

本書のサポートサイト

本書で使用されているソースコード、データの一部は本書の各執筆者（Level 1 準備編、および Level 2 実践編の再現・検証、付録は除く）の GitHub サイトからダウンロードいただけます。

項目	執筆者	GitHub の URL
Level 2 (実践編)		
0 から始める疾患ゲノム解析 ver2	三嶋博之	https://github.com/misshie/ngsdat2
0 から始める発現解析 ver2	小巻翔平	https://github.com/RolyPolyCoily/NGSv2
0 から始めるエピゲノム解析 (ChIP-seq) ver2	尾崎 遼	https://github.com/yuifu/ngsdat2_epigenome_chipseq
0 から始めるエピゲノム解析 (BS-seq) ver2	小野加奈子	https://github.com/kono04/NGSv2_BS-seq
0 から始めるメタゲノム解析	志波 優	https://github.com/youyuh48/NGSDRY2/
0 から始めるバクテリアゲノム解析	谷沢靖洋, 中村保一	https://github.com/nigyta/bact_genome
0 から始める動物ゲノムアセンブリ	荒川和晴	https://gist.github.com/gaou/5035b2aae9978dfc00c55cb10736e272
0 から始めるトランスクリプトームアセンブル解析	坊農秀雅, 仲里猛留	https://github.com/bonohu/denovoTA
CWL (Common Workflow Language) があれば、DRY 解析はもう怖くない	大田達郎, 石井 学, 未竹裕貴, 丹生智也, 山田航暉, 安水良明	https://github.com/pitagora-network/DAT2-CWL
Level 3 (応用編)		
ゲノムブラウザー風の可視化を R の基本作図関数を組み合わせて実現する	横山貴央	https://github.com/cb-yokoyama/DRYbook
シングルセル RNA-seq で擬時間に対する発現量変動をクラスタリングし、クラスターごとの平均と代表的な遺伝子の発現量を可視化する	尾崎 遼	https://github.com/yuifu/tutorial-RamDA-paper-figures/
臨床検査値と疾患の遺伝的相関 (genetic correlation) ネットワーク図	金井仁弘	https://github.com/mkanai/ldsc-corrplot-rg
メンデルランダム化解析 (Mendelian randomization) に基づく臨床検査値と疾患の因果関係の可視化	金井仁弘	https://github.com/mkanai/mr-forestplot
等高線散布図による DNA メチル化の比較	白根健次郎, 栗本一基	https://github.com/KenShirane/PGCLC_methylome
公共データベースに登録された NGS データの分布を可視化する	大田達郎	https://github.com/inutano/sra-quanto/
メタ 16S シーケンスの各サンプルから得られたリード数の分布を生物分類ごとに可視化する	大田達郎	https://github.com/inutano/ohanami-project-manuscript/
メタ 16S シーケンスリードの BLAST 結果を用いて、サンプル間で共通して存在する生物種を可視化する	大田達郎	https://github.com/inutano/ohanami-project-manuscript/
特定の GO term がアノテーションされた遺伝子群の発現差の可視化	広田喜一, 坊農秀雅	https://github.com/khirota-kyt/dry_analysis
LocusZoom プロット：連鎖不平衡情報とともにゲノムワイド関連解析のシグナルを可視化する	八谷剛史	https://github.com/hacchy1983/sample-code-for-LocusZoom-plot
遺伝子近傍の DNA メチル化レベルを可視化する	佐野坂 司, 今村拓也	https://github.com/sin-ttk/DNA-methylome-CellRep
58 形質のゲノムワイド関連解析結果とその多面的作用 (pleiotropy) の可視化	金井仁弘	https://github.com/mkanai/fujiplot
複数の染色体配列間の相同性を可視化する	安藤俊哉	https://github.com/ya-sainthood/chromosome_comparison
メタ 16S シーケンスの各サンプルから得られた細菌叢組成の差を主座標分析・クラスター分析により可視化する	山本純輔, 志波 優	https://github.com/youyuh48/NGSDRY2/

- ダウンロードにはインターネット環境が必要です。
- 本サイトの内容に関しては細心の注意を払っておりますが、その正確性・安全性を保証するものではありません。
- ダウンロードされたソースコードおよびデータは、全てお客様自身の責任においてご利用ください。使用の結果で発生したいかなる損害や損失、その他の事態についても、編者、著者ならびに株式会社学研メディカル秀潤社は一切の責任を負いかねますので、ご了承ください。
- 予告なしに本サイトの内容を変更し、掲載を中断または終了させていただくことがございます。

注意

- 「次世代シーケンサー DRY 解析教本 改訂第2版」は独立した出版物であり、Apple Inc. が認定、後援、その他承認したものではありません。
- 本書における会社名、商品名、製品名などについては、該当する各社の商標または登録商標です。本書では TM や® は明記していません。
- 本書に記載されているソフトウェアや URL は 2019 年 6 ~ 10 月時点での情報に基づいて執筆されていますので、以降変更されている可能性がございます。ただし、GitHub で本書発行後もメンテナンスを行う予定です。
- 本書の出版にあたり正確な記述に努めました。本書に基づきいかなる運用結果についても、編者、著者ならびに株式会社学研メディカル秀潤社は一切の責任を負いかねますので、ご了承ください。
- 電話によるご質問、および本書の記載内容以外のご質問、お客様の作業についてのご質問には一切お答えできかねますので、ご了承ください。