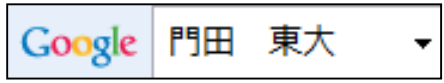
ビッグデータ解析とR

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
門田幸二(かどた　こうじ)
kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/



本セッションの宣伝
用ポスターです

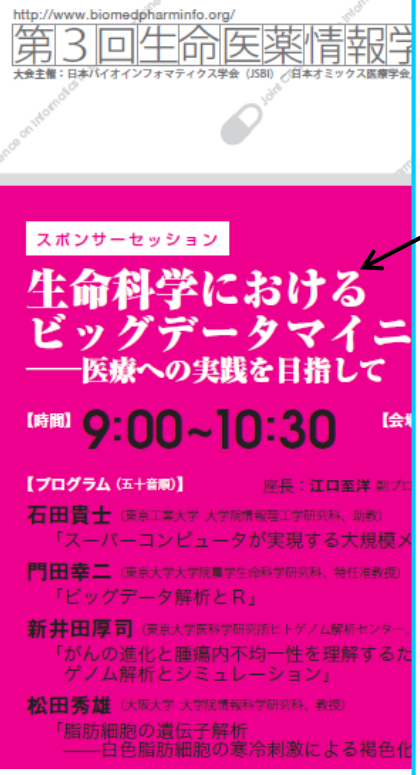
理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology Research Center, AIST

http://www.scls.riken.jp/

門田は「**生命科学におけるビッグデータマイニング –医療への実践を目指して**」の課題に直接取り組んでいるわけではありません。



理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology R

課題４　大規模生命データ解析

代表：宮野 悟　東京大学 医科学研究所

1) 大規模データ解析によるがんのシステム異常の網羅的解析とその応用

新井田厚司 先生

宮野 悟
（東京大学 医科学研究所）

2) 大規模生体分子ネットワーク解析による脂肪細胞組織の刺激応答の網羅的解析とその応用

松田秀雄 先生

松田 秀雄
（大阪大学大学院情報科学研究科）

3) 次世代シーケンサーデータ解析のための情報処理システムの開発

石田貴士 先生

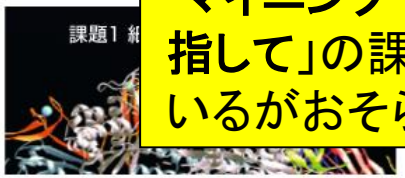
秋山 泰
（東京工業大学大学院情報理工学研究科）

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会

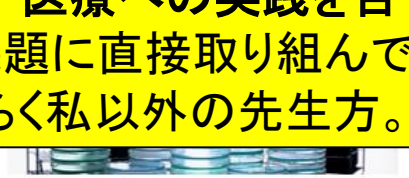
スポンサーセッション
生命科学における
ビッグデータマイニ
――医療への実践を目指して
【時間】9:00~10:30
【プログラム（五十音順）】　座長：江口至洋
石田貴士（東京工業大学 大学院情報理工学研究科、助教）
「スーパーコンピュータが実現する大規模メ
門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）
「ビッグデータ解析とR」
新井田厚司（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するた
ゲノム解析とシミュレーション」
松田秀雄（大阪大学 大学院情報科学研究科、教授）
「脂肪細胞の遺伝子解析
――白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化

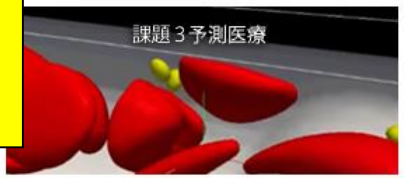
SCLS
HPCI 戦略
「予測す
HOME　SCLSについて

4つの研究課題



細胞内分子ダイナミクスのシミュレーション


創薬応用シミュレーション



予測医療に向けた階層統合シミュレーション

大規模生命データ解析

2014/07/01　メディア・リリース
TBSテレビ「夢の扉＋」「スパコン"京"で未来を予測せよ！」(7/6 18:30-19:00放送予定)、分野１取材協力

2014/06/30　セミナー・シンポジウム
だれにでもわかる拡張サンプリングシミュレーション

「生命科学におけるビッグデータマイニング －医療への実践を目指して」の課題に直接取り組んでいるがおそらく私以外の先生方。

理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology R

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学連合大会2014
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会／情報計算化学生物学会（CBI学会）

スポンサーセッション
生命科学における
ビッグデータマイニング
――医療への実践を目指して

【時間】9:00~10:30　【会場】萩（2階）

【プログラム（五十音順）】
石田貴士
「スーパーコンピュータが実現する大規模ヒトゲノム機能解析」
門田幸二
「ビッグデータ解析とR」
新井田厚司
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するための
ゲノム解析とシミュレーション」
松田秀雄
「脂肪細胞の遺伝子解析
――白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化の機構解明――」

チュートリアル
フリー
ビッグ
塩基配列解

【時間】10:5

【講師】門田幸二

【受講要件】必要なソフトウェアやパッケージを
インストール済みのノートPCを持参できる方
（詳細はこちらでご確認ください。）
https://npcl.cbrc.jp/modules/tutorial/biomedpharminfo2014.html

【要旨】

課題４　大規模生命データ解析
代表：宮野 悟　東京大学 医科学研究所

1) 大規模データ解析によるがんのシステム異常の網羅的解析とその応用
新井田厚司 先生
宮野 悟
（東京大学 医科学研究所）

2) 大規模生体分子ネットワーク解析による脂肪細胞組織の刺激応答の網羅的解析とその応用
松田秀雄 先生
松田 秀雄
（大阪大学大学院情報科学研究科）

3) 次世代シーケンサーデータ解析のための情報処理システムの開発
石田貴士 先生
秋山 泰
（東京工業大学大学院情報理工学研究科）

「生命科学におけるビッグデータマイニング －医療への実践を目指して」の課題に直接取り組んでいるがおそらく私以外の先生方。

門田は前座です

自己紹介

- 1974年高知県生まれ
- 2002年3月
  - 東京大学・大学院農学生命科学研究科・応用生命工学専攻　博士課程修了
  - 学位論文：「cDNAマイクロアレイを用いた遺伝子発現解析手法の開発」
    （指導教官：清水謙多郎教授）
- 2002/4/1~
  - 産総研・生命情報科学研究センター（CBRC）　産総研特別研究員
  - **マイクロアレイ解析手法開発**
- 2003/11/1~
  - 放医研・先端遺伝子発現研究センター　研究員
  - **一次元電気泳動波形解析手法開発**
- 2005/2/16~
  - 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プログラム
  - **マイクロアレイ解析手法開発**
  - **RNA-seqデータ解析手法開発**

研究は（トランスクリプトーム解析周辺の）手法開発系ですが、最近はフリーソフトウェアR関連のハンズオンセミナーなど教育（人材養成）がメイン。

+ サイトマップ + English

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

Agricultural Bioinformatics Research Unit

受講生の方へ　研究者の方へ

- + 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

東京大学 THE UNIVERSITY OF TOKYO

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
- 知識情報処理論
- 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
- 構造バイオインフォマティクス基礎
- 生物配列解析基礎
- バイオスタティスティクス基礎論

カテゴリー	科目名	学期・単位	実施曜日
基礎	1. 生物配列解析基礎		
	生命科学のためのデータベースの利用と基本的な解析手法について講義します。データベースの基礎、配列データベース、機能データベース、ホモロジー検索、モチーフ解析などの基本的な手法について解説します。	夏・1	火曜
	2. ゲノム情報解析基礎		

講義風景(平成26年度)

アグリバイオインフォマティクスでは、主にRを用いて100人規模の実践的なハンズオン大学院講義を行っています。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html

(Rで)マイクロアレイ...

(Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2014/05/17, since 2005)

What's new?

- 門田幸二 著シリーズ Useful R 第
  最近の知見や、ROKU法 (Kadota
  す。書籍中のマイクロアレイ解析
  | ...」に掲載してあります。(2014/0
- お知らせは主に(Rで)塩基配列解
  講演資料なども(Rで)塩基配列解

- はじめに(last modified 2014/05/1
- 過去のお知らせ(last modified 20
- Rのインストールと起動(last modi
- Rの昔のバージョンのインストール
- 使用例(初心者向け)(last modifie
- サンプルデータ (last modified 20
- 書籍 | について (last modified 201
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |

私の講義は、この2つのウェブページを利用しています。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.ht

(Rで)塩基配列解析

(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 2014/07/07, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフトRと利用可能なパッケージの多くをインストール済みである前提で記述していますので、Rのインストールと起動を参考にして必要なパッケージのインストールを行ってください。
- 2014年7月22日にイルミナウェビナーで話します。興味ある方はどうぞ。(2014/06/30) 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刊行(共立出版)
- マップ後 | 配列長とカウント数の関係のところで、boxplotでの描画の際にparam個で分割(20分割など)するテクニックとして「floor(nrow(data)/param)+1」としていましたが、これだと割り切れる場合でも+1してしまうことが判明したため「ceiling(nrow(data)/param)」に修正しました(佐伯亘平氏提供情報)。(2014/07/03) 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(次世代シークエンサ)速習コース」を東大農で開催します。受講申込は6/24夕方に締め切りましたが、TA申込み枠はまだ若干余裕があります。**TA申込みが全日程受講申込締め切り後の6/24から7/3朝までできない状態になっていたようで失礼しました m(_ _)m。7/4の10:00ごろに復旧しております。**(2014/07/04) NEW
- 参考資料(講義、講習会、本など)の項目を追加しました。(2014/07/03) NEW

- はじめに (last modified 2014/01/30)
- 参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2014/07/07) NEW
- 過去のお知らせ (last modified 2014/06/30) NEW
- Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)
- サンプルデータ (last modified 2014/06/21) NEW
- 書籍 | トランスクリプトームについて (last modified 2014/05/12)

トップページへ

本日の講演資料はここからダウンロードできます

ウェブページの内容をまとめたものが2014年4月出版

(Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2014/05/17, since 2005)

What's new?

- 門田幸二 著シリーズ Useful R 第
  最近の知見や、ROKU法 (Kadota
  す。書籍中のマイクロアレイ解析
  | ...」に掲載してあります。(2014/0
- お知らせは主に(Rで)塩基配列解
  講演資料なども(Rで)塩基配列解

- はじめに(last modified 2014/05/1
- 過去のお知らせ(last modified 20
- Rのインストールと起動(last modi
- Rの昔のバージョンのインストール
- 使用例(初心者向け)(last modifie
- サンプルデータ (last modified 20
- 書籍 | について (last modified 201
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 |

(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

(last modified 2014/07/07, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフトRと利用可能なパッケージの多くをインストール済
  すので、Rのインストールと起動を参考にして必要なパッケージのインストールを
- 2014年7月22日にイルミナウェビナーで話します。興味ある方はどうぞ。(2014/06/

- 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刊行(共立出版)
- マップ後 | 配列長とカウント数の関係のところで、boxplotでの描画の際にparam
  ニックとして「floor(nrow(data)/param)+1」としていましたが、これだと割り切れる場
  明したため「ceiling(nrow(data)/param)」に修正しました(佐伯亘平氏提供情報)。(
- 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
  東大農で開催します。受講申込は6/24夕方に締め切りましたが、TA申込み枠は
  TA申込みが全日程受講申込締め切り後の6/24から7/3朝までできない状態にな
  m(_ _)m。7/4の10:00ごろに復旧しております。(2014/07/04) NEW
- 参考資料(講義、講習会、本など)の項目を追加しました。(2014/07/03) NEW

本日の講演資料はここからダウンロードできます

- はじめに (last modified 2014/01/30)
- 参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2014/07/07) NEW
- 過去のお知らせ (last modified 2014/06/30) NEW
- Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)
- サンプルデータ (last modified 2014/06/21) NEW
- 書籍 | トランスクリプトームについて (last modified 2014/05/12)

トップページへ

Google ngs 解析

ウェブ 画像 ニュース 動画 ショッピング もっと見る 検索ツール

約 92,200 件 (0.12 秒)

(Rで)塩基配列解析
www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html
(2014/06/25); 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刊行(共立出版) ..... 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 ...

次世代シークエンサ(NGS)解析で使われるソフトの簡単なまとめ ...
d.hatena.ne.jp/sesejun/20100521/p1
2010/05/21 - 次世代シークエンサ (NGS)解析で使われるソフトの簡単なまとめ. 2010/5/25. ... 既に解析をガシガシやられている先人の方から,こんなソフト使ってるよーとか,そんなん使わん,とか突っ込み歓迎です. あとソフトが見つからないところが有る ...

次世代シーケンサー お悩みカウンセリング
www.mss.co.jp/businessfield/bioinformatics/ngs/
参照配列(既知のゲノム配列)にリードをマッピング(参照配列のどこに該当するのかを決める)する一次解析と、解析手法ごとの二次解析の二段階の処理が必要になります。マッピングが必要な解析. NGS機器からの配列データ(FASTQ)詳細 · 参照配列詳細.

NGS Surfer's Wiki | ツール情報 - Cell Innovation Program
https://cell-innovation.nig.ac.jp/wiki/tiki-index.php?page=ツール情報
2014/03/25 - sesejun先生のブログ Loud Minority(次世代シークエンサ (NGS)解析で使われるソフトの簡単なまとめ) (external link) ... マッパーの情報はありませんが、エピジェネティック関連のツールのカテゴリが無いので備忘的に。高次解析用 ...

よく分かる次世代シークエンサー解析"を開催します。3月17日 ...

Rの内容中心ですがNGS関連キーワードでもよく引っかかります。
Rは京にもインストールされており、ビッグデータの前処理や後処理で使われているようです。

理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

https://hpci.cbrc.jp/

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology Research Center, AIST

門田はHPCI人材養成プログラムの一部を例年担当させていただいております

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学連合
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会／情報計算化学

スポンサーセッション
生命科学における
ビッグデータマイニング
――医療への実践を目指して

【時間】9:00~10:30 【会場】萩

【プログラム（五十音順）】 座長：江口至洋
石田貴士（東京工業大学 大学院情報理工学研究科、助教）
「スーパーコンピュータが実現する大規模メタゲノム
門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）
「ビッグデータ解析とR」
新井田厚司（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター、特任助教）
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するための
ゲノム解析とシミュレーション」
松田秀雄（大阪大学 大学院情報科学研究科、教授）
「脂肪細胞の遺伝子解析
――白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化の機構解

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」
代表機関（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

e-learning	～ 平成26年度 開講しました ～ H25年 HPCIセミナー 新規コンテンツ追加 どなたでもお好きな時間にインターネット経由で学べるe-ラーニング バイオインフォ・創薬インフォ・最先端の研究紹介セミナー等を収録しています。	詳細はこちら
tutorial	～ 平成26年度 講習会ご案内 ～ 1人1台のPCを用いた実習付き講習会を開催 創薬インフォマティクス実習コース 受講申込受付中です。 また創薬コース@大阪 キャンセル待ち、特論のみ聴講申込受付中です。	詳細はこちら
seminar	～ 平成26年度 日程・講師確定 ～10月以降金曜全12回、講演タイトル公開中 最先端の研究セミナーを一般公開。どなたでも聴講頂けます。 平成23, 24 ,25年度の一部のHPCIセミナーはe-learning化されています。	詳細はこちら
workshop	～ 平成26年度 開催日時・講演者決定 ～10月4日(土)9時～ HPC(High Performance Computing)を用いた生命科学の最先端の話題にフォーカスしたワークショップを生命医薬情報学連合大会2014において開催予定	詳細はこちら

Oct 04 2014, HPCI workshop

理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プロ
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学連合大会2014
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会／情報計算化学生物学会（CBI学会）

スポンサーセッション

生命科学における
ビッグデータマイニング
――医療への実践を目指して

【時間】9:00~10:30　【会場】萩（2階）

【プログラム（五十音順）】　座長：江口至洋 副プログラムディレクター

石田貴士（東京工業大学 大学院情報理工学研究科、助教）
「スーパーコンピュータが実現する大規模メタゲノム機能解析」

門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）
「ビッグデータ解析とR」

新井田厚司（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター、特任助教）
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するための
ゲノム解析とシミュレーション」

松田秀雄（大阪大学 大学院情報科学研究科、教授）
「脂肪細胞の遺伝子解析
――白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化の機構解明――」

チュートリア
フリー
ビック
塩基配列
【時間】10:
【講師】門田
【受講要件】必
【要旨】
フリーソフトRは
タ解析の入門と
と多様な解析が可
基配列解析の全体
さや、バイオイン

https://hpci.cbrc.jp/

バイオインフォマティクス実習コース
- バイオインフォマティクスの基礎知識・実践技術を短期間に習得 -
第一線の研究者が講師として、バイオ情報
に指導します。計算機実習は1人1台の PC
混ぜたカリキュラムで、バイオインフォマ
で講義・実習を行い、受講を希望するもの
る知識や技術を設定した受講要件があり
れまで当センターで実施してきた生命情報
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。

HPCI人材養成プログラムの一環として、Linuxに比べて敷居の低いRを用いた(ビッグ)データ解析のノウハウを伝授しています。

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）

理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology Research Center, AIST

https://hpci.cbrc.jp/

HPCI人材養成プログラムの一環として、Linuxに比べて敷居の低いRを用いた(ビッグ)データ解析のノウハウを伝授しています。受講者の要望を踏まえ、今年度は講習時間を倍増(丸1日→2日)。

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学連合大会2014
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会／情報計算化学生物学会（CBI 学会）

スポンサーセッション

生命科学における ビッグデータマイニング
——医療への実践を目指して

【時間】9:00~10:30　【会場】萩（2階）

【プログラム（五十音順）】　座長：江口至洋 副プログラムディレクター

石田貴士（東京工業大学 大学院情報理工学研究科、助教）
「スーパーコンピュータが実現する大規模メタゲノム機能解析」

門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）
「ビッグデータ解析とR」

新井田厚司（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター、特任助教）
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するための ゲノム解析とシミュレーション」

松田秀雄（大阪大学 大学院情報科学研究科、教授）
「脂肪細胞の遺伝子解析 ——白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化の機構解明——」

チュートリアルセッション

フリーソフトRを用いた ビッグデータ解析：
塩基配列解析を中心に ～ソフトウェアR(ver.2.14.0)とBioconductor(ver.2.14)を用いた実習中心の講習会～

【時間】10:50~12:20　【会場】小会議室4（2階）

【講師】門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）

【受講要件】必要なソフトウェアやパッケージをインストール済みのノートPCを持参できる方

【要旨】
フリーソフトRは
タ解析の入門とし
と多様な解析が可
基配列解析の全体
さや、バイオイン

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)

理化学研究所
HPCI計算生命科学推進プログラム
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences

＋

産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター
HPCI人材養成プログラム
HPCI Fostering Human Resources Program, Computational Biology Research Center, AIST

https://hpci.cbrc.jp/

HPCI人材養成プログラムの一環として、Linuxに比べて敷居の低いRを用いた(ビッグ)データ解析のノウハウを伝授しています。受講者の要望を踏まえ、今年度は講習時間を倍増(丸1日→2日)。**メインは時間数的にも来年3月のほう**ですが、プログラム内部の説明、マイクロアレイ解析希望者への対応、こんな感じでやってます的な話が本日10:50–12:20のセッション。

http://www.biomedpharminfo.org/
第3回生命医薬情報学連合大会2014
大会主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBI）／日本オミックス医療学会／情報計算化学生物学会（CBI学会）

スポンサーセッション

生命科学における ビッグデータマイニング
——医療への実践を目指して

【時間】9:00~10:30　【会場】萩（2階）

【プログラム（五十音順）】　座長：江口至洋 副プログラムディレクター

石田貴士（東京工業大学 大学院情報理工学研究科、助教）
「スーパーコンピュータが実現する大規模メタゲノム機能解析」

門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）
「ビッグデータ解析とR」

新井田厚司（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター、特任助教）
「がんの進化と腫瘍内不均一性を理解するための ゲノム解析とシミュレーション」

松田秀雄（大阪大学 大学院情報科学研究科、教授）
「脂肪細胞の遺伝子解析 ——白色脂肪細胞の寒冷刺激による褐色化の機構解明——」

チュートリアルセッション

フリーソフトRを用いた ビッグデータ解析：
塩基配列解析を中心に ～ソフトウェアR(ver.2.14.0)とBioconductor(ver.2.14)を用いた実習中心の講習会～

【時間】10:50~12:20　【会場】小会議室4（2階）

【講師】門田幸二（東京大学大学院農学生命科学研究科、特任准教授）

【受講要件】必要なソフトウェアやパッケージをインストール済みのノートPCを持参できる方
（詳細はこちらでご確認ください。）
https://hpci.cbrc.jp/modules/tutorial/biomedpharminfo2014.html

【要旨】
フリーソフトRは、一般的に統計解析ソフトだというイメージがあるが、ビッグデータ解析の入門としても最適であり、次世代シークエンサーデータ取得やゲノム解析など多様な解析が可能である。本講習会では、特に統計解析以外について、Rで出来る塩基配列解析の全体像の把握を目的としたチュートリアルを行う。Rを使いこなせる楽しさや、バイオインフォマティシャンの思考回路の一端に触れる場となれば幸いである。

	Rを使った NGS データ解析を基礎から学ぶ	
		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)

NGSデータ解析とR

(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 2014/07/14, since 2010)

- 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 2014/04/11)
- イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成(last modified 2014/06/16) NEW
- 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 2014/04/14)
- 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)

配列の切り出しなど基本的な塩基配列解析の多くをカバー。EMBOSS的なイメージ。

NGSデータ解析とR

(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 2014/07/14, since 2010)

- 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 2014/04/11)
- イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成(last modified 2014/06/16) NEW
- 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 2014/04/14)
- 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)

連続塩基の出現頻度解析が可能。ヒトゲノム配列を読み込んでCGの連続塩基が期待値よりも低いことを確認可能（CpG解析）。k-mer解析の基本形に相当。

NGSデータ解析とR

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

(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 2014/07/14, since 2010)

- イントロ | 一般 | 配列取得 | ゲノム配列 | 公共DBから (last modified 2014/05/28)
- イントロ | 一般 | 配列取得 | ゲノム配列 | BSgenome (last modified 2014/06/28) NEW
- イントロ | 一般 | 配列取得 | プロモーター配列 | 公共DBから (last modified 2014/04/02)
- イントロ | 一般 | 配列取得 | プロモーター配列 | BSgenome (last modified 2014/04/25)
- イントロ | 一般 | 配列取得 | プロモーター配列 | GenomicFeatures(Lawrence 2013) (last modifi
- 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)
- 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
- イントロ | NGS | 様々なプラットフォーム (last modified 2014/06/10)
- イントロ | NGS | qPCRやmicroarrayなどとの比較 (last modified 2014/07/11) NEW
- イントロ | NGS | 可視化(ゲノムブラウザやViewer) (last modified 2014/06/25) NEW
- イントロ | NGS | 配列取得 | FASTQ or SRALite | 公共DBから (last modified 2014/06/28) N
- イントロ | NGS | 配列取得 | FASTQ or SRALite | SRAdb(Zhu 2013) (last modified 2014/06/
- イントロ | NGS | 配列取得 | シミュレーションデータ | について (last modified 2014/06/25) NEW
- イントロ | NGS | 配列取得 | シミュレーションデータ | ランダムな塩基配列の生成から (last mod
- 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)
- 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 2014/04/11)
- 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)
- 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) (la
- 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 mod

ヒトやマウスなどのリファレンス配列、NGSデータ、アノテーション情報取得などもR経由で可能。wgetやftp周辺

NGSデータ解析とR

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

(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 2014/07/14, since 2010)

- イントロ | NGS | 読み込み | FASTA形式 | 基本情報を取得(last modified 2014/05/29)
- 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)
- イントロ | NGS | 読み込み | FASTQ形式(last modified 2014/06/15)
- 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 2014/06/09)
- イントロ | ファイル形式の変換 | BAM --> BED(last modified 2014/06/21) NEW
- 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 2014/06/30) NEW
- 前処理 | クオリティチェック | qrqc(last modified 2014/06/11)
- 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)

FASTAやFASTQ形式ファイルの読み込み。ファイル形式の変換、Quality Control (QC)なども可能。SAMtoolsやFastQC周辺。

NGSデータ解析とR

(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
(last modified 2014/07/14, since 2010)

- イントロ | NGS | 読み込み | FASTA形式 | 基本情報を取得(last mod
- イントロ | NGS | 読み込み | FASTA形式 | description行の記述を整
- イントロ | NGS | 読み込み | FASTQ形式(last modified 2014/06/15)
- イントロ | NGS | 読み込み | FASTQ形式 | description行の記述を整
- イントロ | NGS | 読み込み | Illuminaの* seq.txt(last modified 2013/
- イントロ | NGS | 読み込み | Illuminaの* qseq.txt(last modified 2013
- イントロ | ファイル形式の変換 | について(last modified 2014/06/09)
- イントロ | ファイル形式の変換 | BAM --> BED(last modified 2014/0
- イントロ | ファイル形式の変換 | FASTQ --> FASTA(last modified 2(
- イントロ | ファイル形式の変換 | Genbank --> FASTA(last modified 2
- イントロ | ファイル形式の変換 | qseq --> FASTA(last modified 2013
- イントロ | ファイル形式の変換 | qseq --> Illumina FASTQ(last modi
- イントロ | ファイル形式の変換 | qseq --> Sanger FASTQ(last modifie
- 前処理 | クオリティチェック | について(last modified 2014/06/30) N
- 前処理 | クオリティチェック | qrqc(last modified 2014/06/11)
- 前処理 | クオリティチェック | PHREDスコアに変換(last modified 201
- 前処理 | クオリティチェック | 配列長分布を調べる(last modified 201

FastQCなどR以外のプログラムもリストアップしています

前処理 | クオリティチェック | について NEW

Quality Control (QC)を実行する様々な方法をリストアップします。Kraken などアダプター配列除去などが行えるものも含みます。

R用:

- qrqc: 原著論文なし
- PIQA: Martinez-Alcantara et al., Bioinformatics, 2009
- ShortRead: Morgan et al., Bioinformatics, 2009
- girafe: Toedling et al., Bioinformatics, 2010
- QuasR: 原著論文なし

R以外:

- FastQC: 原著論文なし
- FASTX-ToolKit: 原著論文なし
- SolexaQA: Cox et al., BMC Bioinformatics, 2010
- Quake: Kelley et al., Genome Biol., 2010
- NGSQC: Dai et al., BMC Genomics, 2010
- Cutadapt: Martin, M., EMBnet.journal, 2011
- PRINSEQ: Schmieder and Edwards, Bioinformatics, 2011
- ECHO: Kao et al., Genome Res., 2011
- Btrim: Kong Y., Genomics, 2011
- Hammer: Medvedev et al., Bioinformatics, 2011
- ConDeTri: Smeds et al., PLoS One, 2011
- BIGpre: Zhang et al., Genomics Proteomics Bioinformatics, 2011
- NGS QC Toolkit: Patel et al., PLoS One, 2012
- RobiNA: Lohse et al., Nucleic Acids Res., 2012
- SEQuel: Ronen et al., Bioinformatics, 2012
- AdapterRemoval: Lindgreen S., BMC Res Notes, 2012
- Slim-Filter: Golovko et al., BMC Bioinformatics, 2012
- HTQC: Yang et al., BMC Bioinformatics, 2013
- QC-Chain: Zhou et al., PLoS One, 2013
- Kraken: Davis et al., Methods, 2013
- Skewer: Jiang et al., BMC Bioinformatics, 2014

NGSデータ解析とR

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

(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 2014/07/14, since 2010)

- 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 2013/09/2
- 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 2014/02/07)
- 前処理 | フィルタリング | 指定した長さの範囲の配列を抽出(last modified 2013/06/18)
- 前処理 | フィルタリング | 任意のIDを含む配列を抽出(last modified 2013/06/18)
- 前処理 | フィルタリング | Illuminaのpass filtering(last modified 2013/06/19)
- 前処理 | フィルタリング | GFF/GTF形式ファイル(last modified 2013/10/10)
- 前処理 | フィルタリング | 組合せ | ACGTのみ & 指定した長さの範囲の配列(last modified 2014/
- 前処理 | トリミング | ポリA配列除去 | ShortRead(Morgan 2009)(last modified 2014/06/11)
- 前処理 | トリミング | アダプター配列除去(基礎) | girafe(Toedling 2010)(last modified 2014/06/11
- 前処理 | トリミング | アダプター配列除去(基礎) | ShortRead(Morgan 2009)(last modified 2014/0
- 前処理 | トリミング | アダプター配列除去(応用) | QuasR(Lerch 20XX)(last modified 2014/06/13)
- 前処理 | トリミング | アダプター配列除去(応用) | ShortRead(Morgan 2009)(last modified 2014/0
- 前処理 | トリミング | 指定した末端塩基数だけ除去(last modified 2013/06/15)

クオリティの低いリードの除去(フィルタリング)やアダプター配列の除去もできます。

NGSデータ解析とR

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

(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 2014/07/14, since 2010)

- アセンブル | について (last modified 2014/06/20) NEW
- アセンブル | ゲノム用 (last modified 2014/07/08) NEW
- アセンブル | トランスクリプトーム(転写物)用 (last modified 2014/07/08) NEW
- マッピング | について (last modified 2014/07/09) NEW
- マッピング | basic aligner (last modified 2014/07/09) NEW
- マッピング | splice-aware aligner (last modified 2014/07/09) NEW
- マッピング | Bisulfite sequencing用 (last modified 2014/07/09) NEW
- マッピング | (ESTレベルの長さの)contig (last modified 2014/06/24) NEW
- マッピング | 基礎 (last modified 2013/06/19)
- マッピング | single-end | ゲノム | basic aligner(基礎) | QuasR(Lerch XXX) (last modified 201
- マッピング | single-end | ゲノム | basic aligner(応用) | QuasR(Lerch XXX) (last modified 201
- マッピング | single-end | ゲノム | splice-aware aligner | QuasR(Lerch XXX) (last modified 20
- マップ後 | について (last modified 2013/06/19)
- マップ後 | 出力ファイル形式について (last modified 2013/11/05)
- マップ後 | 出力ファイルの読み込み | BAM形式 (last modified 2014/06/21) NEW
- マップ後 | 出力ファイルの読み込み | Bowtie形式 (last modified 2013/06/18)
- マップ後 | 出力ファイルの読み込み | SOAP形式 (last modified 2013/06/19)
- マップ後 | 出力ファイルの読み込み | htSeqTools (Planet 2012) (last modified 2013/06/19)
- マップ後 | カウント情報取得 | について (last modified 2014/03/12)
- マップ後 | カウント情報取得 | ゲノム | アノテーション有 | QuasR(Lerch XXX) (last modified 2013
- マップ後 | カウント情報取得 | ゲノム | アノテーション無 | QuasR(Lerch XXX) (last modified 2014
- マップ後 | カウント情報取得 | トランスクリプトーム | BEDファイルから (last modified 2014/06/21)
- マップ後 | 配列長とカウント数の関係 (last modified 2014/07/03) NEW

クオリティの低いリードの除去(フィルタリング)やアダプター配列の除去もできます。
特にアダプター配列除去はsmall RNA-seqのマッピングに大きな影響を及ぼします。

- 解析 | 一般 | GC含量 (GC contents)(last modified 2014/05/01)
- 解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990)(last modified 2014/06/21) NEW
- 解析 | 一般 | 上流配列解析 | LDSS(Yamamoto ...07)(last modified 2012/07/17)
- 解析 | 一般 | 上流配列解析 | Relative Appearance Ratio(Yamamoto_2011)(last modified ...

• 解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990)

解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990) NEW

seqLogoパッケージを用いてsequence logos (Schneider and Stephens, 1990)を実行するやり方を示します。ここでは

mu
が
「ファイ

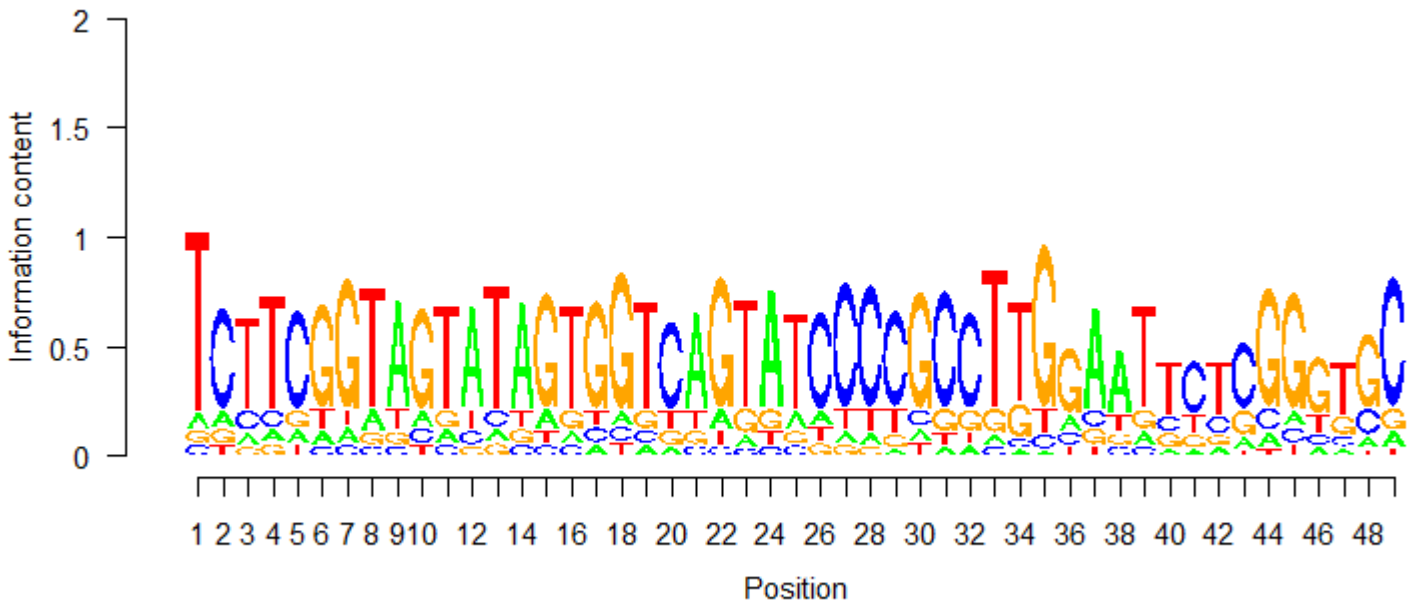
8. FASTQ形式ファイル(SRR609266.fastq.gz)の場合:

small RNA-seqデータ(400Mb弱、11,928,428リード)です。圧縮ファイルもreadDNAStringSet関数で通常手順で読み込めます。原著論文(Nie et al., BMC Genomics, 2013)中の記述からGSE41841を頼りに、SRP016842にたどりつき、イントロ | NGS | 配列取得 | FASTQ or SRALite | SRAdb(Zhu_2013)の7を実行して得られたものが入力ファイルです。

1. 入力

```
in_f <- "SRR609266.fastq.gz"          #入力ファ
out_f <- "hoge8.png"                  #出力ファ
param_fig <- c(800, 370)              #ファイル

#必要なパッケージをロード
library(B
library(s

#入力ファ
fasta <-

#本番(seq
hoge <- c
out <- ma

#ファイル
png(out_f
seqLogo(c
dev.off()
```

small RNA-seqファイルをそのまま入力としてSequence logosを実行することもできる。つまりmultiple alignmentを行わないやり方



- 解析 | 一般 | GC含量 (GC contents)(last modified 2014/05/01)
- 解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990)(last modified 2014/06/21) NEW
- 解析 | 一般 | 上流配列解析 | LDSS(Yamamoto ...07)(last modified 2012/07/17)
- 解析 | 一般 | 上流配列解析 | Relative Appearance Ratio(Yamamoto_2011)(last modified ...

• 解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990)

解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990) NEW

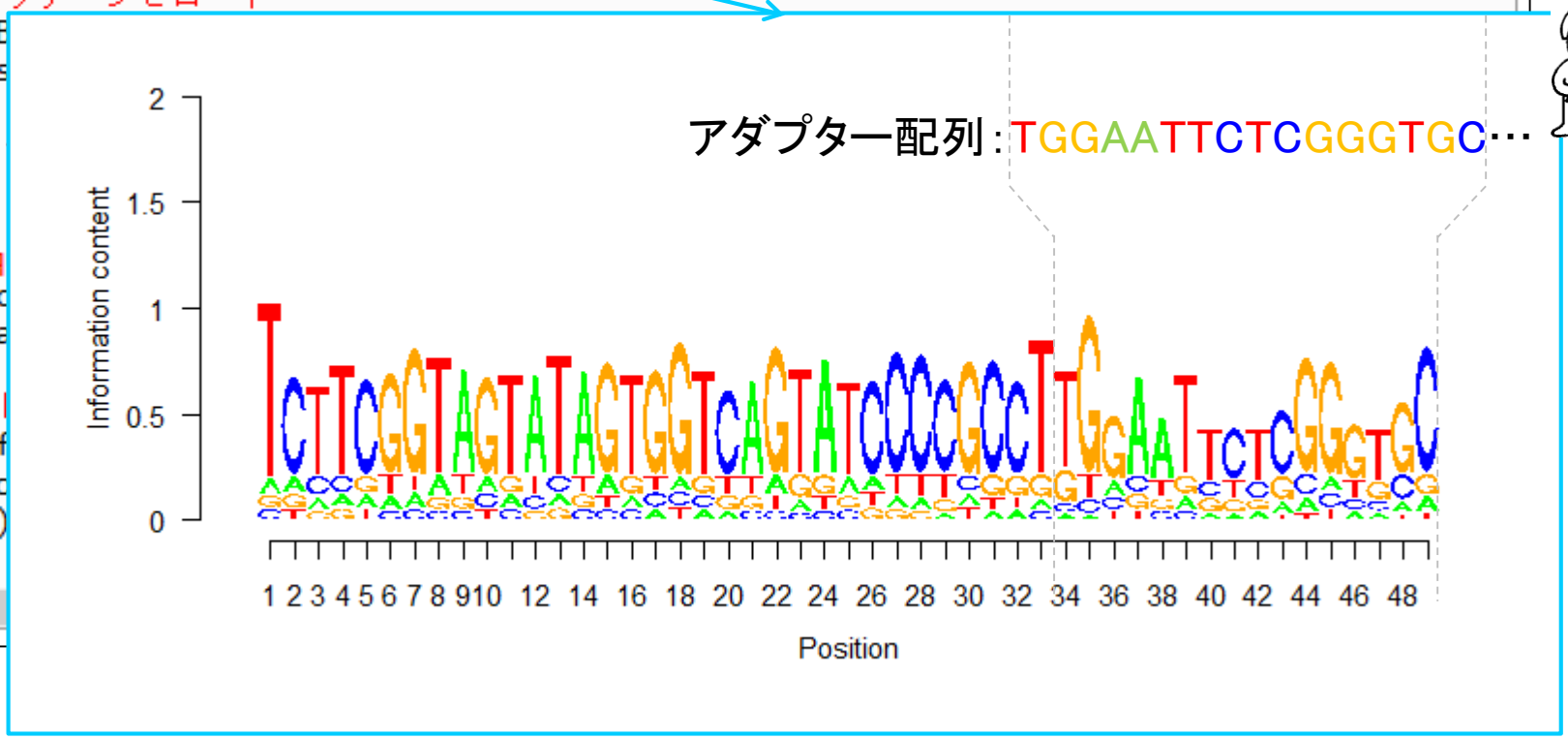
seqLogoパッケージを用いてsequence logos (Schneider and Stephens, 1990)を実行するやり方を示します。ここでは

8. FASTQ形式ファイル(SRR609266.fastq.gz)の場合:

small RNA-seqデータ(400Mb弱、11,928,428リード)です。圧縮ファイルもreadDNAStringSet関数で通常手順で読み込めます。原著論文(Nie et al., BMC Genomics, 2013)中の記述からGSE41841を頼りに、SRP016842にたどりつき、イントロ | NGS | 配列取得 | FASTQ or SRALite | SRAdb(Zhu_2013)の7を実行して得られたものが入力ファイルです。

```
in_f <- "SRR609266.fastq.gz"          #入力ファ
out_f <- "hoge8.png"                  #出力ファ
param_fig <- c(800, 370)              #ファイル

#必要なパッケージをロード
library(B
library(s

#入力ファ
fasta <-

#本番(seq
hoge <- c
out <- ma

#ファイル
png(out_f
seqLogo(c
dev.off()
```

アダプター配列除去**前**のFASTQファイルでの実行結果。アダプター配列に相当する部分の**ロゴ**がよくわかる。



- 解析 | 一般 | GC含量 (GC contents)(last modified 2014/05/01)
- 解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990)(last modified 2014/06/21) NEW
- 解析 | 一般 | 上流配列解析 | LDSS(Yamamoto ...07)(last modified 2012/07/17)

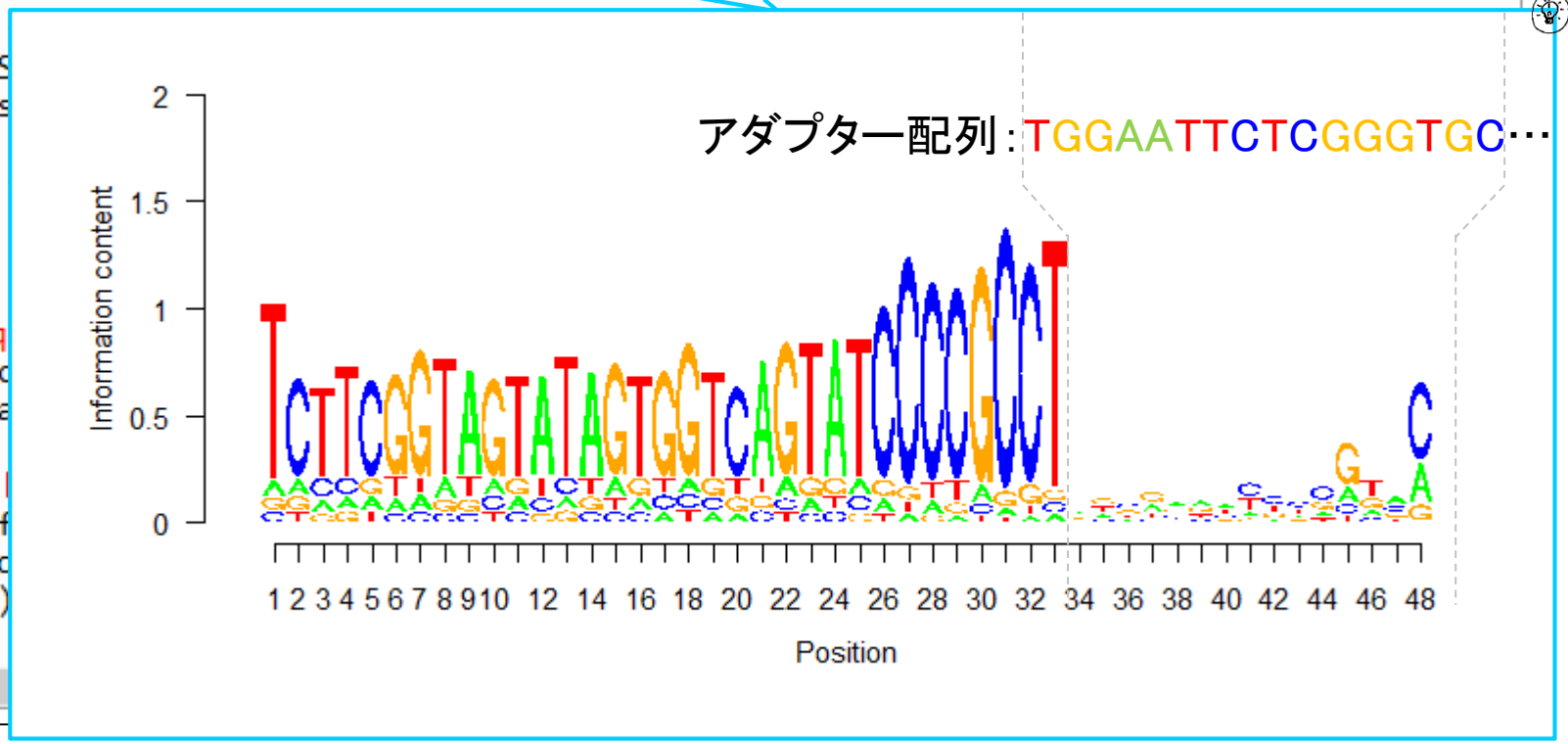
解析 | 一般 | Sequence logos(Schneider_1990) NEW

9. FASTQ形式ファイル(hoge4.fastq.gz)の場合:

small RNA-seqデータ(280Mb弱、11,928,428リード)です。原著論文(Nie et al., BMC Genomics, 2013)中の記述からGSE41841を頼りに、SRP016842にたどりつき、前処理 | トリミング | アダプター配列除去(応用) | ShortRead (Morgan 2009)の4を実行して得られたものが入力ファイルです。アダプター配列除去後のデータなので、リードごとに配列長が異なる場合でも読み込めるShortReadパッケージ中の...

```
in_f <- "hoge4.fastq.gz"                    #入力ファ
out_f <- "hoge9.png"                        #出力ファ
param_fig <- c(787, 370)                    #ファイル

#必要なパ
library(S
library(s

#入力ファ
fastq <-
fasta <-

#本番(seq
hoge <- c
out <- ma

#ファイル
png(out_f
seqLogo(c
dev.off()
```

アダプター配列除去後のFASTQファイルでの実行結果。アダプター配列に相当する部分のロゴが消えていることがわかる。



NGSデータ解析とR

- 発現変動解析
  - 入力：カウントデータ
    - **遺伝子**発現行列のような数値行列
    - 整数値からなる**遺伝子**領域上にマップされたリード数
  - 出力：発現変動遺伝子リスト（p-valueやq-value）やM-A plot

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

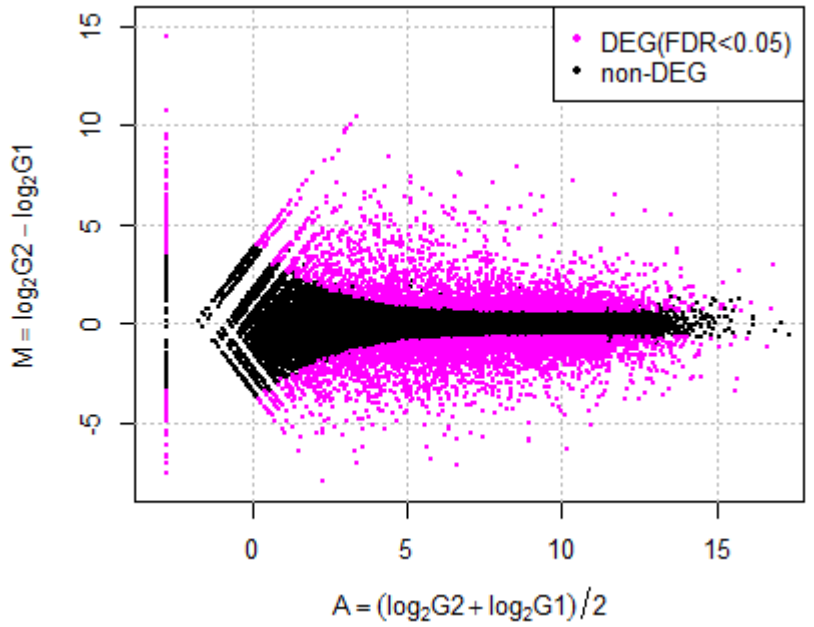
入力：カウントデータ

	Pro_rep1	Pro_rep2	Pro_rep3	Ras_rep1	Ras_rep2	Ras_rep3
ENSG00000000003	480	513	366	124	271	366
ENSG00000000005	0	0	0	1	0	0
...						
ENSG00000240386	0	0	0	4001	5500	6851
...						
ENSG00000128564	18	27	19	2038	2657	2138
...						

G1群　G2群

発現変動解析

出力：M-A plot



マッピング　→　カウントデータ取得　→　発現変動解析も可能

謝辞

まとめ：Rでもいろいろできます

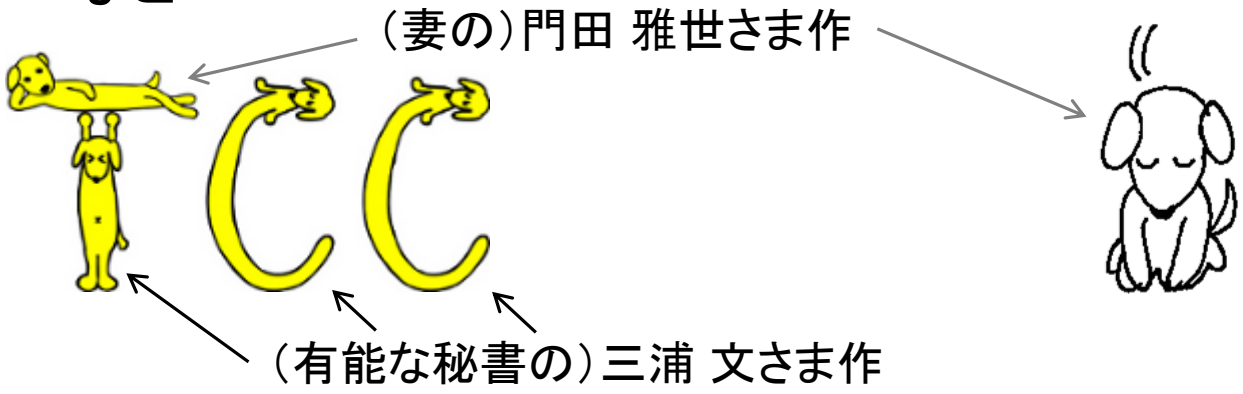
共同研究者

清水 謙多郎　先生（東京大学・大学院農学生命科学研究科）
西山 智明　先生（金沢大学・学際科学実験センター）
孫 建強　氏（東京大学・大学院農学生命科学研究科・大学院生）
西岡 輔　氏（東京大学・大学院農学生命科学研究科）
湯 敏　氏（東京大学・大学院農学生命科学研究科・大学院生）

グラント

- 基盤研究(C)（H24−26年度）：「シークエンスに基づく比較トランスクリプトーム解析のためのガイドライン構築」(代表)
- 新学術領域研究(研究領域提案型)(H22年度−)：「非モデル生物におけるゲノム解析法の確立」(分担；研究代表者：西山智明)

挿絵やTCCのロゴなど



NGSデータ解析とR

塩基配列データ取得
↓
QCやpreprocessing
↓
マッピング
↓
カウント情報取得
↓
発現変動解析

- 解析 | 発現変動 | について(last modified 2014/07/10) NEW
- 解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | について(last modified 2014/07/10) NEW
- 解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | 複製あり | TCC (Sun 2013)(last modified
- 解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | 複製あり | edgeR (Robinson 2010)(last m
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析
- 解析

解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | について NEW

実験デザインが以下のような場合にこのカテゴリーに属す方法を適用します：

Aさんの正常サンプル
Bさんの正常サンプル
Cさんの正常サンプル
Dさんの腫瘍サンプル
Eさんの腫瘍サンプル
Fさんの腫瘍サンプル
Gさんの腫瘍サンプル

2014年7月に調査した結果

R用:

- DEGSeq: Wang et
- edgeR: Robinson e
- GPseq: Srivastava
- baySeq: Hardcastle
- DESeq: Anders an

R用:

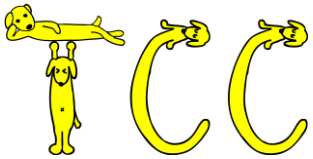
- DEGSeq: Wang et al., Bioinformatics, 2010
- edgeR: Robinson et al., Bioinformatics, 2010
- GPseq: Srivastava et al., Nucleic Acids Res., 2010
- baySeq: Hardcastle and Kelly, BMC Bioinformatics, 2010
- DESeq: Anders and Huber, Genome Biol., 2010
- DESeq2: Anders and Huber, Genome Biol., 2010
- NBPSeq: Di et al., SAGMB, 2011
- BBSeq: Zhou et al., Bioinformatics, 2011
- NOISeq: Tarazona et al., Genome Res., 2011
- PoissonSeq: Li et al., Biostatistics, 2012
- SAMseq: Li and Tibshirani, Stat Methods Med Res., 2012
- easyRNASeq: Delhomme et al., Bioinformatics, 2012
- DSGseq: Wang et al., Gene, 2013
- sSeq: Yu et al., Bioinformatics, 2013
- TCC: Sun et al., BMC Bioinformatics, 2013
- tweeDEseq: Esnaola et al., BMC Bioinformatics, 2013
- NPEBseq: Bi et al., BMC Bioinformatics, 2013
- DER Finder: Frazee et al., Biostatistics, 2014
- Characteristic Direction(CD): Clark et al., BMC Bioinformatics, 2014
- edgeR-robust: Zhou et al., Nucleic Acids Res., 2014
- ShrinkBayes: Van De Wiel et al., BMC Bioinformatics, 2014

最も有名なのはedgeRとDESeq

我々はTCCを提供

参考

発現変動解析用パッケージ



- TCC (Sun et al., *BMC Bioinformatics*, 2013)
  - TCCは内部的に既存パッケージ(edgeR, DESeq, and baySeq)中の関数を利用。既存パッケージ中のオリジナルの手順を繰り返し実行することで、データ正規化精度向上を実現。オリジナルの手順のみの場合に比べてより感度・特異度の高いDEG検出結果を得ることができる。
  - TCC原著論文中では、edgeR, DESeq, baySeqパッケージ中の関数を自在に組み合わせて実行し、2群間比較の場合のみで性能評価している。推奨は以下の通り:
    - Biological replicatesありの場合:edgeR中の関数のみからなるiDEGES/edgeR正規化法
    - Biological replicatesなしの場合:DESeq中の関数のみからなるiDEGES/DESeq正規化法

  - 実質的には、より頑健なiterative edgeRやiterative DESeqを簡単に実行できるパッケージがTCCという理解で差支えない。
  - 2013年7月の論文publish以降も継続的にアップデートしています
    - 多群間比較やpaired dataへの対応など、解析可能な実験デザインを拡張
    - DESeq2対応もほぼ完了
    - サンプル間クラスタリング用関数やマイクロアレイデータ用組織特異的発現パターン検出法ROKUの実装
    - ドキュメントが充実(TCC ver. 1.4.0で74ページに!)

compcodeRによる性能評価でもTCCの優位性を確認済