

ゲノム情報解析基礎

～ バイオインフォマティクス基礎知識 ～

大学院農学生命科学研究科

アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

門田幸二(かどた こうじ)

kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp

講義日程

- 4月 9日水曜日(17:15-20:30)PC使用
 - 嶋田透:ゲノムからの遺伝子予測
 - 門田幸二:バイオインフォマティクス基礎知識
- 4月23日水曜日(17:15-20:30)PC使用
 - 門田幸二:Rで塩基配列解析1
- 4月30日水曜日(17:15-20:30)PC使用
 - 嶋田透:ゲノムアノテーション、遺伝子の機能推定、EST、RNA-seqなど
 - 門田幸二:Rで塩基配列解析2
- 5月 7日水曜日(17:15-19:00頃)PC不使用(予定)
 - 嶋田透:比較ゲノム解析、形質遺伝解析、エピジェネティクス
 - 講義後、小テスト

各講義科目へのアクセス

東京大学大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

ようこそ！アグリバイオ教育研究ユニット

- ホーム
- 本ユニットについて
- メンバー
- 教育プログラム
- 研究フォーラム
- イベント
- お問い合わせ
- リンク
- モバイルサイト

お知らせ

- アグリバイオ等に必要となる2号室でお渡し
- 平成24年度の1階14-2号室
- 平成24年度受講者やセミナー
- 講義で使用する(本学の大学)
- 単位取得証明書

東京大学大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

ホーム > 教育プログラム

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義の紹介 ▼ 受講について

プログラム概要

本プログラムで開講する講義科目は、大きく3つのカテゴリーに分けられます。カテゴリーと各講義の関係は「各講義のページ」をご覧ください。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを利用した研究経験のない方を対象とする。生命科学のための各種データベースの利用法やバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、統計の基礎を学ぶことができる。
方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な実験手法（大量塩基配列決定や計算機的手法（配列アラインメント、遺伝子領域予測、遺伝子発現解析、HMM、SVMなどの機械学習、タンパク質構造予測シミュレーション、遺伝子や代謝のネットワーク解析）について解説する。
先端	企業や大学の研究者が、それぞれの最先端の研究課題について講義する。

東京大学大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ

各講義のページ

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス セミナー・討論形式・研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学	システム生物学概論	知能情報処理論	
	オーム情報解析	機能ゲノム学	分子モデリングと分子シミュレーション	
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎	バイオインフォマティクス基礎	バイオインフォマティクス基礎論	

カテゴリー	科目名	学期・単位	実施曜日



- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 研究フォーラム
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク
- + モバイルサイト



ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ > 2. ゲノム情報解析基礎

2. ゲノム情報解析基礎

授業の目標・概要

次世代シーケンサーの普及により、ゲノム情報を基盤とした膨大なスキルが要求される時代になっています。フリーソフトウェアを用いて、配列決定後の基礎情報取得などを旨とした実習を含む講義を行います。また、ウェブツールなどを用いて遺伝子領域の予測やアノテーションは解析するための手法について解説します。

担当教員

嶋田 透 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)
 門田幸二 (東大・農・アグリバイオ / 特任准教授)

参考図書

門田幸二 著 (金明哲 編)、「シリーズ Useful R のトランスクリプトミクス」近刊(2014)。ISBN:978-4-320-12370-0

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。持ち込み用PC利用の起動を参考にして必要なパッケージをインストールしておいてください。

講義日程 (平成26年度)

1. 平成25年04月09日 (PC使用)
 講師: 嶋田 透
 講師: 門田幸二
 バイオインフォマティクス基礎知識
- 平成25年04月23日 (PC使用)



ゲノム情報解析基礎 (2014年04月09日) 門田幸二

バイオインフォマティクス系学会など

- ・ [JSB\(日本バイオインフォマティクス学会\)](#)
 「最新イベント情報」欄が有用。学会に入っているとメーリングリストでも流れてくる。2014年10/2-4日に[2014年年会 JSB2014・第3回生命医薬情報学連合大会](#)が開催されます。
- ・ [定量生物学の会](#)
- ・ [生命情報科学若手の会](#)
- ・ [オープンバイオ研究会](#)
- ・ [CBI\(情報計算化学生物学会\)](#)
- ・ [情報処理学会 バイオ情報学研究会 \(SIG BIO\)](#)
- ・ [人工知能学会第二種研究会 分子生物情報研究会 \(SIG-MBI\)](#)

バイオインフォマティクス系研究所: [CBRC\(ゲノム情報研究センター\)](#)

ここが行っている[HPCI人材養成プログラム](#)のカリキュラムは結構充実している。

- ・ [e-learning](#)
- ・ [tutorial\(講習会\)](#)
- ・ [セミナー](#)
- ・ [ワークショップ](#)

バイオインフォマティクス系メーリングリスト


どこが活発に活動しているのかは不明です。

- ・ [bioinformatics-ip](#)
- ・ [infobiologist](#)
- ・ [open-bio-info](#) (「オープンバイオ研究会」系)
- ・ [bijapan](#) (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?!よろず相談所

- ・ [ライフサイエンスQA](#)
 本当の意味での「よろず相談所」。
- ・ [基盤バイオインフォマティクス・フォーラム](#)
 アグリバイオが母体のフォーラム。実質的な窓口は門田。相談内容をもとにフォーラムメンバーの中から適任者を紹介。

バイオインフォマティクス系学会など


[JSBI\(日本バイオインフォマティクス学会\)](#)
 「最新イベント情報」欄が有用。学会に入っているとメーリングリストでも流れてくる。2014年10/2-4日に[2014年年会 JSBi2014・第3回生命医薬情報学連合大会](#)が開催されます。

- ・ [定量生物学の会](#)
- ・ [生命情報科学若手の会](#)
- ・ [オープンバイオ研究会](#)
- ・ [CBI\(情報計算化学生物学会\)](#)
- ・ [情報処理学会 バイオ情報学研究会 \(SIG BIO\)](#)
- ・ [人工知能学会第二種研究会 分子生物情報研究会 \(SIG-MBI\)](#)

バイオインフォマティクス系研究所: CBRC(ゲノム情報研究センター)

ここが行っているHPCI人材養成プログラムのカリキュラムは結構

- ・ [e-learning](#)
- ・ [tutorial\(講習会\)](#)
- ・ [セミナー](#)
- ・ [ワークショップ](#)

バイオインフォマティクス系メーリングリスト

どこが活発に活動しているのかは不明です。

- ・ [bioinformatics-ig](#)
- ・ [infobiologist](#)
- ・ [open-bio-info](#) (「オープンバイオ研究会」系)
- ・ [biapan](#) (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?!よろず相談所

- ・ [ライフサイエンスQA](#)
本当の意味での「よろず相談所」。
- ・ [基盤バイオインフォマティクス・フォーラム](#)
アクリバイオが母体のフォーラム。実質的な窓口は門田。フォーラムメンバーの中から適任者を紹介。



The screenshot shows the homepage of the Japanese Society for Bioinformatics (JSBI). The header includes the JSBI logo, the name in Japanese and English, and navigation links for Home, Contact, FAQ, and Site Map. The main content area features three columns of text describing the society's goals: promoting interdisciplinary development, supporting technology and industry, and providing education. Below this is a navigation menu with categories like 'Notice', 'Event Information', 'Research Society', etc. The main content is divided into two sections: 'Recruitment Notice (Personnel Related)' and 'Latest Event Information'. The recruitment section lists several job openings from various universities. The event section lists upcoming conferences and seminars, including the 2014 Annual Meeting (JSBi2014) held at Tohoku University in October. A yellow banner at the bottom of the event section highlights: '今年の年会は東北大学で10月に開催' (This year's annual meeting is held at Tohoku University in October).

- ・ 定量生物学の会
- ・ 生命情報科学若手の会
- ・ オープンバイオ研究会
- ・ CBI(情報計算化学生物学会)
- ・ 情報処理学会 バイオ情報学研究会 (SIG BIO)
- ・ 人工知能学会第二種研究会 分 物情報研究会 (SIG-MBI)

NGSに特化した内容ではないが、アグリバイオと相補的なカリキュラムが充実

バイオインフォマティクス系研究所: [CBRC\(ゲノム情報研究センター\)](#)

ここが行っている[HPCI人材養成プログラム](#)のカリキュラムは結構充実している。

- ・ e-learning
- ・ tutorial(講習会)
- ・ セミナー
- ・ ワークショップ

バイオインフォマティクス系メーリングリス

どこが活発に活動しているのかは不明です

- ・ [bioinformatics-jp](#)
- ・ [infobiologist](#)
- ・ [open-bio-info](#) (「オープンバイオ研究
- ・ [biijapan](#) (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?!よろず相談所

- ・ [ライフサイエンスQA](#)
本当の意味での「よろず相談所」。
- ・ [基盤バイオインフォマティクス・フォーラム](#)
アグリバイオが母体のフォーラム。実
ラムメンバーの中から適任者を紹介

NGS?!解析系講義や講習会

- ・ 2014年9月1日~12日「[バイオインフォマティクス\(シーケンサ\)速習コース](#)」@東大農
NBDC運営委員会人材育成分科会で策定された[NGS用カリキュラム](#)に沿った内容
を実施します。
- ・ [アメリカエフ株式会社](#)の「[講習会スライド](#)」や[スクール/勉強会](#)」

- ・ 定量生物学の会
- ・ 生命情報科学若手の会
- ・ オープンバイオ研究会
- ・ CBI(情報計算化学生物学会)
- ・ 情報処理学会 バイオ情報学研究会 (SIG BIO)
- ・ 人工知能学会第二種研究会 分子生物情報研究会 (SIG-MBI)

NGSに特化した内容ではないが、アグリバイオと相補的なカリキュラムが充実

バイオインフォマティクス系研究所: [CBRC\(ゲノム情報研究センター\)](#)

ここが行っている [HPCI人材養成プログラム](#)

- ・ e-learning
- ・ tutorial(講習会)
- ・ セミナー
- ・ ワークショップ



バイオインフォマティクス系メーリングリス

どこが活発に活動しているのかは不明で

- ・ [bioinformatics-ig](#)
- ・ [infobiologist](#)
- ・ [open-bio-info](#) (「オープンバイオ研
- ・ [biapan](#) (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?!よろず相談

- ・ [ライフサイエンスQA](#)
本当の意味での「よろず相談所」。
- ・ [基盤バイオインフォマティクス・フォ](#)
アグリバイオが母体のフォーラム。ス
ラムメンバーの中から適任者を紹

NGS?!解析系講義や講習会

- ・ 2014年9月1日~12日「[バイオイン](#)
[シークエンサ\)速習コース](#)」@東大
NBDC運営委員会人材育成分科会
を実施します。
- ・ [アメリエフ株式会社](#)の「[講習会スラ](#)

HPCI 戦略プログラム 分野1
「予測する生命科学・医療および創薬基盤」
 戦略機関(独) 理化学研究所
人材養成プログラム
 実施機関(独) 産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター



- ▢ top
- ▢ outline
- ▢ seminar
- ▢ workshop
- ▢ tutorial
- ▢ e-learning
- ▢ links
- ▢ contact

講習会

2014年度 HPCI 講習会

2014年度 講習会 実施計画中

ゲノム情報研究センターは、前身である2001年生命情報科学
 研究センターの設立以来、人材養成事業を継続してまいりまし
 た。この間に培ってきたノウハウを活かして毎年カリキュラム
 構成を見直し、初心者にもわかりやすく丁寧な実習指導付きの
 講習会を開催します。実習には1人1台の備付けPC
 (Windows7)を使用します。講師はCBRCの研究員はじめ、第
 一線の研究者が務めます。

会場	東京会場:産総研 臨海副都心センター 別館8階 生命情報工学研究センター コラボレーションコーナー アクセスおよび周辺ランチマップ 大阪会場:産総研 関西センター 高分子化学実験棟2階会議室 アクセス
	バイオインフォマティクス実習コース

- ・ 定量生物学の会
- ・ 生命情報科学若手の会
- ・ オープンバイオ研究会
- ・ CBI(情報計算化学生物学会)
- ・ 情報処理学会 バイオ情報学研究会 (SIG BIO)
- ・ 人工知能学会第二種研究会 分子生物情報研

NGSに特化した内容ではないが、アグリバイオと相補的なカリキュラムが充実

バイオインフォマティクス系研究所: CBRC(ゲノム情報)

ここが行っているHPCI人材養成プログラムのカリキュ

- ・ e-learning
- ・ tutorial(講習会)
- ・ セミナー
- ・ ワークショップ



バイオインフォマティクス系メーリングリスト

どこが活発に活動しているのかは不明です。

- ・ bioinformatics-ig
- ・ infobiologist
- ・ open-bio-info (「オープンバイオ研究会」系)
- ・ biijapan (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?!よろず相談所

- ・ ライフサイエンスQA
- ・ 本場の意味での「よろず相談所」。
- ・ 基盤バイオインフォマティクス・フォーラム
- ・ アグリバイオが母体のフォーラム。実質的な窓
- ・ ラムメンバーの中から適任者を紹介。

NGS?!解析系講義や講習会

- ・ 2014年9月1日~12日「バイオインフォマティクス(シーケンサ)速習コース」@東大農
- ・ NBDC運営委員会人材育成分科会で策定される実施します。
- ・ アメリエフ株式会社の「講習会スライド」やスク

・ **バイオインフォマティクス実習**
 - バイオインフォマティクスの基礎
 第一線の研究者が講師として、バイオ情報取組の基礎を講義から実際の解析研究までサポートに指導します。計算機実習は1人1台の PC (Windows7) を利用し、講義と実習をバランスよく取り混ぜたカリキュラムで、バイオインフォマティクスの全容をつかむのに最適です。各単元は1日単位で講義・実習を行い、受講を希望するものだけを選択することができます。(受講に際し、前提となる知識や技術を設定した受講要件があります。最少催行人員 2人) 本コースのカリキュラムは、これまで当センターで実施してきた生命情報科学技術者養成コース バイオインフォマティクス速習コースII、生命情報科学人材養成コンソーシアム バイオインフォマティクス実習コースのカリキュラムを元に企画し直しました。

大量の配列データも怖くない!! Windows上の Linux 環境で高速・簡単に配列解析		
A-1	Linux, Perl基礎	2014年10月28日(火)
A-2	配列解析	2014年10月29-30日(水、木)
効率的なWindows上のLinux環境で次世代シーケンサーからのデータを解析		
A-3	ChIP-seqデータ解析および ENCODEプロジェクトなどによる既存のデータの活用	2014年11月5-6日(水、木)
フリーウェア 統計解析パッケージ R を使った NGS データ解析を基礎から学ぶ		
B-1	R基礎	2015年3月4日(水)
B-2	Rでゲノム・トランスクリプトーム解析:CpG解析から機能解析まで	2015年3月5-6日(木、金)
B-3	多変量データ解析/遺伝子ネットワーク解析	2015年3月12-13日(木、金)

バイオインフォマティクス系メーリングリスト

どこが活発に活動しているのかは不明です。

- ・ [bioinformatics-jp](#)
- ・ [infobiologist](#)
- ・ [open-bio-info](#) (「オープンバイオ研究会」系)
- ・ [bijapan](#) (「SIG BIO」系)

バイオインフォマティクス系?よろず相談所

ライフサイエンスQA

本当の意味での「よろず相談所」。

- ・ [Bio Technical フォーラム](#)
2014/04/09に初めて発見。主に実験系だが
- ・ [基盤バイオインフォマティクス・フォーラム](#)
アグリバイオが母体のフォーラム。実質的なメンバ

NGS?解析系講義や講習会

- ・ 2014年9月1日~12日「バイオインフォマティクス(速習コース)@東大農」NBDC運営委員会人材育成分科会で策定され実施します。
- ・ [アメリカエフ株式会社の「講習会スライド」](#)や[スクリーンショット](#) Linux PCでNGS解析に特化?。あちこちで積極的に公開しており良心的。
- ・ [イルミナ株式会社の「ウェビナー」](#) youtubeでも見られるようになっている。
- ・ [CBRC/HPCI主催の「講習会」](#)@お台場 いくつかのコースは既に開催日が決まっている。
- ・ [NAIST植物グローバル教育プロジェクト](#)主催の昨年(2013年6月6日)のワークショップ(ヤッククリプトーム解析ハンズオン実習)も130名(ほぼ満席)だった。
- ・ [基礎生物学研究所](#)主催の「ゲノムインフォマティクス」おそらく受講生あたりのスタッフ数をもっとも増えているので今年も開催されるであろう。
- ・ [九州大学](#)主催の「NGSワークショップ」@博多 3日間連続。3日目以外の様子は不明。

質問すれば誰かが回答してくれます

ここははじめてですか? FAQをチェックしましょう。

ログイン 概要 よくある質問

質問 タグ ユーザー バッジ 未回答 質問する

検索する

●質問 ○タグ ○ユーザー

すべての質問

有効 最新 ホット 注目の質問

welcome to #LSQA

ただいまベータテスト中です。そのため通知無く停止更新されることがあります。

質問するならライフサイエンスQA

質問する→回答がある→質問と回答が蓄積する→良い質問と回答が増える→よりよいライフサイエンス研究をする時間が増える

概要
よくある質問

149 質問
266 回答
最近更新された質問

ただいまベータテスト運用中です。そのために通知無くコンテンツの変更やサービスの停止変更されることがあります。

質問するならライフサイエンスQA。

このページのRSSフィード
@lsqa_all · @lsqa_ngs

0	1	70	アライメントについて	ngs	2 時間前 yamagu 11
0	3	64	Cufflinks (binary)が実行できない	cufflinks	3 時間前 megu 1
0	2	430	SAMファイルのFASTAファイルへの変換について	fasta fastq sam ngs	5 時間前 smith 1
0	2	111	DDBJ pipeline のFTP接続後、queryフォルダが表示されない	ddbj query pipeline	Apr 01 at 16:15 megu 1
0	1	261	UCSC Genome Browserからのファイルアクセスに対応したBAM置き場	ucsc bam ストレージ genome browser	Mar 11 at 06:40 ksfk 1
1	2	1.6k	UCSC Genome Browserからのファイルアクセスに対応したフリーまたは廉価なBAM置き場はありますか	ucsc bam ストレージ genome browser	Mar 08 at 21:05 nob_fj ◆ 482
0	2	448	大量の配列のアライメントについて	mapping alignment ngs	Feb 14 at 19:11 aki 1
0	1	1.0k	個体ごとのSNPsのコール	snps samtools bam gatk	Jan 08 at 18:56 nob_fj ◆ 482
1	2	322	高速シーケンサの出力データ容量について	sequencing hiseq2500 illumina	Jan 08 at 12:59 suimve 276

- 2014年9月1日～12日「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」@東大農 NBDC運営委員会人材育成分科会で策定されたNGS用カリキュラムに沿った内容を実施します。

- アメリカエフ株式会社の「講習会スライド」やLinux PCでNGS解析に特化?!. あちこちで
- イルミナ株式会社の「ウェビナー」 youtubeでも見られるようになっている。
- CBRC/HPCI主催の「講習会」@お台場
- いくつかのコースは既に開催日が決まっている。
- NAIST植物グローバル教育プロジェクト主催 昨年(2013年6月6日)のワークショップ(や習)も130名ほど参加していたらしい。
- 基礎生物学研究所主催の「ゲノムインフォ」 おそらく受講生あたりのスタッフ数をもっともあろう。
- 九州大学主催の「NGSワークショップ」@博 3日間連続。3日目以外の様子は不明。

- アグリバイオの講義「機能ゲノム学」@東大 2014年5月14, 21, 28日, 6月4日。主にマイク
- 考え方は、NGSデータ(RNA-seqデータ)解
- アグリバイオの講義「農学生命情報科学特 2014年6月18日, 25日, 7月2日。(Rで塩基

NGS解析系ウェブサイト

- (Rで塩基配列解析
- 次世代シーケンサデータ解析情報共有フォ
- DDBJ Read Annotation Pipeline
- 手持ちの高性能計算サーバがなくてもDDBJ 紹介番組

バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)

本カリキュラムは、次世代シーケンサデータを扱うにあたり最低限必要とされる知識・技術を2週間程度で身につけることを想定した「速習」と、時間をかけて習得することを想定した「速習以外」に分かれています。

【速習】

大項目	日数	No.	項目	習得技術	レベル	形式
1. コンピュータリテラシーとサーバー設計	4日	2日	1-1 OS, ハード構成	・コンピュータの基本的理解	初級	講義
			1-2 ネットワーク基礎	・インターネット、セキュリティの基本的理解	初級	講義
			1-3 UNIX I	・UNIXの基礎的理解 ・Linux導入	中級	実習
	2日	1-4 スクリプト言語	・Perl ・シェルスクリプト	中級	実習	
2. 配列インフォマティクス	1日	2-1 配列解析基礎	・配列、ゲノムデータ記述のフォーマット、アラインメント(DP)、データベース検索(BLAST, BLAT)等の基礎的な配列比較解析の原理と実習	初級	実習	
		2-2 バイオ系データベース概論	・基本的な各種バイオ系データベースの理解、統合DBの利用法	初級	実習	
3. データ解析基礎	2日	3-1 R 基礎1	・R言語の基礎(インストールから利用まで)	初級	実習	
		3-2 R 基礎2	・ファイルの読み込み、行列演算の基本	初級	実習	
		3-3 R 各種パッケージ	・Rの各種パッケージのインストール法と代表的なパッケージの利用法	中級	実習	
		3-4 R bioconductor I	・bioconductorの利用法	中級	実習	
		3-5 R bioconductor II	・FASTA and FASTQ形式ファイルの読み込み。ファイル形式の変換(FASTQ → FASTA)、クオリティチェック、リード配列長分布、フィルタリングやトリミング、GC含量計算など	中級	実習	
4. 次世代シーケンサ	0.25日	4-1 次世代シーケンサ基礎I	・原理的理解	初級	講義	
		4-2 次世代シーケンサ基礎II	・応用分野とそのための計測技術の理解(RNA-seq, ChIP-seq, がんゲノム, 個人ゲノム, 環境ゲノム, Hi-C)	初級	講義	
	0.5日	4-3 次世代シーケンサ実習I	・ファイル形式、可視化、quality check、マッピング、アセンブル	初級	実習	
	1.5日	4-4 次世代シーケンサ実習II	・代表的なパイプラインについての実習(多型解析(IGV)、RNA-seq、ChIP-seq、及び統合解析、定番のツールを利用)	初級	実習	
5. ゲノム関連の倫理・法律	0.5日	5-1	ゲノム情報倫理概論	・ゲノム情報を扱う上で、プライバシー保護などの必要な倫理的問題、法的問題の国内外の状況を理解し、ゲノム情報を適切に利用できるようにする ・匿名化、暗号化、情報セキュリティ概要	初級	講義
6. 分子生命科学	0.5日	6-1	分子生命科学概論	・複製、転写、翻訳、代謝、シグナル伝達などの基礎知識	初級	講義
		6-2	オミクス概論	・ゲノム以外のオミクスデータの基礎知識	初級	講義
		6-3	遺伝/進化概論	・ゲノムデータを扱う上での遺伝学、進化学の基礎知識	初級	講義

受講申込受付は6/1を予定

- ・ 2014年9月1日～12日「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」@東大農 NBDC運営委員会人材育成分科会で策定された[NGS用カリキュラム](#)に沿った内容を実施します。
- ・ [アメリエフ株式会社](#)の「[講習会スライド](#)」や[スクール/勉強会](#)
Linux PCでNGS解析に特化?。あちこちで積極的に勉強会を開催している。スライドも公開しており良心的。
- ・ [イルミナ株式会社](#)の「[ウェビナー](#)」
youtubeでも見られるようになっている。
- ・ [CBRC/HPCI](#)主催の「[講習会](#)」@お台場

SlideShare is part of LinkedIn. Your continued use means you agree to our integrated LinkedIn [Terms of Service](#).

slideshare

Explore

Search

Q

Upload

Go PRO

Login

Signup

Amelieff



Follow

9 SlideShares

8 Followers

PRO

Japan

Technology / Software / Internet

amelieff.jp/

Followers (8)

Following (1)

Amelieff

Embed

アメリエフ株式会社
第19回バイオインフォマティクス勉強会
「SNPデータ解析入門」



Presentations 8



Documents 0

Infographics 0

Videos 1

2012/12/15



1 / 52

他にもLinux入門など多数あり

SNPデータ解析入門 11126 views

- ・ 2014年9月1日～12日「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」@東大農NBDG運営委員会人材育成分科会で策定されたNGS用カリキュラムに沿った内容を実施します。
- ・ [アメリカエフ株式会社の「Linux PCでNGS解析」](#)や[スライド](#)や[スクール/勉強会](#)。あちこちで積極的に勉強会を開催している。スライドも公開しており良心的。
- ・ [イルミナ株式会社の「ウェビナー」](#) youtubeでも見られるようになっている。

illumina® お問い合わせ MyIll

アプリケーション システム 臨床研究 受託サービス サイェンス サポート カンパニー Search

Subscribe | 通知

学会 & イベント / ウェビナー

イルミナでは、製品をご活用いただいている研究者による解析手法や研究事例、イルミナスタッフによる最新の製品や技術概要をご紹介するイルミナウェビナーとご活用いただいているユーザーの方やこれからご利用をお考えの方におすすぬ、サービス・サポート部による技術、機能、データ評価などの詳細を説明するウェビナーを開催しています。

どちらのウェビナーも開催日にご参加いただくことで、ご覧いただくことができます。ぜひご利用ください。

注)誠に恐れ入りますが、ウェビナーへのご参加および録画のダウンロードは、お客様の同意をいただいた上で実施いたします。(イルミナウェビナーの録画は閲覧可能です)推奨のブラウザはGoogle Chromeです。

開催日	タイトル	講師	内容
2011/11/17	RNA-Seqをはじめよう!シリーズ 【Session 3 - データ解析のリテラシー】	東京大学大学院 農学生命科学研究科 門田 幸二 先生	第3回のセッションは、東京大学の門田先生によるデータ解析です。 (1) R... 続きを開く
2011/10/13	RNA-Seqをはじめよう!シリーズ 【Session 2 - RNA-Seq実験ノート:リード長とリード数のデザインとウェット実験の注意点】	東京大学大学院 新領域創成科学研究科 鈴木 嶺 先生	第2回のセッションは、東京大学の鈴木先生をお迎えし、実際に実験を開始するにあた... 続きを開く
2011/09/08	RNA-Seqをはじめよう!シリーズ 【Session 1 - トランスクリプトーム解析の今昔:なぜマイクロアレイ?なぜRNAシーケンス?】	東京大学大学院 農学生命科学研究科 門田 幸二 先生	遺伝子発現解析はこれまでマイクロアレイが使われてきました。しかし、次世代シーケ... 続きを開く

イルミナ製品をご活用いただいている研究事例、およびイルミナスタッフによるご紹介いたします。

イルミナウェビナー

第1, 3回は門田。資料は既に古い

NGS解

(Rで)塩基配列解析

おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。

- ・ [次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム\(NGS Surfer's Wiki\)](#)

実務的な内容が豊富。

- ・ [DDBJ Read Annotation Pipeline](#)

手持ちの高性能計算サーバがなくても

[Read Annotation Pipeline](#)についての紹介

- ・ [Biopyrus](#)

孫建強氏のサイト。Linux、Perlなどの各

アグリバイオの講義で利用します

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/04/05, since 2010)

What's new?

- ・ 2014年9月1日～12日に「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」を東大農で開催します。近いうちに詳細を公開しますので興味ある方は予定を開けといてください。(2014/04/05) **NEW**
- ・ 門田幸二 著 [シリーズ Useful R 第7巻トランスクリプトーム解析](#)が2014年4月10日に共立出版から出ます。
- ・ 機能解析の遺伝子オントロジー(GO)解析とパスウェイ(Pathway)解析周辺を更新し、SeqGSEAパッケージを用いた解析のみですが一通りできるようにしました。(2014/03/30) **NEW**
- ・ [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#)の項目を追加しました。(2014/03/16) **NEW**
- ・ 私の所属する [アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)では、平成26年度も(東大生に限らず)バイオインフォ関連講義を行います。受講希望者は平成26年4月7日18:00-18:45に東大農学部二号館二階化学第一講義室にて開催予定の受講ガイダンスに出席してください。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が二割程度は受講しております。このウェブページと直接関連する講義は「[ゲノム情報解析基礎](#)」と「[農学生命情報科学特論](#)」ですが、背景理論の説明などは「[機能ゲノム学](#)」でも行います。興味ある科目のみの受講も可能ですので、お気軽にどうぞ。(2014/03/03)

- ・ [はじめに](#) (last modified 2014/01/30)
- ・ [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#) (last modified 2014/03/16) **NEW**
- ・ [過去のお知らせ](#) (last modified 2014/03/23) **NEW**
- ・ [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/09/27)
- ・ [サンプルデータ](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
- ・ インポート | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- ・ インポート | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- ・ インポート | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2014/02/06)
- ・ インポート | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- ・ インポート | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/06/14)
- ・ インポート | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)

NGS解析系その他: [NGS現場の会](#)

よく聞かれますが、私はしがらみが増えるの...
つの学会(日本バイオインフォマティクス学会
せん。しかし、NGS解析現場の情報収集先と

日本語コンテンツの有用サイト: [ライフサイエ](#)

以下に代表的なものをリストアップしています
を開催してくれています。

- ・ [Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースを統合したカタログ

- ・ [統合TV](#)

有用なデータベースやウェブツールの

や [BioMart](#) など「単語は聞いたことあり

するのかわからない...」的なものの

で必見です。特にBioMartは2012年初

れましたが、それに対応した番組(「[Bio](#)

する」など)を作ってくれていたりしてあ

[ゲノム解析ツールブック](#)

・ (Rで)塩基配列解析

おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。

次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム(NGS Surfer's Wiki)

実務的な内容が豊富。

・ DDBJ Read Annotation Pipeline

手持ちの高性能計算サーバか

Read Annotation Pipeline(こつい)

・ Biopapyrus

孫建強氏のサイト。Linux、Perlな

NGS解析系その他: NGS現場の会

よく聞かれますが、私はしがらみが増えつつの学会(日本バイオインフォマティクス)に属しません。しかし、NGS解析現場の情報収集

日本語コンテンツの有用サイト: ライフ

以下に代表的なものをリストアップしてご紹介をさせていただきます。

・ Integbioデータベースカタログ

様々なデータベースを統合したカ

・ 統合TV

有用なデータベースやウェブソー

やBioMartなど「単語は聞いたこ

するのによくわからない...」的なも

て必見です。特にBioMart(は201

れましたが、それに対応した番組

する」など)を作ってくれていたり

ゲノム解析ツールドキュメン

次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム
NGS Surfer's Wiki
 次世代シーケンス大量データの波に乗れ!!

Data Analysis Center
Cell Innovation
 National Institute of Genetics

ホーム About フォーラム ヘルプ

メニュー

- ホーム
- Wiki
- フォーラム
- ファイル・ギャラリー

Information

- 文部科学省 革新的細胞解析研究プログラム - セルイノベーション -
- データ解析拠点 Cell Innovation National Institute of Genetics
- NGSField

HomePage

- TikiWikiのバージョンアップ [2012.2.29]
 - NGS Surfer's Wiki で使用しているTikiWikiのバージョンをv5.4からv8.3にアップしました。このバージョンアップにより、セキュリティがより強化されスパム等の不正書き込みをできる限り遮断する設定にしています。

サイト内検索 by googleカスタム検索

Google® カスタム検索

メインコンテンツ

- 初めての方へ
- シーケンサーの一般論
 - 次世代シーケンサーの概要
 - DNAマイクロアレイと次世代シーケンサーの比較
 - シーケンサープラットフォーム(機種)の違い
- アプリケーションリスト
 - アセンブル (de novoアセンブリ, トランスクリプトームアセンブリ, メタゲノム)
 - トランスクリプトーム解析 (発現解析, スプライシングバリエーション解析, ncRNA・smallRNA解析)
 - リシーケンシング解析 (WGS, exome, CNV, 染色体構造変異)
 - メチレーション解析 (bisulfite処理, MeDIP-Seq他, HELP-Seq他)
 - クロマチン解析 (ChIP-Seq, MNase-seq, FAIRE-seq, DNase-Seq, MAINE-seq)
 - 転写因子解析 (ChIP-Seq)

サイト内検索が現実的な利用手段か?!

- ・ (Rで)塩基配列解析
おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。
- ・ 次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム(NGS Surfer's Wiki)
実務的な内容が豊富。
- ・ DDBJ Read Annotation Pipeline
手持ちの高性能計算サーバがなくてもDDBJに解析
Read Annotation Pipelineについての紹介番組
- ・ Biopapyrus
孫建強氏のサイト。Linux、Perlなどの各種インスト

NGS解析系その他: NGS現場の会

よく聞かれますが、私はしつらみが増えるのを好まないの
つの学会(日本バイオインフォマティクス学会と日本分子
せん。しかし、NGS解析現場の情報収集先としては最も

日本語コンテンツの有用サイト: ライフサイエンス統合デ

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこ
を開催してくれています。

- ・ Integbioデータベースカタログ
様々なデータベースを統合したカタログです...
- ・ 統合TV
有用なデータベースやウェブツールの活用法を動画
やBioMartなど「単語は聞いたことあり有用そうなん
するのかよくわからない...」的なものの活用法をを
で必見です。特にBioMartは2012年初頭?!に
れましたが、それに対応した番組(「Biomart v0.8を
する」など)を作ってくれていたりしてありがたいで
せん。紹介ツールブック

自前の計算サーバを持たなく
てもここで解析してくれます

・(Rで)塩基配列解析

おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。

・次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム(NGS Surfer's Wiki)

実務的な内容が豊富。

・DDBJ Read Annotation Pipeline

手持ちの高性能計算サーバがなくてもDDBJ Read Annotation Pipelineについての紹介番

・Biopapyrus

孫建強氏のサイト。Linux、Perlなどの各種イ

NGS解析系その他: NGS現場の会

よく聞かれますが、私はしがらみが増えるのを好ま
つの学会(日本バイオインフォマティクス学会と日本
せん。しかし、NGS解析現場の情報収集先としては

日本語コンテンツの有用サイト: ライフサイエンス総

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あ
を開催してくれています。

・Integbioデータベースカタログ

様々なデータベースを統合したカタログです。

・統合TV

有用なデータベースやウェブツールの活用法
やBioMartなど「単語は聞いたことあり有用そ
するのかよくわからない...」的なものの活用法
で必見です。特にBioMartは2012年初頭?
れましたが、それに対応した番組(「Biomart
する」など)を作ってくれていたりしてありがた
ゲノム解析ツールドキュメント集

自前の計算サーバを持たなく
てもここで解析してくれます

[NGS][DBCLS][ゲノム][配列解析][塩基配列] 今日からはじめるDDBJ Read Annotation Pipeline

DDBJ Read Annotation Pipelineは国立遺伝学研究所のDDBJが開発・提供している新型シーケンサの出力データを自動で解析してく
れるツールです。

このツールの特徴として、

- ・ ボタン操作とテキスト入力のみで解析可能
- ・ 論文用の基本統計量や図を自動生成
- ・ 国立遺伝学研究所のスーパーコンピュータを利用して高速化


などが挙げられます。

現在、Reference Genome Mappingとde novo Assembly解析を行なうことができます。今回の番組では、例としてコシヒカリ(Oryza sativa japonica)のデータを用いて、Reference Genome Mappingの方法を紹介しています。

使いたい系チャンネル
統合TV

今日からはじめる
DDBJ Read Annotation
Pipeline

100617版



DBCLS
Database Center for Life Science

- ・ [\(Rで\)塩基配列解析](#)
おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。
- ・ [次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム\(NGS Surfer's Wiki\)](#)
実務的な内容が豊富。
- ・ [DDBJ Read Annotation Pipeline](#)
手持ちの高性能計算サーバがなくてもDDBJに解析をやってもらえます。 [DDBJ Read Annotation Pipelineについての紹介番組](#)
- ・ [Biopapyrus](#)
孫建強氏のサイト。Linux、Perlなどの各種インストール系や用語説明などが豊富。

検索すると結構引っかかります

NGS解析系その他: [NGS現場の会](#)

よく聞かれますが、私はしがらみが増えるのを好まないで学術の学会(日本バイオインフォマティクス学会と日本分子生物学会)に属しません。しかし、NGS解析現場の情報収集先としては最も効率的

日本語コンテンツの有用サイト: [ライフサイエンス統合データベース](#)

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合](#)」を開催してくれています。

- ・ [Integbioデータベースカタログ](#)
様々なデータベースを統合したカタログです...
- ・ [統合TV](#)
有用なデータベースやウェブツールの活用法を動画で紹介する「単語は聞いたことあり有用そうなんだけど...」的なものの利用法をを具体例で必見です。特にBioMartは2012年初頭?!にインターネットでしたが、それに対応した番組(「[Biomart v0.8を使って](#)」など)を作ってくれていたりしてありがたいです

よく聞かれますが、私は**参加者**が増えるのを好まないのので学生時代から所属している2つの学会(日本バイオインフォマティクス学会と日本分子生物学会)以外は参加していません。しかし、NGS解析現場の情報収集先としては最も効率的な会だと思います。

日本語コンテンツの有用サイト: [ライフサイエンス統合データベースプロジェクト](#)

以下に代表的なものを
います。

NGS現場の会

New! 第四回研究会の情報はこちら

トップ

研究会・活動

入会・情報共有

お問い合わせ・スタッフ

現場のヒトが多く参加しているようです

NGS現場の会とは?

NGS現場の会は、21世紀に登場し生命科学分野に革命を起こした新しいシーケンステクノロジー（いわゆるNGSテクノロジー）をテーマとした、新しい研究コミュニティです。

NGS現場の会では、立場や分野を超え—すなわち学生も教授も、研究者も技術者も営業職も、大学・研究所からも産業界からも、そして医学・農学・薬学・工学から基礎科学まで—オープンでフラットな交流を行います。その核となるのが、私たちのかかげる“現場”というコンセプトです。現場とはすなわち、多様な生命現象に魅せられ、目の前にある疾患や技術的問題を克服することを目指し、あるいは解析や実験のための手法や製品に誇りとこだわりを持つ、みなさんのことに他なりません。

急速に進むNGS分野の技術革新を受けて、NGS現場の会は研究会に700名の参加者を集める、世界的に見てもユニークなコミュニティに成長しています。NGSに興味はあるけどまだ詳しくない方から、すでに活躍されさらに議論を深めたい方まで、経験のレベルを問わず、みなさまのご参加をお待ちしています。

次回研究会（第四回研究会）は2015年7月1日（水）～3日（金）につくば国際会議場にて開催となります。

以下に代表的なものをリストアップしていますが、[↑](#)で「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。

- [Integbioデータベースカタログ](#)
様々なデータベースのデータベースを統
- [統合TV](#)
有用なデータベースやウェブツールの活
やBioMartなど「単語は聞いたことあり
するのかよくわからない...」的なものの利
で必見です。特にBioMartは2012年初夏
ましたが、それに対応した番組(「[Biomar](#)
[る](#)」など)を作ってくれていたりしてありが
か
- [ゲノム解析ツールリンク集](#)
カテゴリ別に分類されています。もちろん

日本語というのありがたいです

Guest Account | アカウント | ログイン | English

LSDB 統合データベースプロジェクト

文部科学省委託研究開発事業

ホーム DBカタログ 横断検索 ツール ダウンロード About us

統合ホームページへようこそ

はじめの方へ: サイトの内容をムービーやリーフレットでご紹介しています。

お知らせ 一部のサービスがJSTバイオサイエンスデータベースセンターに移動しました

ポータル
Integbioデータベースカタログ **new**
(旧)生命科学系 データベース カタログ
生命科学系 学協会カタログ
生命科学系主要プロジェクト一覧
生物アイコン
ライフサイエンス 新着論文レビュー
ライフサイエンス 領域融合レビュー **new**
WinePro (JSTのDBポータル)
Webリソースポータルサイト (JST解析ツールポータル)

検索
生命科学データベース横断検索
蛋白質翻訳酵素 全文検索
文科省「ゲノム」研究報告書 全文検索
TogoProt (蛋白質関連データベース統合検索)
OFeFil (オンラインリソースファインダー)
Allie (略語の正式名称を検索)
inMeXes (文献中の英語表現を軽快に)

アーカイブ
生命科学系データベースアーカイブ
DDBトレースアーカイブ (遺伝研 DDBJ)
DDBJノードアーカイブ (遺伝研 DDBJ)

ツール & 解析サービス
BodyParts3D/Anatomography
Wired-Marker
MiGAP (微生物ゲノムアノテーションパイプライン)
DBCLS Galaxy
TogoDoc (文献情報管理・推薦システム)

基盤技術開発
TogoDB(誰でもデータベースが構築できる)
TogoWS (ウェブサービスの標準化)
OpenID 認証システム
統合DB情報基盤サイト (CBRC)
辞書の構築と公開
LSDB Lab

新着情報
小原センター長のインタビュー記事公開のお知らせ 2014-04-02 (Wed) 09:18:21
「NBDC/DBCLS BioHackathon 2011-12」に関する論文が公開されました 2014-02-06 (Thu) 03:41:10
DBCLS移転のお知らせ 2014-01-29 (Wed) 10:15:42

LSDBブログ
ウェブで実践する配列比較解析～相同性検索から分子系統解析まで 2014-04-07 (Mon) 17:34:21
Wolfram Alpha を高性能関数電卓として使う その1:基本操作編 2014-04-04 (Fri) 14:26:26
生命科学文献をテキストマイニング 2014-03-12 (Wed) 14:24:33

パートナーリンク
LEADING AUTHOR'S
ライフサイエンス 領域融合レビュー
ライフサイエンス 領域融合レビュー
FIRST AUTHOR'S
ライフサイエンス 新着論文レビュー
ライフサイエンス 新着論文レビュー
Anatomography
BodyParts3D
BodyParts3D/Anatomography
使い倒し系チャンネル
統合TV

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。

[Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースのデータベースを統合したカタログです...

データベースを一覧できるサイト

縦書きのナビゲーションメニュー

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

English

Integbioデータベースカタログ

[全条件をリセット](#)

データベースのレコード一覧

並び替え:

メニュー

一覧内を検索する

1362 件

最初へ 前へ 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 次へ 最後へ

- [ホーム](#)
- [本カタログについて](#)
- [更新履歴](#)
- [ダウンロード](#)
- [お問い合わせ](#)
- [類似サイトリンク集](#)

一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (508)
- + 植物 (228)
- + 原生生物 (39)
- + 菌類 (73)
- + 真正細菌 (125)
 - 古細菌 (41)
 - ウイルス (47)

カテゴリ

<対象>

- ゲノム (172)
- 遺伝子 (292)
- cDNA (187)

+ 続きを見る

<データの種類>

- 配列 (509)
- 構造 (197)
- 遺伝子発現 (146)

+ 続きを見る

稼働状況

- 稼働中
- 休止
- 運用終了



追加 AgrID: 農畜産物ゲノム情報データベース (Agrigenomics Information Database)

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種:
 説明: AgrIDでは、農畜産物のゲノム情報のポータルサイトとして、主に農林水産省が進めたゲノム関連プロジェクトで作成されたデータベースをまとめています。またNIAS横断検索では、文部科学省、厚... [詳細へ](#)



薬用植物総合情報データベース

運用機関: 独立行政法人医薬基盤研究所
 生物種: *Euphorbiaceae* | *Saxifragaceae* | *Asteraceae* | その他多数
 説明: 「薬用植物総合情報データベース」は、漢方薬・生薬に用いられる薬用植物に関するさまざまな情報を、簡単な操作で検索・閲覧することができる、薬用植物の「総合図鑑」です。薬用植物の情報... [詳細へ](#)



YOKOBAI (NC: green rice leafhopper) EST

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Nephotettix cincticeps*
 説明: ツマグロヨコバイ (*Nephotettix cincticeps*) のESTデータベースです。データは、様々な発生段階や組織から構築されたcDNAライブラリーに由来しています。クローンごとに、配列情報に加えてG... [詳細へ](#)



PVcDNA: YUSURIKA cDNA

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Polypedilum vanderplanki*
 説明: ネムリユスリカ (*Polypedilum vanderplanki*) のESTデータベースです。データは幼虫全体から得られたcDNAライブラリーに由来しています。クローンごとに、配列情報に加えてGene Ontologyによ... [詳細へ](#)



PcsEST: KAMEMUSHI (PS: oriental stink bug) EST

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Plautia stali*
 説明: 果樹の害虫として知られるチャガネアオカメムシ (*Plautia crossota stali*) のESTデータベースです。データはメス成虫の中腸から構築された2つのcDNAライブラリーに由来しています。クローンご... [詳細へ](#)



J-CHECK: 化審法データベース

新着情報

- 2014/03/18: 1件のレコードを追加しました
- 2014/02/18: 1件のレコードを追加しました
- 2014/02/18: 3件のレコードを追加しました
- 2014/02/18: 2件のレコードを追加しました
- 2014/01/20: 3件のレコードを追加しました

本カタログの使い方



統合TVにて解説動画が公開されました (2012年10月29日版)

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。

[Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースのデータベースを統合したカタログです...

[統合TV](#)

有
り
や
す
く
で
ま
る
ク
ラ
フ

kaikoで検索した結果

English 

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

Integbioデータベースカタログ

全条件をリセット

データベースのレコード一覧 並べ替え: レコード公開順 ▼

一覧内を検索する

kaiko

絞り込む

生物種

- + 動物 (7)
- + 植物 (0)
- + 原生生物 (0)
- + 菌類 (0)
- + 真正細菌 (0)
 - 古細菌 (0)
 - ウイルス (0)

カテゴリ

<対象>

- ゲノム (3)
- 遺伝子 (3)
- cDNA (1)
- + 続きを見る

<データの種類>

- 配列 (5)
- 構造 (0)
- 遺伝子発現 (0)
- + 続きを見る

稼働状況

- 稼働中
- 休止

7 件

KAIKOcDNA

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Bombyx mori*
 説明: カイコcDNAの塩基配列データベースです。 [詳細へ](#)

SGP: SILKWORM GENOME RESEARCH PROGRAM

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Bombyx mori*
 説明: カイコゲノム研究プログラムのホームページです。KAIKObase, KAIKOBLAST, KAIKOGASSなどを公開しています。 [詳細へ](#)

KAIKOGAAS: KAIKO Genome Automated Annotation System

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Bombyx mori*
 説明: カイコゲノム配列を元にタンパク質をコードする遺伝子構造を自動予測するシステムです。予測処理では複数の解析ツール(GeneScan, FGENESH, HMMER等)の解析結果を統合して行なっています。カ... [詳細へ](#)

KAIKOBLAST

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Bombyx mori*
 説明: カイコの塩基配列、アミノ酸配列の相溶性検索(BLAST)を行うためのシステムです。お手持ちの配列とカイコ関連配列との相溶性検索を行えます。 [詳細へ](#)

KAIKObase

運用機関: 独立行政法人農業生物資源研究所
 生物種: *Bombyx mori*
 説明: カイコゲノムの遺伝地図と物理地図情報が統合されたデータベースです。複数のビューアが存在し、マーカー・遺伝子・形質等のゲノム位置や注釈(アノテーション)情報をグラフィカルに参照できま... [詳細へ](#)

メニュー

- ホーム
- 本カタログについて
- 更新履歴
- ダウンロード
- お問い合わせ
- 類似サイトリンク集

新着情報

2014/03/18: 1件のレコードを追加しました

2014/02/18: 1件のレコードを追加しました

2014/02/18: 3件のレコードを追加しました

2014/02/18: 2件のレコードを追加しました

2014/01/20: 3件のレコードを追加しました

本カタログの使い方



統合TVにて解説動画が公開されました(2012年10月29日版)

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。



・ [Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースのデータベースを統合したカタログです...

[統合TV](#)

有用なデータベースやウェブツールの活用法を動画で紹介してくれます。[EMBOSS](#)や[BioMart](#)など「単語は聞いたことあり有用そうなんだけどそもそもどうやって利用するのかよくわからない...」的なものの利用法をを具体例を交えて紹介してくれるので必見です。特にBioMartは2012年初頭?!にインターフェースが大幅に変更されましたが、それに対応した番組(「[Biomart v0.8を使ってIDから遺伝子情報を取得する](#)」など)を作ってくれていたりしてありがたいです

・ [ゲノム解析ツールリンク集](#)

カテゴリ別に分類されています。もちろん日本語!

文字通り使い方紹介系TV番組

使い慣し系チャンネル
統合TV

旧 統合TVはこちらから!

目的別に検索!

- ▶ [ゲノム・核酸配列解析](#)
- ▶ [タンパク質配列・構造解析](#)
- ▶ [発現制御解析](#)
- ▶ [文献検索・辞書情報収集PC環境構築](#)
- ▶ [DBCLSサービス講演・講習動画](#)
- ▶ [データベース別分類](#)

全番組のリストから調べたいDBやウェブツールに関するキーワードで検索!

検索窓にキーワードを入れると、入力たびごとに即座に候補の番組が絞り込まれます。先頭のタイトル行をクリックすると、昇順・降順で並び替えができます。

10 ▼ エントリを表示
検索:

番組タイトル (YOUTUBEへのリンク)	番組の概要 (画像をクリックすると番組の再生ページへ移動します。)
ウェブで実践する配列比較解析～相同性検索から分子系統解析まで	<p>本日の統合TVは、2013年11月6日に開催された統合データベース講習会:AJACS蝦夷3から、理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター ゲノム資源解析ユニット 原 雄一郎 研究員による「ウェブで実践する配列比較解析～相同性検索から分子系統解析まで」をお送りします。約90分です。</p>

<p>Wolfram Alpha を 高機能関数電卓として使う その1:基本操作編</p> <p>140331版</p> <p>Wolfram Alphaを高機能関数電卓として使うその1:基本操作編</p>	
---	--

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。

・[Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースのデータベースを統合したカタログです...

[統合TV](#)

右田がデータベースやウェブツールの活用方法を動画で紹介していきます [EMBOSS](#)



旧 統合TVはこちらから!

目的別に検索!

ゲノム・核酸
配列解析

タンパク質
配列・構造解析

発現制御解析

文献検索・辞書
情報収集
PC環境構築

DBCLSサービス
講演・講習動画

データベース別
分類

全番組のリストから調べたいDBやウェブツールに関するキーワードで検索!

検索窓にキーワードを入力すると、入力した文字と即座に候補の番組が絞り込まれます

先頭のタイトル行をクリックすると、

10 エントリを表示

検索:

番組タイトル(YOUTUBEへのリンク)

ウェブで実践する配列比較解析～相同性検索から分子系統解析まで

[Wolfram Alphaを高機能関数電卓として使うその1:基本操作編](#)

文字通り使い方紹介系TV番組

TOGO TV 生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

はじめの方へ 番組ランキング ほかの 便利な方法 よくある質問 スタッフ お問い合わせ

ゲノム、核酸配列・構造解析

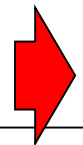
- 塩基配列やIDを取得したい
- 似ている配列があるか調べたい
- 自分のマシンでBLAST検索をする
- 塩基配列の比較や系統樹を描きたい
- SNP(一塩基多型)を調べる
- 配列解析パッケージEMBOSSで塩基配列を処理する
- CLC Bio社のツールを用いる
- ゲノムに関するプロジェクトを調べる
- 核酸の二次構造を予測する
- 遺伝子コード領域の予測

塩基配列やIDを取得したい

番組タイトル	概要	作成日
GeneStudioを使って塩基配列をアセンブルする	複数の波形データ(ABI)のアセンブル方法	2013.12.18
Open Refine(旧Google Refine)の使い方 ~応用編・TogoWS RESTを活用する~	遺伝子のアノテーションを一括取得する	2013.5.30
ESTデータベース Entrez Unigeneを使って遺伝子の配列情報を取得	EST配列の取得	2013.5.22

以下に代表的なものをリストアップしていますが、あちこちで「[統合データベース講習会](#)」を開催してくれています。

- [Integbioデータベースカタログ](#)
様々なデータベースのデータベースを統合したカタログです...
 - [統合TV](#)
有用なデータベースやウェブツールの活用法を動画で紹介し、[BioMart](#)など「単語は聞いたことあり有用そうなんだけどそもそものかよくわからない...」的なものの活用法を具体例を交えて必見です。特にBioMartは2012年初頭?!にインターフェースをリニューアルしましたが、それに対応した番組(「[Biomart v0.8を使ってIDからゲノム解析ツールリンク集](#)」など)を作ってくれていたりしてありがたいです
- ゲノム解析ツールリンク集
カテゴリ別に分類されています。もちろん日本語による簡単な



ゲノム解析ツールリンク集 - Category NBDC - アーカイブトップ - ヘルプ

データベースの説明 | データ項目の説明 | ダウンロード | 利用許諾 | ヘルプ

Category || Tool | How-to | Review || Keyword

分子生物学に関わるデータ解析ツールの提供サイトへのリンクと簡単な解説を提供します。

カテゴリ [すべて展開する](#) [すべて閉じる](#)

- [-] [マイクロアレイデータ解析 \[Tool \(80\)\] \[How-to \(1\)\]](#)
 - [-] [ゲノム構造解析 \[Tool \(9\)\]](#)
 - [-] [アレイCGHデータ解析 \[Tool \(5\)\]](#)
 - [-] [発現解析 \[Tool \(69\)\] \[How-to \(1\)\]](#)
 - [-] [データベース検索 \[Tool \(1\)\] \[How-to \(1\)\]](#)
 - [-] [蛍光強度の数値化 \[Tool \(6\)\]](#)
 - [-] [正規化 \[Tool \(19\)\]](#)
 - [-] [発現量の変化に関する統計解析 \[Tool \(16\)\]](#)
 - [-] [クラスタ解析 \[Tool \(18\)\]](#)
 - [-] [遺伝子群の特徴抽出 \[Tool \(10\)\]](#)
 - [-] [解析データの可視化 \[Tool \(15\)\]](#)
 - [-] [ネットワーク解析 \[Tool \(12\)\]](#)
- [-] [遺伝統計解析 \[Tool \(117\)\]](#)
 - [-] [データの品質管理 \[Tool \(21\)\]](#)
 - [-] [Hardy-Weinberg平衡検定など \[Tool \(10\)\]](#)
 - [-] [集団の構造化 \[Tool \(9\)\]](#)
 - [-] [TDT \[Tool \(19\)\]](#)
 - [-] [ハプロタイプ・連鎖不平衡解析 \[Tool \(26\)\]](#)
 - [-] [ハプロタイプ推定 \[Tool \(15\)\]](#)
 - [-] [ハプロタイプブロック同定・連鎖不平衡マップ \[Tool \(9\)\]](#)
 - [-] [関連解析 \[Tool \(23\)\]](#)
 - [-] [ノンパラメトリック連鎖解析・罹患同胞対解析 \[Tool \(20\)\]](#)
 - [-] [パラメトリック連鎖解析 \[Tool \(32\)\]](#)
 - [-] [パラメトリック連鎖解析 \[Tool \(27\)\]](#)
 - [-] [連鎖マップ作成 \[Tool \(12\)\]](#)

最近では情報の更新がなされていない?!

- ホモロジー検索 [Tool (50)]
- 進化解析 [Tool (31)] [How-to (1)]
 - 系統樹推定 [Tool (12)] [How-to (1)]
 - マルチプルアライメント [Tool (17)] [How-to (1)]
- 核酸配列解析 [Tool (158)] [How-to (2)] [Review (4)]
 - 繰り返し配列探索 [Tool (2)]
 - ホモロジー検索 [Tool (16)]
- エクソン...
- プロモ...
- UTR予測
- 核酸高次...
- 制限酵素
- 転写因子
- 配列比較解析 [Tool (1)]
- ドットプロ...
- ゲノムス...
- マルチブ...
- ペアワイ...
- 配列モチーフ解析 [Tool (1)]
- モチーフ...
- モチーフ...
- 配列決定・PCR等 [Tool (1)]
- アセンブ...
- 配列決定 [Tool (1)]
- プライマ...
- 配列決定 [Tool (1)]
- 制限酵素
- タンパク質配列解 [Tool (1)]
- ホモロジ...
- タンパク...

もちろん基本的なプログラム
はリストアップされている

Category || Tool | How-to | Review || Keyword

<利用者の方へ>

- ダウンロード (Download:の右)する前に利用許諾を注意深くお読み下さい。ダウンロードを実行することによって、本利用許諾を承諾したものと見なします。

Find All Download:

Entry	Categories	Name	Feature	Keywords
Show	核酸配列解析 ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス タンパク質二次構造予測 ホモロジー検索 配列比較解析	BLAST	ヒューリスティックなローカルアライメント法に基づいたホモロジー検索手法。核酸、アミノ酸配列いずれも受け付け、核酸、アミノ酸配列データベースへの探索を実施する。	ローカル探索 ヒューリスティック 核酸 アミノ酸
Show	核酸配列解析 ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス ホモロジー検索 ホモロジー検索 配列比較解析	WU-BLAST	ヒューリスティックなローカルアライメント法に基づいたホモロジー検索手法。BLAST(NCBI BLAST)とはスコア付け方法などが異なる。核酸、アミノ酸配列いずれも受け付け、核酸、アミノ酸配列データベースへの探索を実施する。BCM Search Launcherの中から使える検索エンジンの一つ。	ローカル探索 ヒューリスティック 核酸 アミノ酸
Show	核酸配列解析 ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス ホモロジー検索 ホモロジー検索 配列比較解析	FASTA	ヒューリスティックなローカルアライメント法に基づいたホモロジー検索手法。BLASTよりも探索空間は広く、より感度の高い探索を実行する。	ローカル探索 ヒューリスティック 核酸 アミノ酸
Show	核酸配列解析 ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス ホモロジー検索 ホモロジー検索 配列比較解析	SSAHA	ヒューリスティックなローカルアライメント手法。クエリー、データベースともにk-merに分割することで高速な探索を実現している。核酸を入力とし核酸データベース内を探索する。90%程度以上の一致度があるものに対して高速に探索を実現する。	ローカル探索 ヒューリスティック 高速 核酸
Show	核酸配列解析 エクソン・イントロン構造予測 転写産物からの推定 核酸配列解析 ホモロジー検索 タンパク質配列解析・プロテオミクス ホモロジー検索 ホモロジー検索 配列比較解析	BLAT	ヒューリスティックなローカルアライメント手法。クエリー、データベースともにk-merに分割することで高速な探索を実現している。核酸、アミノ酸を入力とし核酸、アミノ酸データベースに対する探索が行える。	ローカル探索 ヒューリスティック 高速 核酸 アミノ酸 ゲノム
Show	核酸配列解析 ホモロジー検索	MEGABLAST	greedyアルゴリズムを用いてBLAST2よりも高速に、塩基	ローカル探索

Show 15 items Page 1 of 2 Displaying 1 to 15 of 16 items

(Rで)塩基配列解析

おそらくNGS解析系で最も有名なサイト。徹底的にR。2013年7月に孫建強氏の手により大幅リニューアル。

- 次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム(NGS Surfer's Wiki)

実務的な内容が豊富。

- DDBJ Read Annotation Pipeline

手持ちの高性能計算サーバがなくても

Read Annotation Pipelineについての紹

- Biopython

孫建強氏のサイト。Linux、Perlなどの各

アグリバイオの講義で利用します

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/04/05, since 2010)

What's new?

- 2014年9月1日～12日に「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」を東大農で開催します。近いうちに詳細を公開しますので興味ある方は予定を開けといてください。(2014/04/05) **NEW**
- 門田幸二 著シリーズ [Useful R 第7巻トランスクリプトーム解析](#)が2014年4月10日に共立出版から出ます。
- 機能解析の遺伝子オンロジー(GO)解析とパスウェイ(Pathway)解析周辺を更新し、SeqGSEAパッケージを用いた解析のみですが一通りできるようにしました。(2014/03/30) **NEW**
- 参考資料(講義、講習会、本など)の項目を追加しました。(2014/03/16) **NEW**
- 私の所属するアグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムでは、平成26年度も(東大生に限らず)バイオインフォ関連講義を行います。受講希望者は平成26年4月7日18:00-18:45に東大農学部二号館二階化学第一講義室にて開催予定の受講ガイダンスに出席してください。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が二割程度は受講しております。このウェブページと直接関連する講義は「[ゲノム情報解析基礎](#)」と「[農学生命情報科学特論](#)」ですが、背景理論の説明などは「[機能ゲノム学](#)」でも行います。興味ある科目のみの受講も可能ですので、お気軽にどうぞ。(2014/03/03)

- [はじめに](#) (last modified 2014/01/30)
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#) (last modified 2014/03/16) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2014/03/23) **NEW**
- [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/09/27)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
- イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2014/02/06)
- イントロ | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)

NGS解析系その他: [NGS現場の会](#)

よく聞かれますが、私はしがらみが増えるの...
つの学会(日本バイオインフォマティクス学会
せん。しかし、NGS解析現場の情報収集先と

日本語コンテンツの有用サイト: [ライフサイエ](#)

以下に代表的なものをリストアップしています
を開催してくれています。

- [Integbioデータベースカタログ](#)

様々なデータベースを統合したカタログ

- [統合TV](#)

有用なデータベースやウェブツールの

やBioMartなど「単語は聞いたことあり

するのかわからない...」的なものの

で必見です。特にBioMartは2012年初

れましたが、それに対応した番組(「[Bio](#)

する」など)を作ってくれていたりしてあ

[ゲノム解析ツールブック](#)

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/04/05, since 2010)

基本的には今でも一個人の備忘録です

What's new?

- 2014年9月1日～12日 東大農で開催します。
NEW
- 門田幸二 著 [シリーズ](#)
- 機能解析の遺伝子オミクス解析のみですが
- [参考資料\(講義、講習\)](#)
- 私の所属する [アグリバイオ](#) オイフォ関連講義を一講義室にて開催予定。割程度は受講しております。 [報科学特論I](#) ですので、お気軽にと



- [はじめに](#) (last modified)
- [参考資料\(講義、講習\)](#)
- [過去のお知らせ](#) (last)
- [Rのインストールと起動](#)
- [サンプルデータ](#) (last m)
- イントロ | 一般 | [ランタ](#)
- イントロ | 一般 | [任意の](#)
- イントロ | 一般 | [任意の](#)
- イントロ | 一般 | [ランタ](#)
- イントロ | 一般 | [任意の](#)
- イントロ | 一般 | [任意の](#)

はじめに

このページは、次世代シーケンサー (Next-Generation Sequencer; NGS) などから得られた短い塩基配列 (short read) データ解析をRで行うための一連の手続きをまとめているものであり、特に [アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#) の被養成者がわかる程度のレベルで作成した (しつつある) ものです。

Maintainer は [門田幸二](#) (東京大学大学院農学生命科学研究科) が永らく一人でやっていたのですが、2013年7月のリニューアル以降は私の出身研究室 (東京大学・大学院農学生命科学研究科・応用生命工学専攻・[生物情報工学研究室](#): 清水謙多郎教授) 大学院生の [孫建強氏](#) が [W3C validation](#)、美しいコーディング、[TCC](#) パッケージ開発および有用関数の TCC への追加など重要な役割を担っています。

また、私がこの仕事にこれだけの時間を費やせるのは、ボスである [清水謙多郎教授](#) の全面的なサポートのおかげです。

アグリバイオの分野は、ヒトやマウスといったゲノム配列既知のモデル生物ではなくアノテーション情報が乏しい **非モデル生物** を主に取り扱います。例えば、主に次世代シーケンサー (NGS) から得られる RNA-seq データを用いて、「**de novo (genome or transcriptome) assembly**」を行い、発現変動領域を同定する」といった解析が第一段階として行われます。アセンブル周辺は未だに Linux 上でのみ動作するプログラムを利用するしかありませんが、2013年頃から本格的に Windows OS 上でマッピングやカウントデータ取得が行えるようになり、(マイクロアレイ解析を行うために R に慣れた Windows ユーザの) 実験系研究者にとっての敷居が低くなってきました。もともと私は「徹底的に R」派ではありませんでしたが、50-100人規模のハンズオン (PC を用いて生物系の学生が手を動かす) 講義を講義として成立させようのは経験上、「R でコピペ」を基本とする以外はありません。Linux (や Windows のコマンドプロンプト系) の場合、基本コマンドの部分で多くの学生がつまづきます。「スペース」、「特殊文字」、「コマンドの打ち間違い」、「ファイルが存在しない」など、講義を中断せざるを得ない様々な局面に遭遇し、学生の側も手を動かしてついでに精一杯で「作業」に忙殺される傾向にあります。結果として、「本質的な全体像の理解」もままならずストレス、という愚痴や感想に至りがちです。このページの記述形式 (必要な部分のみ変更してコピペ) は、私が心穏やかにハンズオン講義を行うためのほぼ最終形です。しかし、私にとってのメリットだけでなく「今手元にあるデータを心穏やかに最小限の労力で解析したい人」にとっても有意義なページであろうと思っています。

ここでは、[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#) の教育研究用資料として、また、一部 [新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」](#) の研究を遂行する上で私が用いたテクニックや知識を項目別にまとめてあります。本当に正しいやり方かどうかなど一切の保証はできませんので予めご承知おきください。このページの中身自体は、所属機関とは一切関係ない一個人の備忘録のようなものです。リンクは自由にしていただいて構いませんし、講義資料として使うのもご自由になさってください。前もっての連絡なども一切必要ありません。個別の項目へのリンクはときどき切れると思いますがご容赦ください。必要に応じて随時変更していますので...。間違いや修正点、また「このような解析をやりたいがどうすればいいか?」などのリクエストがあればメール (kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp) をいただければ... (実際問題として相当様々なことトランプされてますので対応は難しいですが...) 前向きに検討させていただきます。もちろん、[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#) 被養成者からのリクエストは優先的に対応します。

なお、よく (例えば DVD ライブの) 外付け HDD に大きなサイズのファイル (4GB 以上) を保存できない、ということがあったりしますが、その対処法はおまじない的にコマンドプロンプト上で「`convert D:/fs.ntfs`」とやっておくことです。

このページ内で用いる色についての説明:

コメント
特にやらなくてもいいコマンド
プログラム実行時に目的に応じて変更すべき箇所

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/04/05, since 2010)

個人所有PCで講義を受けたい場合は、
下記一連の手順を実行しておく必要あり
(東大有線LANで数時間はかかります)

What's new?

- 2014年9月1日～12日に「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ) 東大農で開催します。近いうちに詳細を公開しますので興味ある方は予定を開きといてください」
NEW
- 門田幸二 著 [シリーズ Useful R 第7巻トランスクリプトーム解析](#)が2014年4月10日に共立出版から出ます。
- 機能解析の遺伝子オントロジー(GO)解析とパスウェイ(Pathway)解析周辺を更新し、SeqGSEAパッケージを用いた解析のみですが一通りできるようにしました。(2014/03/30) **NEW**
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#)の項目を追加しました。(2014/03/16) **NEW**

Rのインストールと起動

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。

よく分からない人でWindowsユーザーの方は以下を参考にしてください。

1. Windows release版のインストールの場合:

- [Rのインストーラ](#)を「実行」
- 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
- Windows Vistaの人**は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」の**チェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧め**します。
- インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.X.Y(32 bitの場合; XやY中の数値はバージョンによって異なります)」または「R x64 3.X.Y(64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
- 以下を、「R コンソール画面」上でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定)

```
install.packages(available.packages()[,1])#CRAN中にある全てのパッケージをインストール  
  
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない  
biocLite(all_group()) #Bioconductor中にある全てのパッケージをインストール
```

- 「コントロールパネル」-「デスクトップのカスタマイズ」-「フォルダオプション」-「表示(タブ)」-「詳細設定」のところで、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計
(last modified 2014/04/05, since 2010)

What's new?

- 2014年9月1日～12日に「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム」東大農で開催します。近いうちに公開しますので興味ある方は **NEW**
- 門田幸二 著 [シリーズ Useful R 第7巻トランスクリプトーム解析](#)が2014年4月10日発売です。
- 機能解析の遺伝子オンロジー(GO)解析とパスウェイ(Pathway)解析用いた解析のみですが一通りできるようにしました。(2014/03/30) **NEW**
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#)の項目を追加しました。(2014/03/16)
- 私の所属する[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)では、オインフォ関連講義を行います。受講希望者は平成26年4月7日18:00一講義室にて開催予定の受講ガイダンスに出席してください。例年東大農の講義室にて開催予定です。このウェブページと直接関連する講義は「[報科学特論](#)」ですが、背景理論の説明などは「[機能ゲノム学](#)」でも行いますので、お気軽にどうぞ。(2014/03/03)

- [はじめに](#) (last modified 2014/01/30)
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#) (last modified 2014/03/16) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2014/03/23) **NEW**
- [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/09/27)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
- イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/09/29)
- イントロ | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)



金明哲 編・門田幸二 著

シリーズ名 [シリーズ Useful R 全10巻](#) 【7】 巻
 ISBN 978-4-320-12370-0
 判型 B5
 ページ数 240ページ
 発売予定 2014年04月10日
 本体価格 3,600円

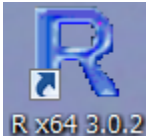
新刊

今日では、インターネット上の検索エンジンでキーワード検索すれば、個別の情報は簡単に得られる。しかし、本書のメインターゲットである生命科学分野の実験系研究者やこれからバイオインフォマティクスを学ぼうとする大学院生にとっては、特に統計関連の記述は難解であろう。巷に溢れている統計関連書籍の記述内容もまた、意味不明だという声をよく聞く。

本書は、トランスクリプトーム解析を行うための一連のスク립ト集である著者の2つのウェブページ「(Rで)マイクロアレイデータ解析; <http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html>」および「(Rで)塩基配列解析; http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html」を体系的にまとめた初の書籍である。

まず手元にある実際のデータやその解析結果を示し、解釈の仕方を述べてから一般論に導く記述形式を採用している。主な目的は、実データの解析結果を徹底的に眺めることで、統計的な感覚や数式の感覚を身につけることである。一般に、書籍中に記載されているRパッケージや関数は、パッケージ自体がなくなってしまったりオプションが変更されるなど比較的早期に陳腐化していく。本書は、もちろん執筆時点で最新の解析手順やRの関数を利用しているが、それらの賞味期限は短いことが予想される。そのため、最新の利用手順は2つのウェブページを参考にされたい。本書は、トランスクリプトーム解析のための二大技術であるマイクロアレイとRNA-seqをRで自在に解析するための基本的な考え方や注意点を体系的にまとめたものである。

Rの起動



起動直後は画面いっぱいになるので…

```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ
R Console
R version 3.0.2 (2013-09-25) -- "Frisbee Sailing"
Copyright (C) 2013 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してくださ

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

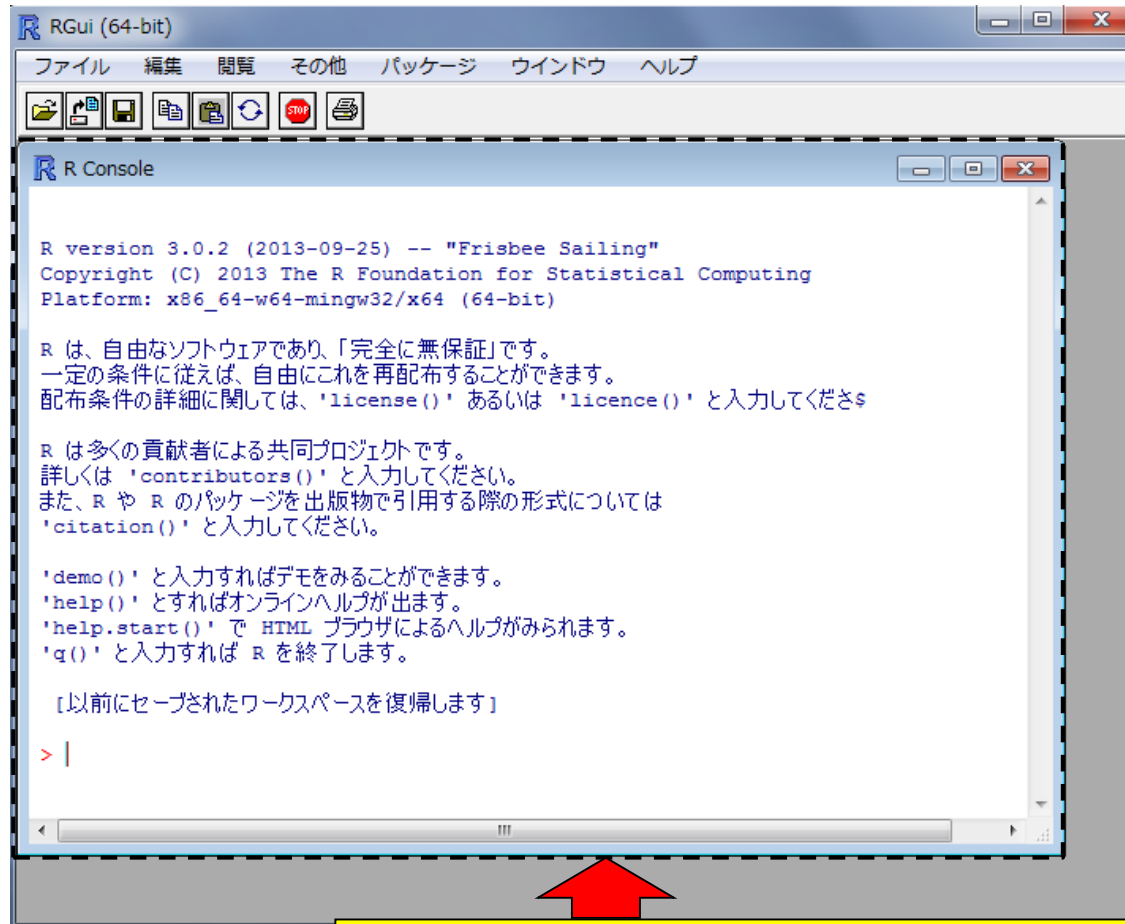
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

[以前にセーブされたワークスペースを復帰します]

> |
```

R ver. 3.0.3のヒトもいるかもしれないが気にしない

Rの画面説明



黒点線で囲われた部分が「Rコンソール画面」

基本的な使用法

```
R Console

R version 3.0.3 (2014-03-06) -- "Warm Puppy"
Copyright (C) 2014 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力し$

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> 1+1
[1] 2
> 100/3
[1] 33.33333
> |
```

数値計算ができます

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/04/05, since 2010)

塩基配列を解析できます

What's new?

- 2014年9月1日～12日に「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)速習コース」を東大農で開催します。近いうちに詳細を公開しますので興味ある方は予定を開きといてください。(2014/04/05)

NEW

- 門田幸二 著 [シリーズ UseR](#)
- 機能解析の遺伝子オントロ
- いた解析のみですが一通り
- 参考資料(講義、講習会、)
- 私の所属するアグリバイオ
- オインフォ関連講義を行い
- 一講義室にて開催予定の
- 割程度は受講しております
- [報科学特論](#)ですが、背景
- ですので、お気軽にどうぞ。

- はじめに (last modified 2014/01/30)
- 参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2014/03/16) NEW
- 過去のお知らせ (last modified 2014/03/23) NEW
- Rのインストールと起動 (last modified 2013/09/27)
- サンプルデータ (last modified 2014/04/01) NEW
- イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2014/02/06)
- イントロ | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- イントロ | 一般 | [指定した範囲の配列を取得](#) (last modified 2014/03/08)
- イントロ | 一般 | [指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- イントロ | 一般 | [翻訳配列\(translate\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [逆相補鎖\(reverse complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [逆鎖\(reverse\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [2連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2014/02/07)
- イントロ | 一般 | [3連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [Tips | 任意の拡張子でファイルを保存](#) (last modified 2013/09/26)
- イントロ | 一般 | [Tips | 拡張子は同じで任意の文字を追加して保存](#) (last modified 2013/09/26)
- イントロ | 一般 | [配列取得 | ゲノム配列 | 公共DBから](#) (last modified 2014/04/05) NEW
- イントロ | 一般 | [配列取得 | ゲノム配列 | BSgenome](#) (last modified 2014/04/01) NEW

- はじめに (last modified 2014/01/30)
- 参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2014/03/16) NEW
- 過去のお知らせ (last modified 2014/03/23) NEW
- Rのインストールと起動 (last modified 2013/09/27)
- サンプルデータ (last modified 2014/04/01) NEW
- イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- イントロ | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2014/02/06)
- イントロ | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- イントロ | 一般 | [指定した範囲の配列を取得](#) (last modified 2014/03/08)
- イントロ | 一般 | [指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- イントロ | 一般 | [翻訳配列\(translate\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [逆相補鎖\(reverse complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [逆鎖\(reverse\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [2連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2014/02/07)
- イントロ | 一般 | [3連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [任意の長さの連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | [Tips | 任意の拡張子でファイルを保存](#) (last modified 2013/09/26)
- イントロ | 一般 | [Tips | 拡張子は同じで任意の文字を追加して保存](#) (last modified 2013/09/26)
- イントロ | 一般 | [配列取得 | ゲノム配列 | 公共DBから](#) (last modified 2014/04/05) NEW
- イントロ | 一般 | [配列取得 | ゲノム配列 | BSgenome](#) (last modified 2014/04/01) NEW

- インポート | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- インポート | 一般 | [指定した範囲の配列を取得](#) (last modified 2014/03/08)
- インポート | 一般 | [指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- インポート | 一般 | [翻訳配列\(translate\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [逆相補鎖\(reverse complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [逆鎖\(reverse\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [2連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2014/02/07)
- インポート | 一般 | [2連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)

塩基配列を入力として、その翻訳されたアミノ酸配列を取得することができます

イントロ | 一般 | [翻訳配列\(translate\)を取得](#)

塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方をしめします。

「ファイル」-「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. FASTA形式ファイル([sample1.fasta](#))の場合:

```

in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.txt"        #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)        #パッケージの読み込み

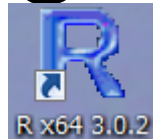
#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み

#本番
hoge <- translate(fasta)    #fastaをアミノ酸配列に翻訳した結果をhogeに格納
names(hoge) <- names(fasta) #現状では翻訳した結果のオブジェクトhogeのdescription行か
fasta <- hoge               #hogeの中身をfastaに格納
fasta                      #確認してるだけです

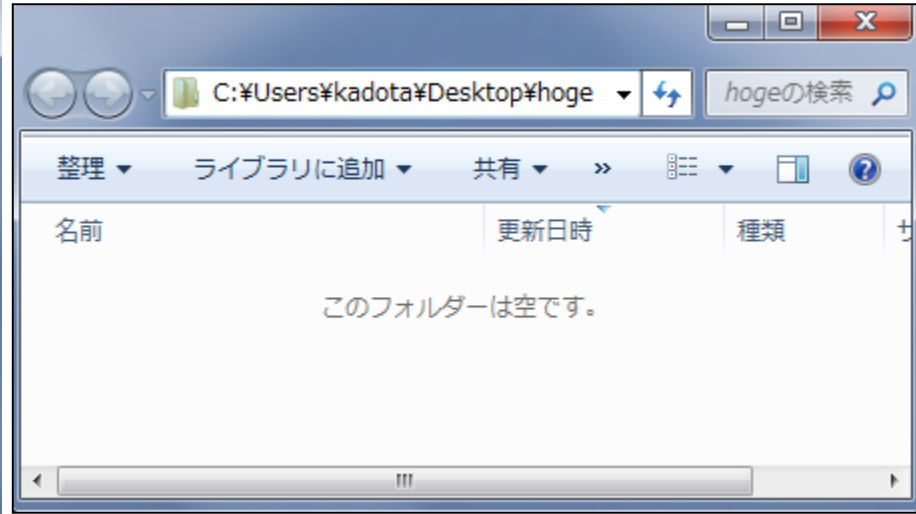
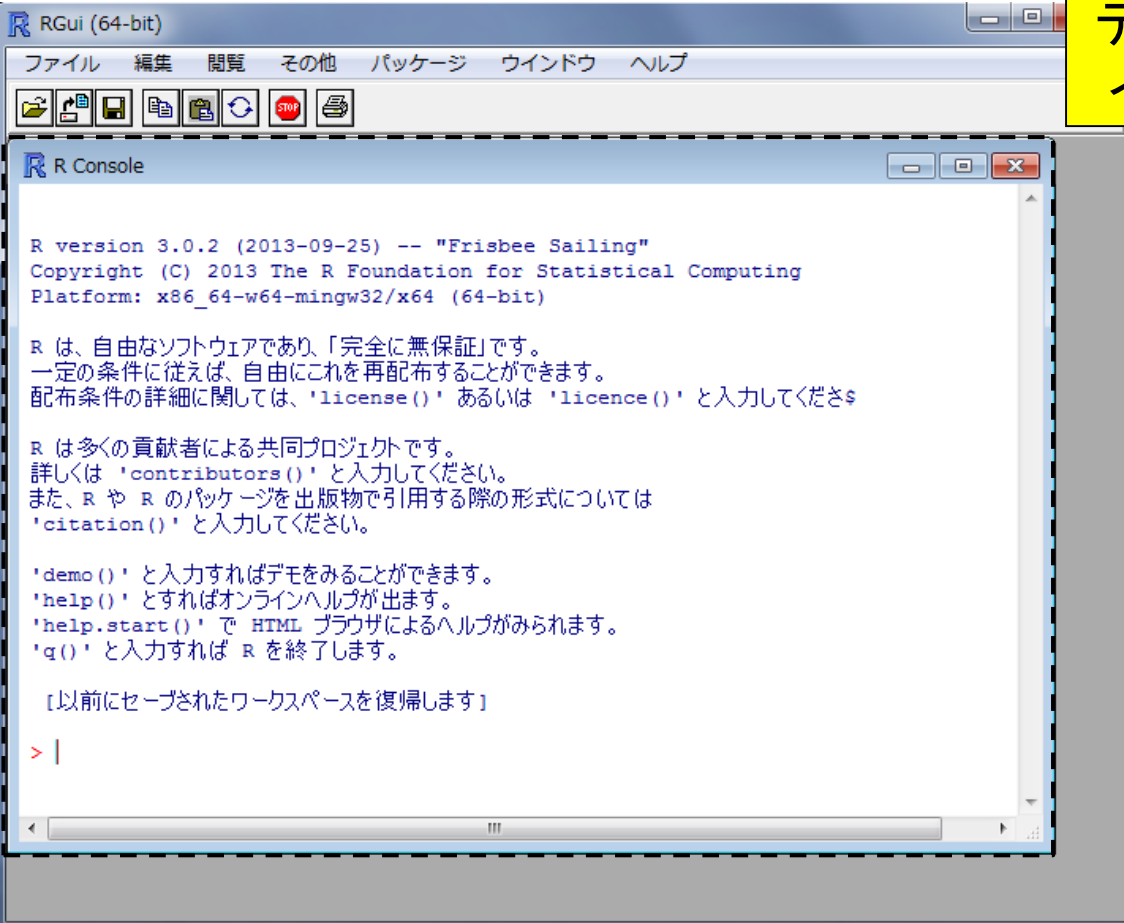
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で

```

hogeフォルダの作成



デスクトップにあるhogeフォルダ中のファイルを解析するやり方として説明します



塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方をしめします。
「ファイル」-「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の保存

```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.txt"

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f)

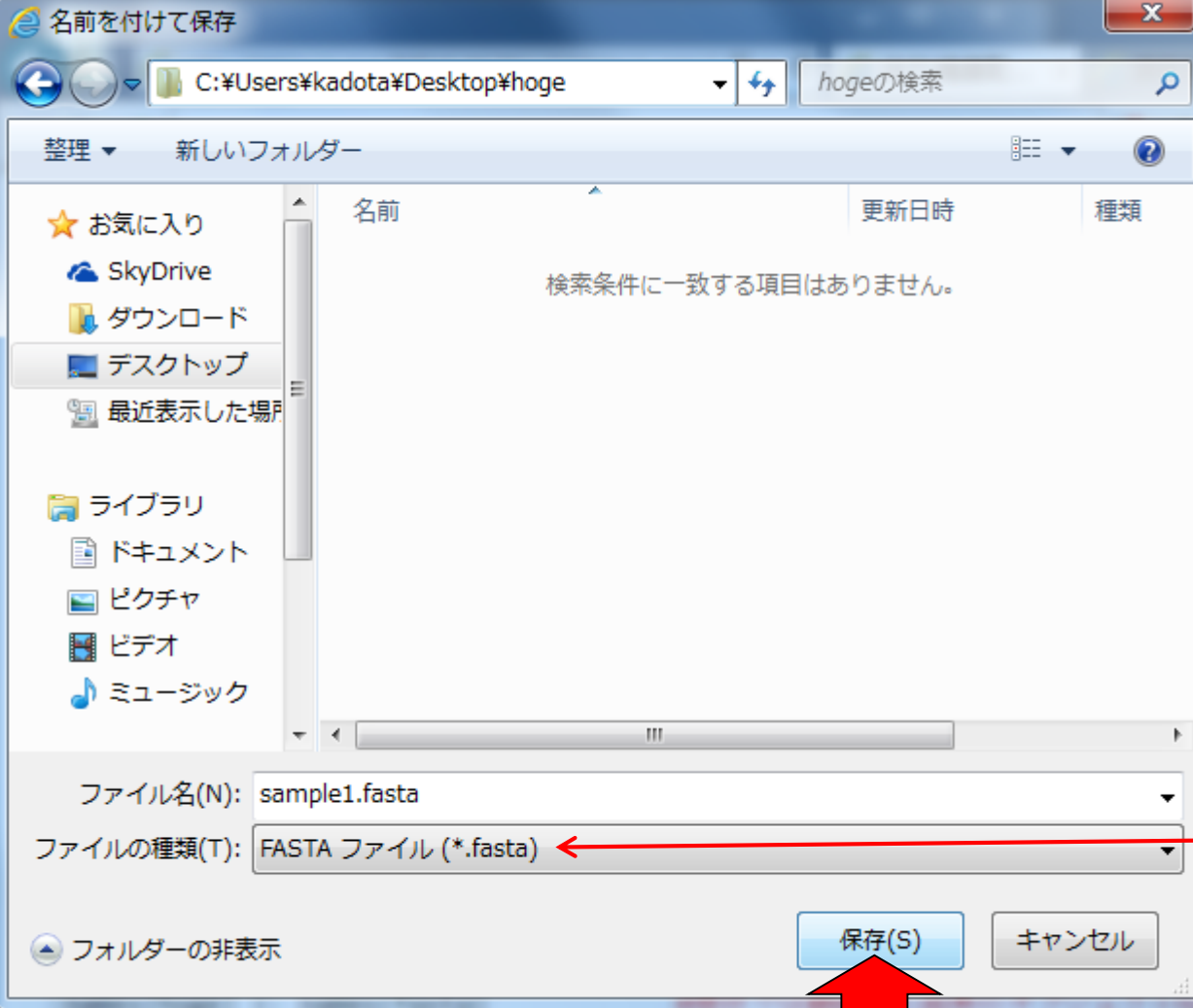
#本番
hoge <- translate(fasta)
names(hoge) <- names(fasta)
fasta <- hoge

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, out_f)
```

- 開く(O)
- 新しいタブで開く(W)
- 新しいウィンドウで開く(N)
- 対象をファイルに保存(A)...
- 対象を印刷(P)
- 切り取り
- コピー(C)
- ショートカットのコピー(T)
- 貼り付け(P)
- Bingで翻訳
- 電子メール (Windows Live Hotmail)
- すべてのアクセラレータ
- 要素の検査(L)

指定してin_fに格納
指定してout_fに格納

解析したいファイルsample1.fasta
をhogeフォルダ中に保存



解析したいファイル **sample1.fasta** を hoge フォルダ 中に保存

ときどきファイル拡張子が勝手に変わっていることがありますので、ご注意ください

作業ディレクトリの変更

「Windows(C:)」となっている場合もあるが、気にしない

貸与PCは「iu」

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R コードのソースを読み込み...
新しいスクリプト
スクリプトを開く...
ファイルの表示...
作業スペースの読み込み...
作業スペースの保存...
履歴の読み込み...
履歴の保存...
ディレクトリの変更... ①
印刷...
ファイルを保存...
終了

作業ディレクトリの変更
C:\

コンピューター
ローカル ディスク (C:) ②
SD Card (E:)

空き領域: 280 GB
合計サイズ: 453 GB

フォルダー(F): ローカル ディスク (C:)

新しいフォルダーの作成(N) OK キャンセル

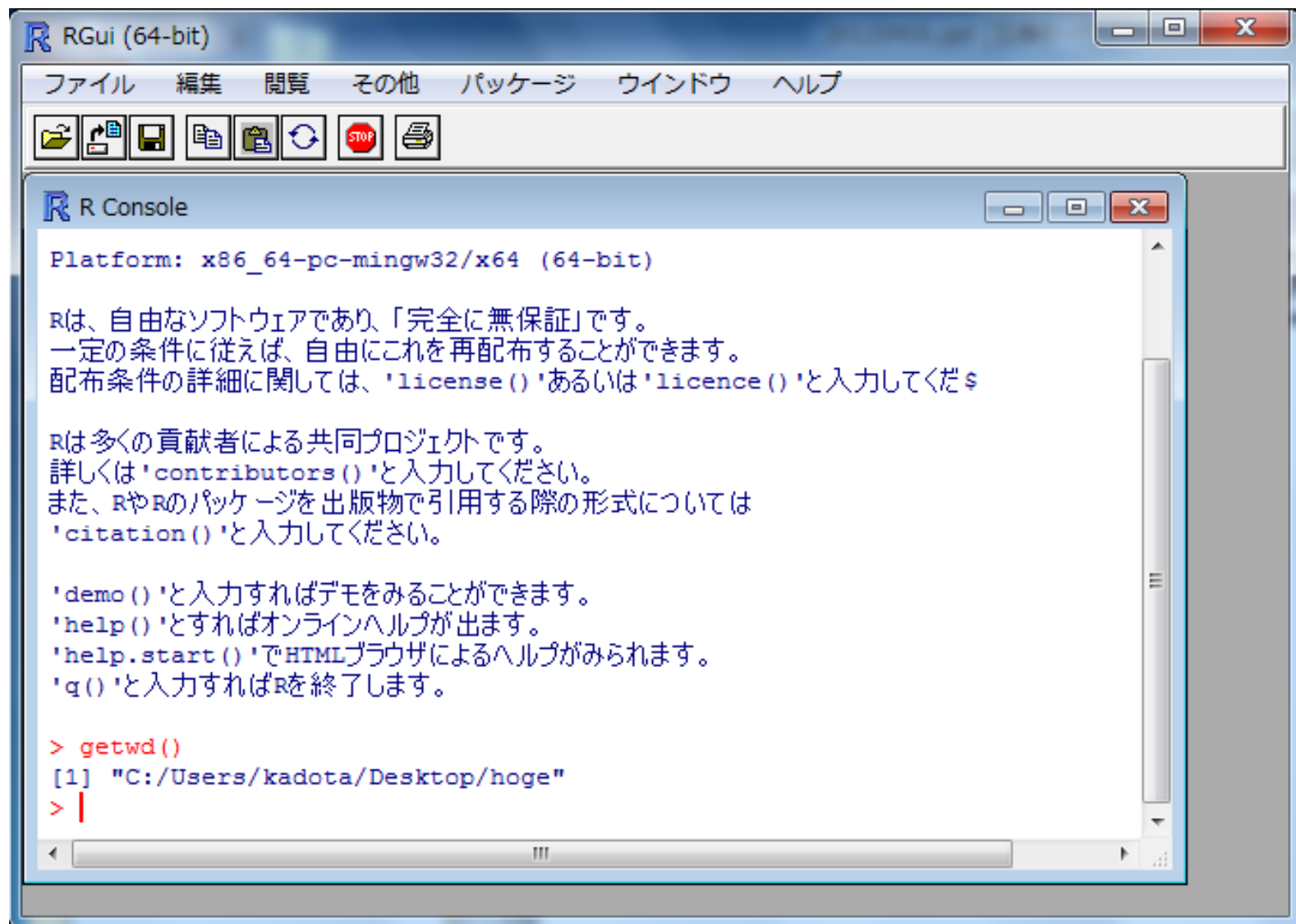
作業ディレクトリの変更
C:\Users\%kadota%\Desktop\hoge

Users ③
Default
kadota ④
AppData
Dropbox
Roaming
アドレス帳
お気に入り
ダウンロード
デスクトップ ⑤
hoge ⑥

フォルダー(F): hoge

新しいフォルダーの作成(N) OK ⑦ キャンセル

getwd()と打ち込んで確認



```
Platform: x86_64-pc-mingw32/x64 (64-bit)

Rは、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()'あるいは'licence()'と入力してくださ

Rは多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは'contributors()'と入力してください。
また、RやRのパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()'と入力してください。

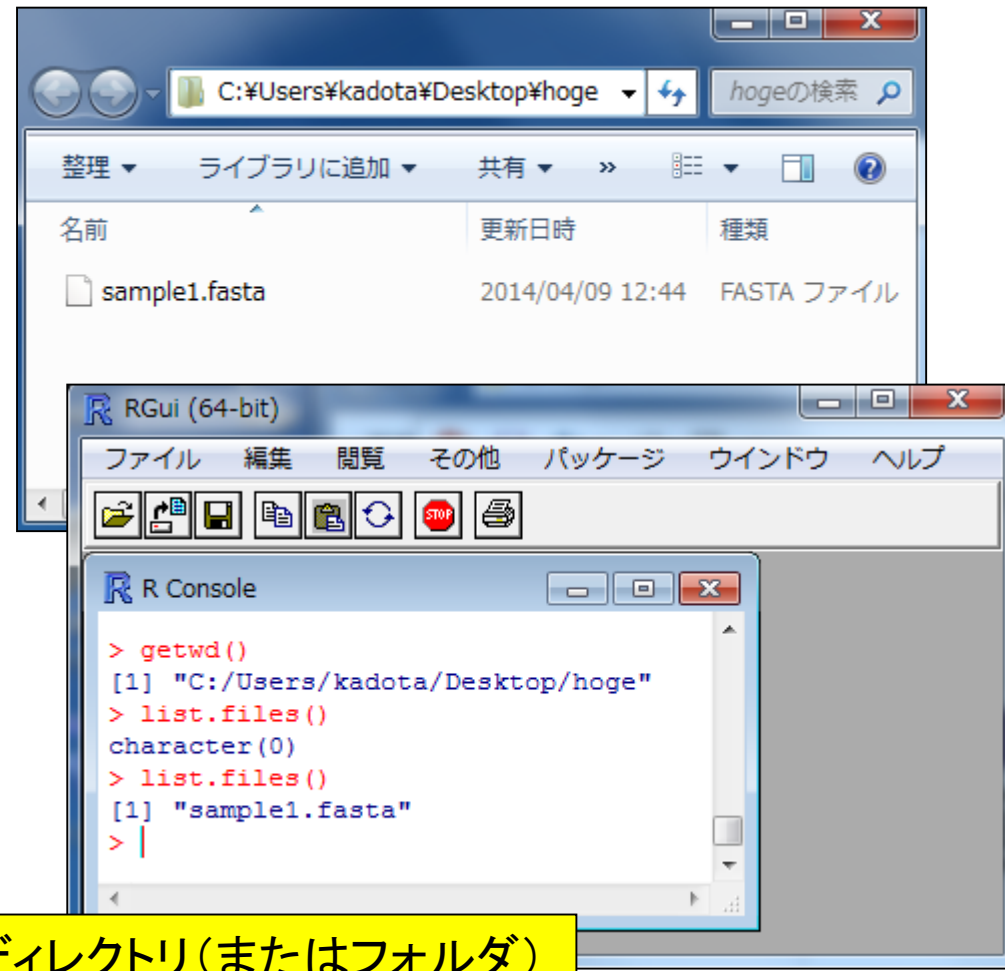
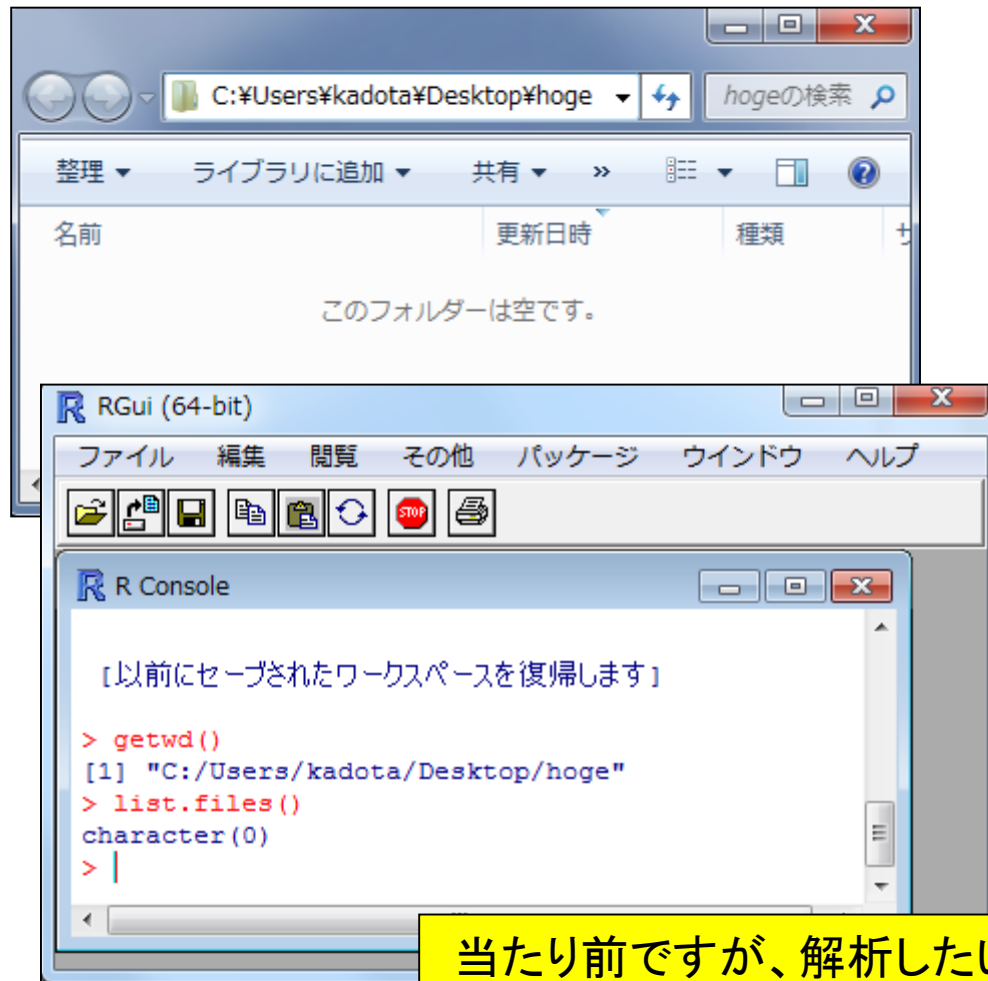
'demo()'と入力すればデモをみることができます。
'help()'とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()'でHTMLブラウザによるヘルプがみられます。
'q()'と入力すればRを終了します。

> getwd()
[1] "C:/Users/kadota/Desktop/hoge"
> |
```

実際のhogeフォルダとR操作画面の関係

ファイル保存前

ファイル保存後



当たり前ですが、解析したいディレクトリ(またはフォルダ)を正しく指定できていなければエラーに遭遇します。また、解析したいファイルが存在しない状態でもエラーが出ます



基本はコピー

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得

塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方をしめします。
「ファイル」-「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合:

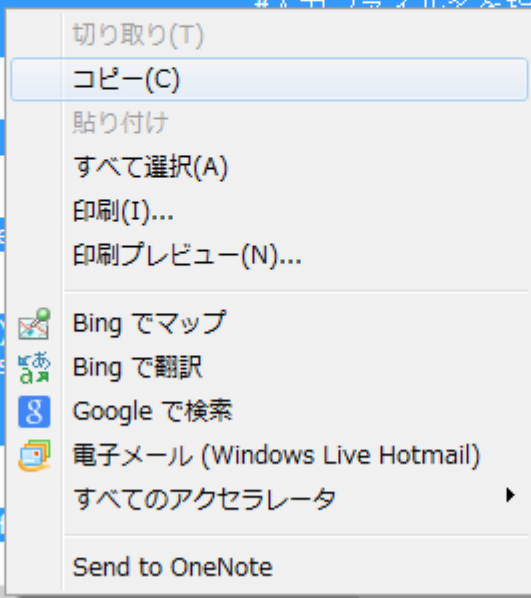
```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.txt"

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

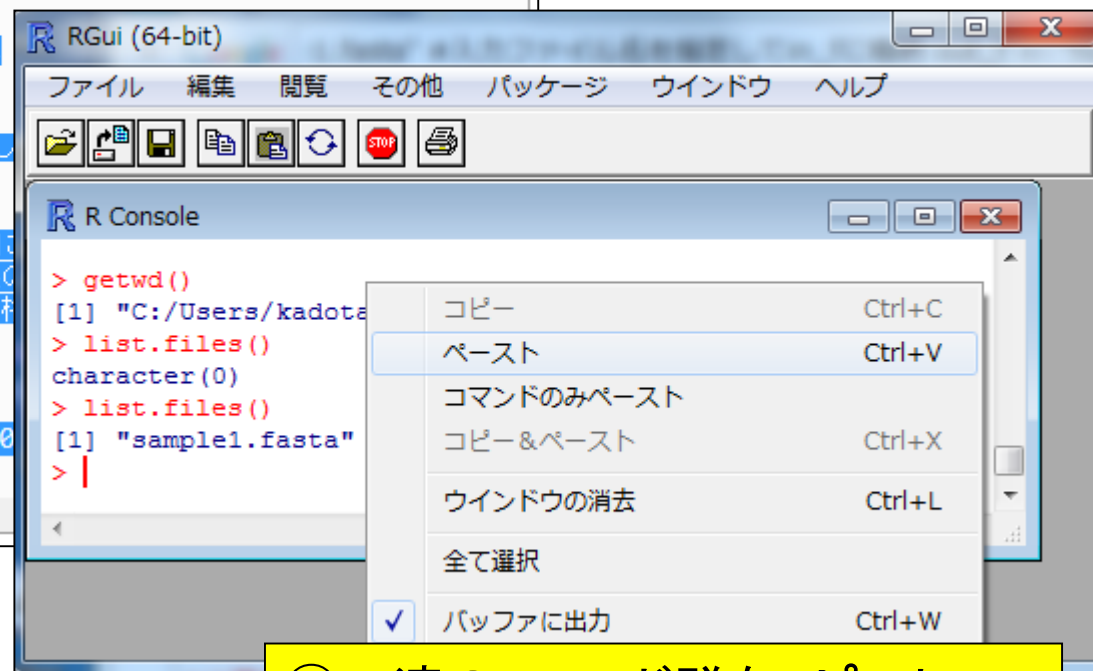
#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f)

#本番
hoge <- translate(fasta)
names(hoge) <- names(fasta)
fasta <- hoge

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, out_f)
```



2013年7月以降のリニューアルで、コードのコピーがやりずらくなっています。CTRLとALTキーを押しながらコードの枠内で左クリックすると、全選択できます。



- ①一連のコマンド群をコピーして
- ②R Console画面上でペースト

```

> in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
> out_f <- "hoge1.txt"        #出力ファイル名を指定してout_fに格納
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)         #パッケージの読み込み
要求されたパッケージ BiocGenerics をロード中です
要求されたパッケージ parallel をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'BiocGenerics'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :

  clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall,
  clusterEvalQ, clusterExport, clusterMap,
  parApply, parCapply, parLapply, parLapplyLB,
  parRapply, parSapply, parSapplyLB

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :

  xtabs

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :

  anyDuplicated, append, as.data.frame,
  as.vector, cbind, colnames, duplicated, eval,
  evalq, Filter, Find, get, intersect,
  is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget,
  order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int,
  Position, rank, rbind, Reduce, rep.int,
  rownames, sapply, setdiff, sort, table, tapply,
  union, unique, unlist

要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ XVector をロード中です
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
>
> #本番
> hoge <- translate(fasta)      #fastaをアミノ酸配列に翻訳した結果をhoge$
> names(hoge) <- names(fasta)  #現状では翻訳した結果のオブジェクトhoge$
> fasta <- hoge                #hogeの中身をfastaに格納
> fasta                        #確認してるだけです
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq          names
[1]     4 SDGL          kadota
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定$
> |

```

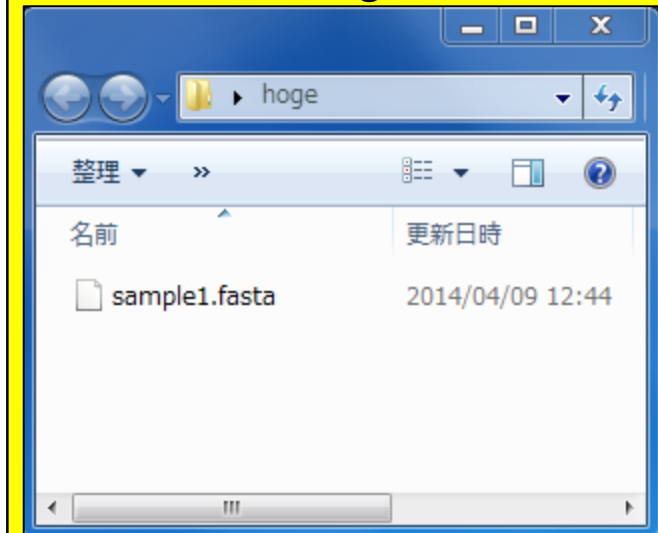
エラーなく実行できた場合の全貌

実行結果

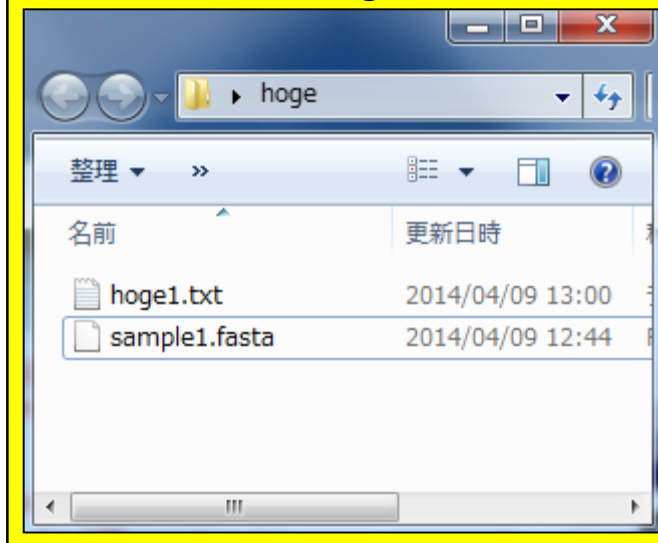
```

R Console
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fast$
>
> #本番
> hoge <- translate(fasta)           #fast$
> names(hoge) <- names(fasta)      #現状$
> fasta <- hoge                     #hoge$
> fasta                             #確認$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq          names $
[1]      4 SDGL          kadota
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="f$
> |
  
```

実行前のhogeフォルダ

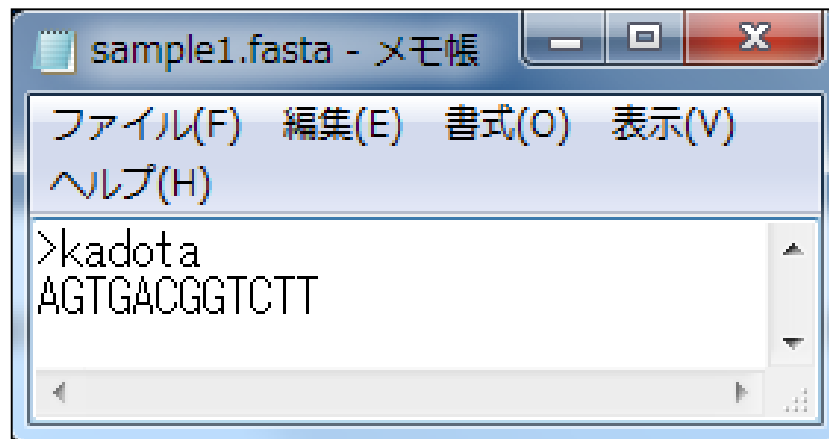


実行後のhogeフォルダ



実行結果

入力:塩基配列ファイル(sample1.fasta)



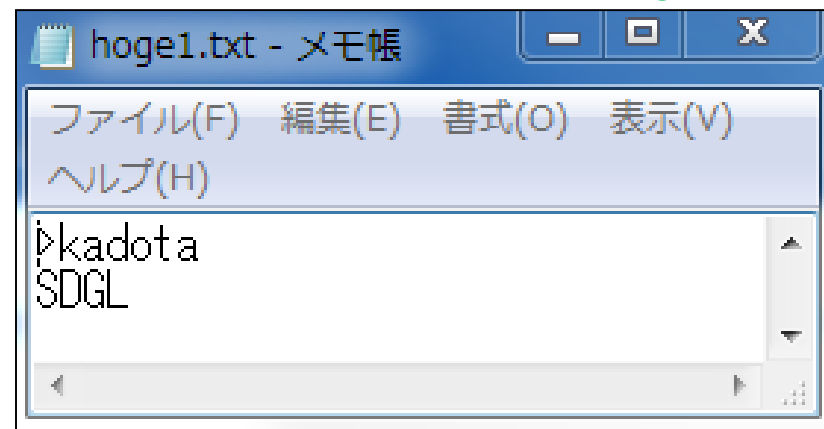
sample1.fasta - メモ帳

ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V)
ヘルプ(H)

```
>kadota
AGTGACGGTCTT
```



出力:アミノ酸配列ファイル(hoge1.txt)



hoge1.txt - メモ帳

ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V)
ヘルプ(H)

```
>kadota
SDGL
```


塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方をしめします。
「ファイル」-「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合:

```

in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_f
out_f <- "hoge1.txt"        #出力ファイル名を指定してout_f

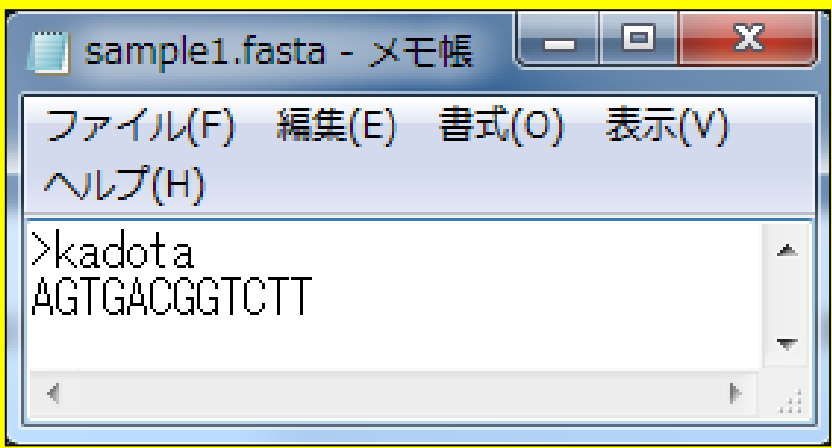
#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)        #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファ

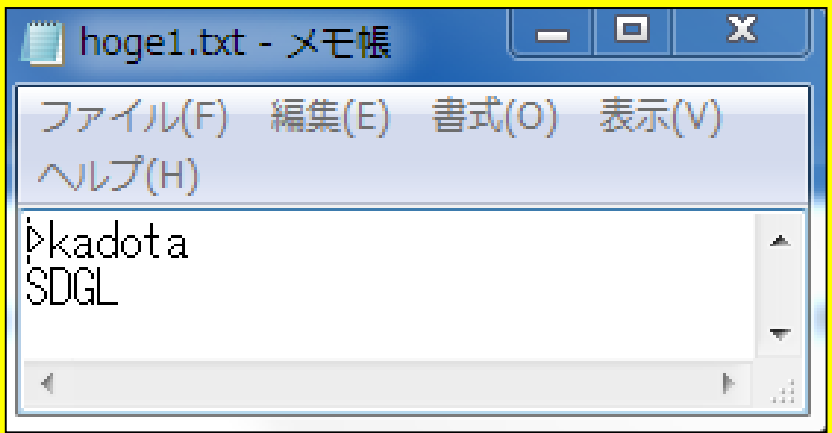
#本番
hoge <- translate(fasta)    #fastaをアミノ酸配列に翻訳し
names(hoge) <- names(fasta) #現状では翻訳した結果のオブジ
fasta <- hoge               #hogeの中身をfastaに格納
fasta                      #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fast
    
```

入力: 塩基配列ファイル(sample1.fasta)



出力: アミノ酸配列ファイル(hoge1.txt)



他にも様々なことが可能

- [はじめに](#) (last modified 2014/01/30)
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#) (last modified 2014/03/16) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2014/03/23) **NEW**
- [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/09/27)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
- インポート | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2013/10/10)
- インポート | 一般 | [任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2013/10/10)
- インポート | 一般 | [任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2014/02/06)
- インポート | 一般 | [ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2013/09/29)
- インポート | 一般 | [任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- インポート | 一般 | [指定した範囲の配列を取得](#) (last modified 2014/03/08)
- インポート | 一般 | [指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- インポート | 一般 | [翻訳配列\(translate\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [逆相補鎖\(reverse complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [逆鎖\(reverse\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [2連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2014/02/07)
- インポート | 一般 | [3連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | [任意の長さの連続塩基の出現頻度情報を取得](#) (last modified 2013/06/14)
- インポート | 一般 | **Tips** | [任意の拡張子でファイルを保存](#) (last modified 2013/09/26)
- インポート | 一般 | **Tips** | [拡張子は同じで任意の文字を追加して保存](#) (last modified 2013/09/26)
- インポート | 一般 | 配列取得 | ゲノム配列 | [公共DBから](#) (last modified 2014/04/05) **NEW**
- インポート | 一般 | 配列取得 | ゲノム配列 | [BSgenome](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**

塩基配列自在解析系

- CpG解析
- ゲノム配列取得
- プロモータ配列取得
- ...

[イントロ](#) | [一般](#) | [配列取得](#) | [プロモーター](#) | [配列](#) | [GenomicFeatures\(Lawrence 2013\)](#) (last modified 2013/10/10)
[イントロ](#) | [一般](#) | [配列取得](#) | [トランスクリプトーム配列](#) | [公共DBから](#) (last modified 2014/04/02) **NEW**
[イントロ](#) | [一般](#) | [配列取得](#) | [トランスクリプトーム配列](#) | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/25)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [様々なプラットフォーム](#) (last modified 2013/06/12)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [qPCRやmicroarrayなどとの比較](#) (last modified 2010/12/16)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [Viewer](#) (last modified 2014/01/29)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [配列取得](#) | [FASTQ or SRALite](#) | [公共DBから](#) (last modified 2014/03/27) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [配列取得](#) | [FASTQ or SRALite](#) | [SRADB\(Zhu 2013\)](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [|](#)について (last modified 2014/03/26) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [GFF/GTF形式ファイル](#) (last modified 2013/10/09)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [refFlat形式ファイル](#) (last modified 2013/09/25)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/26)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [TranscriptDb](#) | [|](#)について (last modified 2014/03/28) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [TranscriptDb](#) | [TxDb.*から](#) (last modified 2013/10/08)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [TranscriptDb](#) | [GenomicFeatures\(Lawrence 2013\)](#) (last modified 2013/10/13) **推奨**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [アノテーション情報取得](#) | [TranscriptDb](#) | [GFF/GTF形式ファイルから](#) (last modified 2014/04/01) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [FASTA形式](#) | [基本情報を取得](#) (last modified 2014/03/10)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [FASTA形式](#) | [description行の記述を整形](#) (last modified 2014/04/05) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [FASTQ形式](#) (last modified 2014/04/05) **NEW**
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [FASTQ形式](#) | [description行の記述を整形](#) (last modified 2013/06/13)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [Illuminaの* seq.txt](#) (last modified 2013/06/13)
[イントロ](#) | [NGS](#) | [読み込み](#) | [Illuminaの* qseq.txt](#) (last modified 2013/06/17)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [|](#)について (last modified 2014/03/10)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [BAM --> BED](#) (last modified 2013/10/25)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [FASTQ --> FASTA](#) (last modified 2013/06/17)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [Genbank --> FASTA](#) (last modified 2014/03/10)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [qseq --> FASTA](#) (last modified 2013/06/17)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [qseq --> Illumina FASTQ](#) (last modified 2013/06/17)
[イントロ](#) | [ファイル形式の変換](#) | [qseq --> Sanger FASTQ](#) (last modified 2013/08/19)
[前処理](#) | [クオリティチェック](#) | [|](#)について (last modified 2013/06/17)
[前処理](#) | [クオリティチェック](#) | [qrqc](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [クオリティチェック](#) | [PHREDスコアに変換](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [クオリティチェック](#) | [配列長分布を調べる](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [PHREDスコアが低い塩基をNに置換](#) (last modified 2014/03/03)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [PHREDスコアが低い配列\(リード\)を除去](#) (last modified 2014/03/03)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [ACGTのみからなる配列を抽出](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [ACGT以外のcharacter"- "をNに変換](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [ACGT以外の文字数が閾値以下の配列を抽出](#) (last modified 2013/09/27)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [重複のない配列セットを作成](#) (last modified 2013/06/18)
[前処理](#) | [フィルタリング](#) | [指定した長さ以上の配列を抽出](#) (last modified 2014/03/07)

・アノテーション情報取得や利用
 ・ファイル形式の変換
 ・フィルタリング
 ...

- 解析 | 発現変動 | 3群間 | 対応なし | 複製あり | [DESeq \(Anders 2010\)](#)(last modified 2014/03/13) **NEW**
- 解析 | 発現変動 | 時系列データ | [Bayesian model-based clustering \(Nascimento 2012\)](#)(last modified 2012/09/10)
- 解析 | 選択的スプライシング | [|](#)について (last modified 2014/02/04)
- 解析 | 選択的スプライシング | [DEXseq \(Anders 2012\)](#)(last modified 2014/02/04)
- 解析 | 選択的スプライシング | [Solás \(Richard 2010\)](#)(last modified 2010/11/29)
- 解析 | 機能解析 | 遺伝子オンロジー(GO)解析 | [|](#)について (last modified 2014/03/26) **NEW**
- 解析 | 機能解析 | 遺伝子オンロジー(GO)解析 | [SeqGSEA \(Wang 2014\)](#)(last modified 2014/04/01) 推奨 **NEW**
- 解析 | 機能解析 | 遺伝子オンロジー(GO)解析 | [GOseq \(Young 2010\)](#)(last modified 2010/11/26)
- 解析 | 機能解析 | パスウェイ(Pathway)解析 | [|](#)について (last modified 2014/03/30) **NEW**
- 解析 | 機能解析 | パスウェイ(Pathway)解析 | [SeqGSEA \(Wang 2014\)](#)(last modified 2014/04/04) 推奨 **NEW**
- 解析 | [ChIP-seq](#) | [|](#)について (last modified 2014/02/04)
- 解析 | ChIP-seq | [DiffBind \(Ross-Innes 2012\)](#)(last modified 2014/02/04)
- 解析 | ChIP-seq | [ChIPseqR \(Humburg 2011\)](#)(last modified 2014/02/04)
- 解析 | ChIP-seq | [chipseq](#) (last modified 2011/12/14)
- 解析 | ChIP-seq | [PICS \(Zhang 2011\)](#)(last modified 2011/12/14)
- 解析 | ChIP-seq | [ChIPpeakAnno \(Zhu 2010\)](#)(last modified 2011/01/18)
- 解析 | ChIP-seq | [rMAT \(Droit 2010\)](#)(last modified 2011/12/07)
- 解析 | ChIP-seq | [CSAR \(Kaufmann 2009\)](#)(last modified 2011/01/18)
- 解析 | ChIP-seq | [ChIPsim \(Zhang 2008\)](#)(last modified 2011/12/14)
- 解析 | ChIP-seq | 新規モチーフ | [rGADEM \(Li 2009\)](#)(last modified 2011/12/14)
- 解析 | ChIP-seq | 新規モチーフ | [cosmo \(Bembom 2007\)](#)(last modified 2013/10/17)
- 解析 | [chromosome conformation capture \(3C\)](#) | [|](#)について (last modified 2014/02/04)
- 解析 | 3C | [r3Cseq \(Thongjuea 2013\)](#)(last modified 2014/02/04)
- 解析 | [Bisulfite sequencing \(BS-seq\)](#) | [|](#)について (last modified 2014/02/08)
- 解析 | BS-seq | [BiSeq \(Hebestreit 2013\)](#)(last modified 2014/02/05)
- 解析 | BS-seq | [bsseq \(Hansen 2012\)](#)(last modified 2014/02/08)
- 解析 | 制限酵素切断部位 (RECS) 地図 | [REDseq \(Zhu 201X\)](#)(last modified 2011/12/14)
- 解析 | small RNA | [segmentSeq \(Hardcastle 2012\)](#)(last modified 2014/02/04)
- 作図 | [|](#)について (last modified 2012/09/10)
- 作図 | [M-A plot\(基本編\)](#)(last modified 2012/10/01)
- 作図 | [M-A plot\(ggplot2編\)](#)(last modified 2013/07/30)
- 作図 | [ROC曲線](#)(last modified 2012/10/01)
- 作図 | [SplicingGraphs](#)(last modified 2013/08/07)
- [パイプライン](#) | [|](#)について (last modified 2013/10/17)
- パイプライン | ゲノム | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | 複製あり | [SRP017142\(Neyret-Kahn 2013\)](#)(last modified 2014/03/27) **NEW**
- パイプライン | ゲノム | 機能解析 | 2群間 | 対応なし | 複製あり | [SRP017142\(Neyret-Kahn 2013\)](#)(last modified 2014/04/01) **NEW**
- パイプライン | ゲノム | 機能解析 | 2群間 | 対応なし | 複製あり | [SRP011435\(Huang 2012\)](#)(last modified 2014/04/02) **NEW**
- パイプライン | ゲノム | small RNA | [SRP016842\(Nie 2013\)](#)(last modified 2013/11/12)
- [リンク集](#) (last modified 2012/03/29)

・RNA-seq, ChIP-seq, BS-seq
 ・機能解析
 ・一連のデータ解析パイプライン
 ...