

正誤表

このたびは「次世代シーケンサー DRY 解析教本 改訂第2版」をご購入いただき、誠にありがとうございます。本書（2019年12月15日発行）におきまして、下記の箇所に誤りがございました。読者の皆様ならびに関係各位にご迷惑をおかけしたことを謹んでお詫び申し上げますとともに、以下のとおり訂正いたします。

(2020年9月17日作成)

(2020年10月8日更新)

訂正箇所	誤	正
p.88 最下段の赤枠内 1, 2 行目	gz # # ファイル一覧 gz # # ファイル数 (合計 14 になるはず)	gz # ファイル一覧 gz # ファイル数 (合計 14 になるはず) # を無色に, # を黒色へと訂正
p.94 2 つ目の赤枠内 6 行目	--outFileNamePrefix # {sample}	--outFileNamePrefix # \${sample} # と {sample} の間に \$ を追加
p.95 最上段の赤枠内 3 行目	\$ cd # ~/Documents/expression/ref/RSEM_ reference	\$ cd # ~/Documents/expression/ref /RSEM_reference を削除
p.95 最上段の赤枠内 6 行目	\$../tools/RSEM-1.3.1/bin/rsem-prepare- reference # --num-threads # 4 # --gtf ←	\$../tools/RSEM-1.3.1/rsem-prepare- reference # --num-threads # 4 # --gtf # ← /bin を削除. また, ← の直前のスペースを # へと訂正
p.95 2 つ目の赤枠内 6 行目	{sample}Aligned	\${sample}Aligned {sample} の前に \$ を追加
p.95 2 つ目の赤枠内 7 行目	{sample}; # done	\${sample}; # done {sample} の前に \$ を追加
p.102 2 つ目の赤枠内 1 行目	\$ cat # ../seq/run_ids	\$ cat # ../seq/SRR_Acc_List.txt run_ids を SRR_Acc_List.txt へと訂正
p.102 2 つ目の赤枠内 1 行目	processing{sample}	processing\${sample} {sample} の前に \$ を追加
p.102 2 つ目の赤枠内 3 行目	seq/{sample}_2.fastq.gz	seq/\${sample}_2.fastq.gz {sample} の前に \$ を追加
p.103 最上段の赤枠内 6 行目	SraRunTable.txt.csv	SraRunTable.txt .csv を削除
p.103 最上段の赤枠内 7 行目	Run, # group=df\$	Run, # condition=df\$ group を condition へと訂正
p.104 最上段の赤枠内 2 行目	sample.txt	sample2condition.txt sample を sample2condition へと訂正