

進化で読み解く バイオインフォマティクス入門 正誤表

本書の内容に以下の誤りがございました。お詫びして訂正いたします。

お手持ちの本の「刷数」とこの表の「該当刷数」が一致する箇所をご参照ください。お手持ちの本の「刷数」の調べ方は[こちら](#)

(2024年5月9日更新)

| 該当刷数 | 頁 | 行数など | 誤 | 正 |
|-------|----|------------------------|---|--|
| 1,2,3 | 21 | 図 1.17 2行目 | …シャノン情報量(Shanon's entropy, | …シャノン情報量(Shannon's entropy, |
| 1,2 | 21 | 下から 11行目 | …ランダムな配列の任意の ATG から n bp の長さの ORF が… | …ランダムな配列の任意の ATG から n 個のアミノ酸をコードする ORF が… |
| 1 | 23 | 表 1.3 U 行 A 列 | UGA(Stop) | UAG(Stop) |
| 1,2 | 23 | 2行目 | …，進化の過程で遺伝子が早く進化したか，… | …，進化の過程で遺伝子が速く進化したか，… |
| 1,2,3 | 27 | 図 1.22 説明の 2~4行目 | …，4 aa 離れたアミノ酸の側鎖間で水素結合が形成されることによって，アミノ酸間に特定の一定の結合核をもった（主に）右巻きらせん構造が形成される． β シートでは， β ストランドとよばれる隣り合ったペプチド鎖の側鎖間に，… | …，4 aa 離れたポリペプチド主鎖のアミノ基とカルボニル基の間で水素結合が形成されることによって，アミノ酸間に特定の一定の結合核をもった（主に）右巻きらせん構造が形成される． β シートでは， β ストランドとよばれる隣り合ったポリペプチド主鎖の間に，… |
| 1,2 | 35 | 下から 9行目 | …ヘテロ接合体 AT について $p(1-p)$ ，… | …ヘテロ接合体 AT について $2p(1-p)$ ，… |
| 1 | 41 | 式 (2.1) の次の行 | 式 (2.1) の後に右の文章を挿入 | 第一項は $t-1$ 世代から t 世代目に同じアレルが受け渡される確率，第 2 項は同じアレルが受け渡されなかったが $t-1$ 世代ですでに IBD であった確率である．二つは排反な事象なので，確率を足し合わせることができる． |
| 1 | 42 | 1行目 | …小さいと仮定すると， u^2 と u の項を無視することができる． | …小さいとき，変数として u^2 と u だけを含む項を無視することができる． |
| 1 | 45 | 2行目 | … $F(s)$ は，中立な変異の… | … $F(s)$ は， N が十分大きく s が十分小さいとき，中立な変異の… |
| 1 | 45 | 下から 4行目 | s が十分大きければ，… | $2Ns$ が十分大きければ，… |
| 1,2 | 46 | 1行目 | …けた違いに早くなるということである． | …けた違いに速くなるということである． |
| 1 | 64 | 5~6行目 | …は， <u>二つのサンプル…平均値である</u> ． N を… | …は， <u>サンプル内の二つの配列の組合せすべてについて，サイトあたりの違いをとり，平均した値である</u> ． N を… |

| 該当刷数 | 頁 | 行数など | 誤 | 正 |
|------|-----|---------------|---|---|
| 1 | 67 | 下から 4行目 | 田島の D 統計量 | 田嶋の D 統計量 |
| 1 | 73 | 式(3.8) 2行目 | $P(0/1) = f_{ki}(1 - f_{ki})$ | $P(0/1) = 2 f_{ki}(1 - f_{ki})$ |
| 1 | 76 | 下から 8行目 | 田島の D 統計量 | 田嶋の D 統計量 |
| 1 | 76 | 下から 5行目 | 田島の D 統計量 | 田嶋の D 統計量 |
| 1 | 77 | 下から 7行目 | 田島の D 統計量 | 田嶋の D 統計量 |
| 1,2 | 89 | 下から 3~2行目 | …、5/9 が同義変異、4/9 が非同義変異であるので、同義サイト数は 1.67、非同義サイト数は 1.33 と考えることができる。 | …、4/9 が同義変異、5/9 が非同義変異であるので、同義サイト数は 1.33、非同義サイト数は 1.67 と考えることができる。 |
| 1,2 | 90 | 7~8行目 | …、同義サイト数は 1.84、非同義サイト数は 1.17 となる。 | …、同義サイト数は 1.17、非同義サイト数は 1.84 となる。 |
| 1,2 | 91 | 7行目 | 同義置換率 (synonymous substitution rate) | 同義置換率 (synonymous substitution rate) |
| 1 | 93 | 8行目 | PAM 行列は、相同性の高い… | PAM 行列は、類似度の高い… |
| 1 | 97 | 下から 9行目 | …相同性の低い部分… | …相同性のない部分… |
| 1 | 104 | 8行目 | …相同配列を… | …相同な配列を… |
| 1 | 104 | 下から 4行目 | …相同配列を… | …相同な配列を… |
| 1 | 105 | 5.3.2 2行目 | …、相同性の高い短い… | …、類似度の高い短い… |
| 1 | 106 | 14行目 | …、相同性自体が… | …、類似度自体が… |
| 1,2 | 133 | 2行目 | …、偽陽性率 (false negative rate) は、… | …、偽陽性率 (false positive rate) は、… |
| 1 | 140 | 下から 6行目 | 配列決定ソフトウェアなどにより、ASCII コードの 33 番目から始める か、64 番目から始めるかなどの… | 配列決定ソフトウェアなどにより、 $Q=0$ に対応するのが、ASCII コード の 33 番目か、64 番目かなどの… |

| 該当刷数 | 頁 | 行数など | 誤 | 正 |
|-------|-----|-------------------------|---|---|
| 1 | 141 | 表 8.1 注 | *68 以降は D から始まるアルファベットになる. | *69 以降は E, F, G, …と割り当てられる. |
| 1 | 141 | 下から 7 行目 | 8.2.3 分子リアルタイムシーケンサー | 8.2.3 1 分子リアルタイムシーケンサー |
| 1 | 141 | 下から 3~2 行目 | 第 2 世代シーケンサー (NGS) よりも高速で… | 第 2 世代シーケンサーよりも高速で… |
| 1,2 | 159 | 式 (9.1) | $\dots = \frac{T_{ij}}{L_i G_i} \times 10^9$ | $\dots = \frac{T_{ij}}{L_j G_i} \times 10^9$ |
| 1,2 | 159 | 式 (9.2) | $TPM_{ij} = \frac{T_{ij}}{L_i a_{ij}} \times 10^6, \dots$ | $TPM_{ij} = \frac{T_{ij}}{L_j a_{ij}} \times 10^6, \dots$ |
| 1 | 162 | 9.4.1 5 行目 | … (vorcano plot) … | … (volcano plot) … |
| 1,2,3 | 176 | 式(10.1) 上の行 | 平均二乗偏差 (root mean square deviation, RSMD) | 平均二乗偏差 (root mean square deviation, RMSD) |
| 1,2,3 | 176 | 式(10.1) | RSMD = … | RMSD = … |
| 1,2,3 | 176 | 10.4.1 下から 5~1 行目 | RSMD (4 箇所) | RMSD |
| 1 | 178 | 16・17 行目 | 相同性 (2 箇所) | 一致度 |
| 1 | 179 | 1・3 行目 | 相同性 (2 箇所) | 類似度 |
| 1 | 179 | 12 行目 | … , 相同配列が… | … , 相同 な 配列が… |
| 1,2 | 185 | 18 行目 | である ^[292] . | に登録されている ^[292] . |
| 1 | 216 | さくいん | 田島の <i>D</i> 統計量 | 田嶋の <i>D</i> 統計量 |