

【訂正表】『よくわかるバイオインフォマティクス入門』

(2020年5月22日現在)

*訂正してお詫び申し上げます。お手元の書籍の刷数によってはすでに訂正済みの場合がございます。

p.8 下から5行目 (誤) DNA配列データベース (正) **塩基**配列データベース

p.12 図1.8 計算式の2行目

(誤) $\max \{D(1, 1) + d(E, E) = 1.0 + 1.0 = 2.0,$

(正) $\max \{D(1, 1) + \mathbf{s}(E, E) = 1.0 + 1.0 = 2.0,$

p.17 図2.1内 (誤) グロビン (正) **ヘモ**グロビン

p.22 図2.3 左下

(誤) 置換 **T → G**

(正) 置換 **T → C**

p.23 17行目

(誤) しかし、ある遺伝子の塩基置換によりアミノ酸配列が…

(正) しかし、ある遺伝子の塩基の**変異**によりアミノ酸配列が…

p.25 下から5行目 (誤) OUT数の増加に伴う (正) **OTU**数の増加に伴う

p.27 図2.6 図の下部にある説明文に、以下の文章を追加(補足説明)

(a)の「ネコに至る赤色で示した枝状のある任意の位置」で折り曲げて図示したものが(b)であり、(b)の分子系統樹も「枝の位置を決めることができない無根系統樹」である。

p.30 図2.8 説明文の下から3行目

(誤) …ベイズ法(上:黒文字)および最尤法…

(正) …ベイズ法(上:黒文字)の**信頼度(事後確率)**および最尤法…

- p.47 10 行目 (誤) 3 状態 (正) 三状態
下から 6 行目 (誤) 探索を用意にするため (正) 探索を容易にするため
- p.49 最下行
(誤) アラインメントに挿入・削除がある場合は
(正) アラインメントに挿入・欠失がある場合は
- p.55 10 行目 (誤) 大規模シーケンサー (正) 次世代シーケンサー
- p.85 表 6.3 (誤) *Candidatus Zinderia insecticola* (正) *Candidatus Zinderia insecticola*
7 行目 (誤) 真性細菌 (正) 真正細菌
- p.86 9 行目 (誤) 真性細菌 (正) 真正細菌
- p.113 図 8.5 「メチル化率推定」のボックスの下に矢印を追加する
- p.129 15 行目
(誤) 最近は 100% 相同な配列のみを
(正) 最近は 100% 一致する配列のみを
- p.175 1 行目 (誤) シーケンサー (2 章) (正) シーケンサー (5 章)
- p.181 3 行目 (誤) 位置異存的に (正) 位置依存的に
- p.186 図 12.10 「6」の下にある赤字の「評価」は赤字で「学習」が正しい
(誤) 評価 (正) 学習
- p.190 2 行目 (誤) ナノポアシーケンサー (1 章)
(正) ナノポアシーケンサー (5 章)
- p.191 6 行目 (誤) 新型シーケンサー (正) 次世代シーケンサー

表 3.3 20種のアミノ酸の性質

アミノ酸	三文字	1文字	疎水性指標 ^a	α ヘリックスの構造パラメータ ^b	β ストランドの構造パラメータ ^b	側鎖の性質
イソロイシン	Ile	I	4.5	1.10 (1.00)	1.65 (1.60)	非極性 Cβで分岐
バリン	Val	V	4.2	0.92 (1.14)	1.89 (1.65)	非極性 Cβで分岐
ロイシン	Leu	L	3.8	1.34 (1.34)	1.06 (1.22)	非極性
フェニルアラニン	Phe	F	2.8	1.00 (1.12)	1.41 (1.28)	非極性 芳香族
システイン	Cys	C	2.5	0.81 (0.77)	1.24 (1.30)	非極性 硫黄を含む
メチオニン	Met	M	1.9	1.28 (1.20)	0.96 (1.67)	非極性 硫黄を含む
アラニン	Ala	A	1.8	1.37 (1.45)	0.76 (0.97)	非極性
グリシン	Gly	G	-0.4	0.46 (0.53)	0.68 (0.81)	側鎖なし
スレオニン	Thr	T	-0.7	0.77 (0.82)	1.25 (1.20)	極性 OH 基
セリン	Ser	S	-0.8	0.79 (0.79)	0.84 (0.72)	極性 OH 基
トリプトファン	Trp	W	-0.9	1.03 (1.14)	1.33 (1.19)	極性 芳香族 NH 基
チロシン	Tyr	Y	-1.3	0.96 (0.61)	1.48 (1.29)	極性 芳香族 OH 基
プロリン	Pro	P	-1.6	0.41 (0.59)	0.43 (0.62)	側鎖が主鎖原子と環を形成
ヒスチジン	His	H	-3.2	0.86 (1.24)	1.01 (0.71)	正電荷 N と NH を含む複素環
アスパラギン	Asn	N	-3.5	0.75 (0.73)	0.63 (0.65)	極性 NH ₂ 基 C=O 基
アスパラギン酸	Asp	D	-3.5	0.81 (0.98)	0.56 (0.80)	負電荷 COOH 基
グルタミン	Gln	Q	-3.5	1.27 (1.17)	0.77 (1.23)	極性 NH ₂ 基 C=O 基
グルタミン酸	Glu	E	-3.5	1.30 (1.53)	0.72 (0.26)	負電荷 COOH 基
リジン	Lys	K	-3.9	1.14 (1.07)	0.81 (0.74)	正電荷 NH ₂ 基
アルギニン	Arg	R	-4.5	1.18 (0.79)	0.93 (0.90)	正電荷 NH ₂ 基×2 と NH 基

a : カイト-デューリトルの疎水性指標 (Kyte-Doolittle hydrophathy index). Kyte, J. & Doolittle, R.F. (1982). *J. Mol. Biol.* **157**, 105 の Table 2 から値を取得。

b : チョウ-ファスマンの構造パラメータ (Chou-fasman conformational parameter)。立体構造データベースの統計から得られる。二次構造 s のアミノ酸 a の構造パラメータ $P_s(a)$ は頻度のオッズ $P_s(a) = f(s/a)/f(s)$ で定義される。 $f(s)$ は二次構造 s の頻度、 $f(s/a)$ はアミノ酸 a における二次構造 s の頻度である。値は PDB の代表タンパク質 14452 個 (PDB 2018/02/07 の BLAST e-value=0.0001 の代表構造) を使用して求めた。カッコ内の値は Chou, P.Y. & Fasman, G.D. (1974) *Biochemistry* **13**, 222 の Table 1 から取得。原論文の値は、わずか 15 個のタンパク質の統計から算出している。