均一さ
 - 3.2.1. 多様性が価値を有する境界
 - 3.2.2. 細胞の不均一性
 - 3.2.3. 均一な培養環境設定のための流体解析
 - 3.2.4. 時間平均は一致しても経験の異なる細胞
 - 3.2.5. 1細胞解析のための培養試験
- 3.3. 平面上の不均一さ
 - 3.3.1. 細胞周期と1細胞トランスクリプトーム解析
- 3.4. 小集団の中の不均一さ
 - 3.4.1. 隠れたサブポピュレーションの探索
 - 3.4.2. 細胞サイズ支配の検証
- 3.5. 時間経過の不均一さ
 - 3.5.1. 培養経過に伴う多様性の拡大
 - 3.5.2. ミトコンドリア変異解析
- 3.6. 不均一さの有用さ
 - 3.6.1. ヘテロプラスミーの産業利用
 - 3.6.2. 1つの細胞とは何か
 - 3.6.3. ミトコンドリア配列を細胞モノクローナリティ検証に利用する
 - 3.6.4. ミトコンドリアデータの利用例
- 3.7. 多様性の限界
 - 3.7.1. 生体内細胞の1細胞トランスクリプトーム解析
 - 3.7.2. 免疫タンパク質の発現分布
 - 3.7.3. 前口動物免疫の主力は細胞
 - 3.7.4. ポジティブリストとネガティブリスト
 - 3.7.5. 血球は貪食対象に好みを持つ
 - 3.7.6. 細胞貪食シミュレーション
 - 3.7.7. ポジティブリスト型免疫の限界
 - 3.7.8. セルライン構成細胞のオリジン
- 第4章 予言はどこに書いてあるのか
 - 4.1. 理論は観察に先行する
 - 4.1.1. 現象の仕組みを記述した学問
 - 4.1.2. ヒステリシス曲線に囲まれた部分の面積
 - 4.1.3. 磁石のヒステリシス面積
 - 4.1.4. 培地と細胞のヒステリシス
 - 4.1.5. ヒステリシス面積のよりよい用途
 - 4.2. 温度依存のヒステリシス
 - 4.2.1. 細胞と熱
 - 4.2.2. ヒドロゲルの温度依存性体積相転移
 - 4.3. 細胞のヒステリシス
 - 4.3.1. 細胞の温度依存性体積相転移の観察
 - 4.3.2. 温度変化培養中の細胞の追跡観察
 - 4.3.3. 温度変化培養中の細胞サイズの追跡
 - 4.3.4. 同期と相転移と遺伝
 - 4.4. 記憶を読む
 - 4.4.1. 細胞の継代安定性
 - 4.4.2. 継代安定性を予測する
 - 4.4.3. 温度変化培養中の細胞のトランスクリプトーム
 - 4.5. 誰が記憶を読むか
 - 4.5.1. 遺伝の起源
- 第5章 バイオインフォマティクス・マネジメント
 - 5.1. 予測は検証できるものである事
 - 5.2. 人を選ぶ
 - 5.3. テーマの筋を見る
 - 5.4. あるなしで話さない
 - 5.5. データを少しだけ取る
 - 5.6. サンプルの鮮度
 - 5.7. データプロセスの確認
 - 5.8. 分ければ資源
 - 5.9. 公共データベースの活用
 - 5.10. 観察者の感想をきく
 - 5.11. 現象が先、有意差は後
 - 5.12. 第三者の意見を聞く、論文を出す

★書籍申込書

FAX : 03-5740-8766、または、→<http://www.johokiko.co.jp> にて

※FAX番号はくれぐれお間違えの無い様お願い致します。

(書籍申し込み要領)

- ◎右記記入の上、FAXでお申込を承ります。
- ◎お申込書を確認次第、書籍、請求書および振込要領をお送りいたします。
- ◎未発刊の書籍をお申込の場合、申込書を確認次第、受領書をお送りいたします。
発刊時に弊社より書籍、請求書および振込要領をご送付いたします(送料は弊社負担)
- ◎お支払いは請求日翌月末日までに、銀行振込にてお願いいたします。原則として領収証の発行はいたしません。
- ◎振り込み手数料はご負担ください。

★ <https://www.johokiko.co.jp/> の申込みフォームからも承ります!

書籍名	HP 【BA180803】 バイオインフォマティクスを用いた研究開発のポイントと実例	書籍	冊数	___冊 ※記入の無い場合は1冊
会社名				
所属部課・役職等				
申込者氏名		TEL	FAX	
E-MAIL		上司役職・氏名		
住所〒				
備考				
ご案内をご希望の場合は今後の案内方法にレ印を記入下さい(複数回答可) <input type="checkbox"/> e-mail <input type="checkbox"/> FAX <input type="checkbox"/> 郵送				

ご連絡頂いた、個人情報は弊社商品の受付・運用・商品発送・アフターサービスのため利用致します。今後のご案内希望の方には、その目的でも使用致します。今後のサービス向上のため「個人情報の取扱に関する契約」を締結した外部委託先へ、個人情報を委託する場合があります。個人情報に関するお問合せ先 policy@johokiko.co.jp