

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プログラム
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/>

講義日程

- 4月 7日火曜日(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14日火曜日(17:15-20:30)PC使用
 - 門田幸二:Rで塩基配列解析1
- 4月21日火曜日(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などによる発現解析
 - 門田幸二:Rで塩基配列解析2
- 4月28日火曜日(17:15-19:00頃)PC使用
 - 勝間進:非コードRNA、小分子RNA、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



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	

バイオインフォ関連情報

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塩基配列情報を自在に解析する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Rを用いて、配列決定後の基礎情報取得など各種配列解析の基本スキル向上を目指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などゲノム情報を比較また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)
 勝間 進 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 准教授)
 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 ⑨ トランスクリプトーム解析」、共立出版、2014年。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利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群をインストールしておいてください。

講義日程 (平成27年度)

- 平成27年04月07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27年04月14日 (PC使用)
 講師：門田幸二
- 平成27年04月21日 (PC使用)
 講師：嶋田 透
 講師：門田幸二
- 平成27年04月28日 (PC使用)
 講師：勝間 進

[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 (2015年04月07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。2015年10/29-31日に[生命医薬情報学連合大会 2015 年大会](#)が京都で開催されます。
- ・ [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\(情報計算法学生物学会\)](#)
- ・ [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?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。主に実験系だがときどきバイオインフォ系トピックもあり。

NGS?解析系講義や講習会

- ・ 「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」
 JST-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](#)に沿った内容を東大農で2014年9月1日~12日に実施。講習会映像は [Youtube](#) から公開されている。
- ・ [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。
- ・ [アメリエフ株式会社の「講習会スライドや勉強会」](#)
 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。
- ・ [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](#)

学会

バイオインフォマティクスの
名前を冠した学会があります

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 (2015年04月07日) 門田幸二

バイオインフォマティクス系学会など

① 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ルリストでも流れる。2015年10/29-31日に生命医薬情報学連合大会 2015 年大会が京都されます。

②

- ・ 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?!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。主に実験系だがときどきバイオインフォ系トピック。

NGS?!解析系講義や講習会

・ 「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)速習ス」

JST-NBDC運営委員会人材育成分科会で策定されたNGS用カリキュラムの内容を東大農で2014年9月1日~12日に実施。講習会映像は Youtube が開されている。

・ 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。

・ アメリエフ株式会社の「講習会スライド」や勉強会

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。IDも公開しており良心的。

・ 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

JSBI 特定非営利活動法人 日本バイオインフォマティクス学会 Japanese Society for Bioinformatics

検索 English

ホーム お問い合わせ FAQ サイトマップ

バイオインフォマティクスに関する学問分野の発展 バイオインフォマティクスに関する技術および関連事業の振興 バイオインフォマティクス教育の基礎確立と充実に寄与

日本バイオインフォマティクス学会は、これらを目的として設立されました。詳しくは学会案内をご覧ください。

Japanese Society for Bioinformatics

お知らせ イベント案内 研究会・地域部会 バイオインフォマティクス技術者認定試験 学会案内 入会・継続案内

公募のお知らせ (人事関連)

- 九州大学マス・フォア・インダストリ研究所准教授(または教授)公募 (2015-02-03)
- 九州大学マス・フォア・インダストリ研究所助教公募 (2015-02-02)
- 医薬基盤研究所バイオインフォマティクスプロジェクト特任研究員または技術補助員 (2015-01-30)
- 九州工業大学 若手研究者フロンティア研究アカデミー 教員公募 (2015-01-23)
- 公募案内【独立行政法人 海洋研究開発機構】 (2014-12-08)
- 東北大学 東北メディカル・メガバンク機構教員募集 (2014-12-02)

もっと記事を見る

最新イベント情報

- 生命医薬情報学連合大会2015年大会 (10.29~31)
- GIW/InCoB 2015 (2015.9.9)
- NGS現場の会・第四回研究会 (2015.7.~3)
- 連続セミナー「薬づくりの新しいR&D モデルを探る」- 第7回「新しい薬づくりと明日の精密医療Precision Medicine」 (2015.4.22)
- 国際シンポジウム - International Symposium for Frontier of Bioinformatics (2015.4.16)
- 統合化推進プログラム (統合データベース解析トライアル) 平成26年度研究成果報告会 (2015.3.28)
- 並列配列相同性検索プログラム「GHOST-MP」講習会 (2015.3.20)
- 第18回バイオメディカル研究会 (2015.3.17)
- 統合データベース講習会: AJACS府中 (2015.3.5)
- 第8回高度医療都市を創出する未来技術国際シンポジウム (2015.2.6)

もっと記事を見る

公募のお知らせ (研究費、顕彰ほか)

- JST平成27年度CREST・さがけ研究提案募集(第1期)の予告及び説明会 (2015-03-13)
- 2015年度第1期 SCLS計算機システム利用公募 (2015-02-02)
- 2015年度「統合データベース講習会」受入れ機関募集 (2015-01-22)
- 科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター「統合化推進プログラム」および「統合データベース解析トライアル」平成27年度研究開発提案募集 (2015-01-06)

もっと記事を見る

学会へのご意見・ご要望

ニュースレター >> バックナンバー

賛助会員一覧 >>

関連リンク

[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 (2015年04月07日) [門田幸二](#)

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ルがリストアップされる。2015年10/29-31日に[生命医薬情報学連合大会 2015 年大会](#)がされます。
- ・ [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?! 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。主に実験系だがときどきバイオインフォマティクス系も。

NGS?! 解析系講義や講習会

- ・ 「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンシング)」
JST-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](#)の内容を東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像は [YouTube](#) 公開されている。
- ・ [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。
- ・ [アメリエフ株式会社の「講習会スライド」や勉強会](#)
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スライドも公開しており良心的。
- ・ [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](#)

生命医薬情報学連合大会 2015 年大会

2015 年日本バイオインフォマティクス学会年会

[ホーム](#) [開催趣旨](#) [プログラム](#) [参加登録](#) [発表登録](#) [会場アクセス](#) [実行委員会](#) [English](#)

開催概要

大会テーマ	生命情報ビッグデータ時代のバイオインフォマティクスの挑戦 ～環境から医療まで～
日程	2015年10月29日(木)～31日(土)
会場	京都大学 宇治キャンパス おうぼくプラザ
主催	日本バイオインフォマティクス学会 日本オミックス医療学会 情報計算化学生物学会
後援	日本微生物生態学会

相談窓口

せっかくなので有効利用してはいかが? 質問しづらい場合は、門田が代理で質問しますのでお気軽にご相談ください。

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 (2015年04月07日) 門田圭一

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ル。2015年10/29-31日に生命医薬情報学連合大会 2015 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)

バイオインフォマティクス系? 迷わず相談所

- ・ ライフサイエンスQA
本当の意味での「よろこぶ相談所」。
- ・ Bio Technical フォーラム
2014/04/09に初めて発見。主に実験系だがときどきバリエーションあり。

NGS? 解析系講義や講習会

- ・ 「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)」
JST-NBDC運営委員会人材育成分科会で策定された内容内容を東大農で2014年9月1日~12日に実施。講習会開催されている。
- ・ 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。
- ・ アメリエフ株式会社の「講習会スライド」や勉強会
Linux PCでNGS解析に特化?。あちこちで積極的に勉強会スライドも公開しており良心的。
- ・ 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

ここはじめてですか? FAQを

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

0	1	561	RNA-seq で得られるFPKM のグラフの作り方	fpkm	Mar 29 at 18:27 nob_fj ◆ 507
0	2	450	NCBIのMicrobial Nucleotide BLASTをLocal環境に構築したいのですが、	blast	Feb 24 at 16:01 TY 1
0	0	384	MISOアノテーションについて	miso as splicing-junction	Feb 17 at 17:41 Kent_allow 1
0	1	1.8k	DNA解析ソフトについて	ngs	Feb 05 at 16:26 izumi 11
2	5	2.9k	統合TV番組リクエスト	dbcis 統合tv 募集中	Feb 04 at 15:39 hono ◆◆ 196
0	0	551	血清中のRNAウィルスの保存期間	rna virus	Jan 12 at 12:23 deer 1
0	5	675	DRAのexperimentとRun	dra experiment run	Jan 05 at 23:52 mn3 ◆◆ 515
0	1	878	Trinityのアセンブリ結果の見方	rna-seq assembly ngs	Jan 05 at 23:51 mn3 ◆◆ 515
0	1	755	Local BLASTのデータベース	blast+	Jan 05 at 23:49 mn3 ◆◆ 515
0	0	618	TopHatのreferenceデータについて		

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

173 質問

298 回答

最近更新された質問

ただいまベータテスト運用中中です。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

世界に広がるQAサイト

相談窓口

気軽に質問していることがわかります

0	1	773	初学者的質問: paired end readのクオリティチェック	paired end quality check	Sep 18 '14 at 18:27 deer 1
0	2	824	ヒトの核酸が混入している場合のカバレッジは？	virus metagenome	Sep 14 '14 at 17:48 deer 1
2	2	1.4k	Togo picture gallery リクエスト	togopic dbcls 募集中	Sep 01 '14 at 12:00 suimye 286
1	3	1.7k	アライメントについて	ngs	Aug 11 '14 at 23:14 mn3 ◆◆ 5
1	1	1.5k	データベースにあるデータの再解析	データベース	Jul 14 '14 at 19:33 genetics1127
2	1	944	統合TVのキーワード検索について	キーワード	May 06 '14 at 19:23 かどた 1
0	1	2.2k	Rでfastaファイルを読み込む際におすすめのパッケージはありますか？	fasta r	May 04 '14 at 21:38 かどた 1
0	1	1.8k	RNA-seq データの定量と可視化の、ツールの組み合わせ	bowtie rpkm express cufflinks rna-star	Apr 16 '14 at 05:06 nob_fj ◆ 5
0	3	3.3k	大量の配列のアライメントについて	mapping alignment ngs	Apr 11 '14 at 18:27 izumi
0	3	918	Cufflinks (binary)が実行できない	cufflinks	Apr 08 '14 at 13:28 meguro
0	2	2.2k	SAMファイルのFASTAファイルへの変換について	fasta fastq sam ngs	Apr 08 '14 at 11:15 izumi



統合TVのキーワード検索について

旧バージョンの統合TVはNGSというカテゴリ中に20エントリー程度リストアップされていますが、統合TV culatedのほうでは、検索窓での"NGS"の結果は4エントリー、"次世代シーケンサ"でも4エントリー、"次世代シーケンサ"だと21エントリー、"次世代シーケンサー"だと4エントリー、と非常に不安定です。MeSH termっていうのかなんとかかわかりませんが、講義で使う側としてはユーザの意図を汲んでうまくやってくれとありがたいです。具体的に多くリストアップしてほしいです。まあ旧バージョンのほうを使えばいいのでしょうか。。

キーワード

質問日 May 04 '14 at 21:26
かどた
186 ● 1 ● 2 ● 9

One Answer:

回答順 最新 支持されている順

貴重なご指摘をいただき、どうもありがとうございます。表記ゆれ問題が起きており、ご迷惑おかけいたしました。講演タイトルで使用されているものを除き、用語を次世代シーケンサ(NGS)に統一しました。現在、旧統合TV Curated サイトのリニューアルを計画しており、エントリーのカテゴリ分け等を工夫して 検索性の向上に努めたいと考えています。今後ともどうぞよろしくお願いいたします。

回答日 May 06 '14 at 15:45
hono ◆◆
196 ● 1 ● 4

GW中にもかかわらず早速の対応どうもありがとうございます。過去のタイトルとの兼ね合いもあって悩ましいというのは非常によくわかります。どこかのタイミングで過去との決別も必要かもしれませんが、それはそれでインターフェースが変わるとかえってわかりづらい、これまで見えていたものが見られなくなったなどのクレームがきたりとどっちを選択しても一定の割合でアンチが出ますからね。現状でもまだ多少エントリー数に差が出るようですが、追々修正していただければ幸いです。

かどた (May 06 '14 at 19:23)

講習会など

通称「NGS速習コース」。昨年9月に実施。平均80名程度が2週間朝から晩まで受講。

NGS解析系講義や講習会

- ・「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」JST-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東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像は [Youtube](#) から公開されている。
- ・ [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。
- ・ [アメリエフ株式会社](#) の「[講習会スライド](#)」や[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。
- ・ [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](#)
- ・ [基礎生物学研究所](#) 主催の「[ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース](#)」@岡崎 おそらく受講生あたりのスタッフ数をもっとも充実しているコース。例年春と秋に開催しているので今年も開催されるであろう。
- ・ アグリバイオの講義「[機能ゲノム学](#)」@東大農 2015年5月12, 19, 28日, 6月9日。主にマイクロアレイを題材として講義するトランスクリプトームデータ解析の基本的な考え方は、NGSデータ(RNA-seqデータ)解析の基礎となっています。
- ・ アグリバイオの講義「[農学生命情報科学特論](#)」@東大農 2015年6月16日, 23日, 30日, 7月7日。(Rで塩基配列解析)の実習を行う予定です。



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	2.5日	0.25日	4-1 次世代シーケンサ基礎I	・原理の理解	初級	講義
		0.25日	4-2 次世代シーケンサ基礎II	・応用分野とそれのための計測技術の理解(RNA-seq, ChIP-seq, 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

昨年度は「全日程受講
申込者」のみで実施。

NGS速習コース

- 120名以上でも対応可能なアグリバイオ所有の無線LANを利用
- 「速習」コースで必要な環境構築済みのアグリバイオ所有PCを60台準備
- 2週間連続であることを考慮し、受講人数を最大80名程度に限定

アグリバイオ講義風景(約120名)



「速習」コース講義風景(約80名)



NGS速習コース

通称「NGS速習コース」。昨年9月に実施。平均80名程度が2週間朝から晩まで受講。

NGS解析系講義や講習会

- ・「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」JST-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東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像は [Youtube](#) から公開されている。
- ・ [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。
- ・ [アメリエフ株式会社の「講習会スライド」や「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も公開しており良心的。
- ・ [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](#)
- ・ [基礎生物学研究所主催の「ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース」](#)
おそらく受講生あたりのスタッフ数をもっとも充実しているコース。例年しているので今年も開催されるであろう。
- ・ アグリバイオの講義「[機能ゲノム学](#)」@東大農
2015年5月12, 19, 28日, 6月9日。主にマイクロアレイを題材として講義
リプトームデータ解析の基本的な考え方は、NGSデータ(RNA-seqデータ)基礎となっています。
- ・ アグリバイオの講義「[農学生命情報科学特論](#)」@東大農
2015年6月16日, 23日, 30日, 7月7日。[\(R\)塩基配列解析](#)の実習を行



The screenshot shows a YouTube video player interface. The video title is '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'. The author is 'togotv'. The video has 15 parts, with the first three listed in a playlist below. The first video is '【NGS速習コース】1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.1. OS, ハード構成, 1.2. ネットワーク基礎' with a duration of 1:29:47. The second is '【NGS速習コース】1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.3. Unix I UNIXの基礎の理解, Linux導入' with a duration of 2:58:37. The third is '【NGS速習コース】1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.3. UNIX I(続)～UNIXの基礎の理解, Linux導入' with a duration of 5:13:24. The fourth is '【NGS速習コース】1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.4.' with a duration of 3:59:30.

ウェビナー

Youtube版とPDF版
をダウンロード可能

NGS解析系講義や講習会

・「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」JST-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東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像は [Youtube](#) から公開されている。



・ [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。

・ [アメリカエフ株式会社の「Linux PCでNGS」](#)
も公開しております。

・ [HPCI人材養成講座](#)
 ◦ e-learning
 ◦ tutorial(講義)
 ◦ セミナー
 ◦ ワークショップ

・ [基礎生物学研究所](#)
おそらく受講生も
しているのではな

・ [アグリバイオの講習会](#)
2015年5月12, 19日
リプトームデータ
基礎となっています

・ [アグリバイオの講習会](#)
2015年6月16日

illumina®
 アプリケーション システム インフォマティクス 臨床研究 受託サービス サイエンス サポート カンパニー
 学会 & イベント / ウェビナー
 登録 | 問い合わせ | MyIllumina | Tools

illumina®
 アプリケーション システム インフォマティクス 臨床研究 受託サービス サイエンス サポート カンパニー
 学会 & イベント / ウェビナー / イルミナウェビナー
 登録 | 問い合わせ | MyIllumina | Tools

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に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
 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、講師の先生やスタッフにご
 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サポートウェビナー録画
 (イルミナウェビナーの録画は閲覧可能です)推奨のOSおよびブラウザがここ

イルミナウェビナー

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、およびイルミナスタッフによる最新の製品や技術術をご紹介します。

▶ [イルミナウェビナーの一覧を表示](#)



上記のボタンをク

ウェビナータイトル / 講師	登録およびダウンロード	カテゴリ / 種類
2015/01/20 新製品ウェビナー さらなるブレイクスルーを加速するNGS製品ラインアップの拡大 イルミナ株式会社 + 詳細		シーケンス + マイクロアレイ 機器 HiSeq
2015/01/06 【日程変更】微生物ゲノムシリーズ ヒト腸内細菌叢メタゲノム解析 東京工業大学 生命理工学研究所 生命情報専攻 山田 拓司 様 + 詳細		アプリケーション 微生物
2014/11/18 RNA-Seqシリーズ iPS細胞におけるトランスクリプトーム・エピゲノム解析 京都大学 iPS細胞研究所 ゲノム・エピゲノム解析コアファシリティ 中村 正裕 様 + 詳細		アプリケーション RNA-Seq
2014/09/30 NextSeq500シリーズ 疾患研究にエクソーム解析を実現する高速次世代シーケンサーNextSeq イルミナ株式会社 シーケンススペシャリスト 鈴木 健介 + 詳細		次世代シーケンサー NextSeq

Slideshare

NGS解析系講義や講習会

- ・「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」JST-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](#)に沿った内容を東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像は [Youtube](#) から公開されている。
- ・ [イルミナ株式会社](#)の「[ウェブナレッジ](#)」
youtubeでも見られるよう[公開](#)する。
- ・ [アメリエフ株式会社](#)の「[講習会スライド](#)」や[勉強会](#)！
Linux PCでNGS解析に特化?!。あちこちで積極も公開しており良心的。
- ・ [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](#)
- ・ [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充実しているのでも今年も開催されるであろう。
- ・ アグリバイオの講義「[機能ゲノム学](#)」@東大農
2015年5月12, 19, 28日, 6月9日。主にマイクロリブームデータ解析の基本的な考え方は、[NGS](#)基礎となっています。
- ・ アグリバイオの講義「[農学生命情報科学特論](#)」
2015年6月16日, 23日, 30日, 7月7日。(RC)塩基

The screenshot shows the Slideshare website interface. On the left is the profile of 'Amelieff', which includes a 'Follow' button, 13 SlideShares, 15 Followers, and a list of categories: Japan, Technology / Software / Internet, and the website amelieff.jp/. Below the profile are sections for 'Followers (15)' and 'Following (1)'. The main content area displays a presentation slide titled 'Amelieff' with the text 'フリーソフトではじめる NGS解析入門 ~公開データベース活用編~'. The slide features a logo for 'amelieff' (アメリエフ株式会社) and a navigation bar at the bottom showing '1 of 28' slides. On the right side of the interface, there is a sidebar with 'Presentations 12', 'Documents 0', 'Infographics 0', and 'Videos 1'.

HPCI人材養成プログラム

NGS解析系講義や講習会

- ・「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」

JST-NBDC運営委員会人材育成分科会で策定されたNGS内容を東大農で2014年9月1日～12日に実施。講習会映像している。

- ・イリミナ株式会社の「[ウェビナー](#)」
youtubeでも見られるようになっている。

- ・アメリカエフ株式会社の「[講習会スライド](#)や[勉強会](#)」
Linux PCでNGS解析に特化?。あちこちで積極的に勉強会も公開している。

- ・[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](#)

- ・基礎生物学研究所主催の「[ゲノムインフォマティクス・トシ](#)」
おそらく受講生あたりのスタッフ数をもっとも充実している
しているので今年も開催されるであろう。

- ・アグリバイオの講義「[機能ゲノム学](#)」@東大農
2015年5月12, 19, 26日, 6月9日。主にマイクロアレイを題材
リブームデータ解析の基本的な考え方は、NGSデータ(基礎)となっ
ています。

- ・アグリバイオの講義「[農学生命情報科学特論](#)」@東大農
2015年6月16日, 23日, 30日, 7月7日。(Rで塩基配列解析)

HPCI 戦略プログラム 分野1 代表機関 国立研究開発法人 理化学研究所

「予測する生命科学・医療および創薬基盤」 人材養成プログラム

実施機関 国立研究開発法人 産業技術総合研究所 創薬基盤研究部門

top

outline

seminar

workshop

tutorial

e-learning

links

contact

faq

ユーザー名:

パスワード:

ログイン



e-learning

～平成27年度 準備中～ 4月8日11時よりH27年度受講申込受付開始予定
どなたでも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
これまで利用した場合でも4月以降利用は再登録が必要です

詳細
こちら

tutorial

～平成27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
日程確定次第、随時お知らせいたします
平成27年度創薬インフォマティクス実習コース開催・申込受付日程決定

詳細
こちら

seminar

～平成27年度 日程・講師確定～ 10月以降全曜全12回
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
こちら

workshop

～平成27年度 企画中～
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療情報学連合大会2015において開催

詳細
こちら

お知らせ

2015.04.01 平成27年度 実施体制について

平成27年度の当プログラムは、産総研内の改編に伴い、産総研 生命工学領域 創薬基盤研究部門
が実施致します。実施機関の名称は変更となりますが、会場等はこれまでと同じ東京(お台場)が中心
となります。実施スケジュールは決定次第、更新してまいります。

HPCI人材養成プログラム

講習会

2015年度 HPCI 講習会

2015年度 講習会

産総研 生命工学領域 創薬基盤研究部門では、2011年度より生命情報工学研究センター、ゲノム情報研究センターが実施してきたHPCI人材養成事業を継続してまいります。2001年設立の生命情報科学研究センター以来、研究活動だけでなく人材養成にも注力し、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て、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てまいりました。実習には1人1台の備付けPC(Windows7)を使用します。講師は産総研の研究者をはじめ、第一線の研究者が務めます。



開設コース	創薬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実習コース HPCI チュートリアルセミナー
お問い合わせ	contactページよりお願いいたします。 ※お申し込みは各講座の紹介ページ内 登録申込 よりお申

パンフレット (2014年度版) >> [ダウンロード](#)

● 創薬インフォマティクス実習コース

- 創薬インフォマティクスの基礎知識を計算機実習を交えて短期間に習得 -

創薬支援に必要なケモインフォマティクスとバイオインフォマティクスの実践的スキルを2015年度に開催する基礎コース (C-1コースおよびC-2コース) は各2日間で、創薬段階を効率化するための分子モデリング技術 (C-1コース) とバーチャルスクリーニング (C-2コース) に焦点をあてます。講義で基礎を押さえる「概論」(3コマ)、1人1台のPC

● 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、バイオ情報取り扱いの基礎理論から実際の解析研究までをテーマごとに指導します。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	日程調整中
A-2	配列解析	日程調整中

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	日程調整中
-----	--	-------

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	2016年3月上旬予定
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	2016年3月上旬予定
B-3	多変量データ解析/遺伝子ネットワーク解析	2016年3月上旬予定

(Rで)塩基配列解析

NGS解析系ウェブサイト

- ・ [\(Rで\)塩基配列解析](#)
NGS系のそれっぽいキーワードで検索すると大抵上位に出現。
- ・ [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に解析をやらしてもらえます。
[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

NGS解析系その他

- ・ [NGS現場の会](#)
2015年7月1-3日に[第四回研究会](#)がつくばで開催されるようです。

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](#)を開催しています。

- ・ [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もやってみると利用するのがよくわからない...」的なものの活用法を具体例を交え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が情報を取得する」](#)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が、ほとんど更新されていない印象があ

(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 2015/04/03, since 2010)

What's new?

- ・ このウェブページは[インストール](#)についての推奨手順 ([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#)([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた[書籍](#)もあります。(2015/04/03) **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27年度もバイオインフォ関連講義を行います。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が2-3割程度受講しております。受講ガイダンスは4月6日17:15- 於東大農です。(2015/03/31) **NEW**
- ・ R本体およびパッケージのインストール手順のところを更新しました。詳細は[インストール](#)についてをごらんください。(2015/04/02) **NEW**
- ・ [MBCluster.Seq](#)パッケージを用いた遺伝子間クラスタリングのやり方を一通り示しました。(2015/03/14) **NEW**
- ・ [参考資料](#)([講義](#)、[講習会](#)、[本](#)など)の項目を更新しました。(2015/03/09) **NEW**
- ・ [はじめに](#) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- ・ [参考資料](#)([講義](#)、[講習会](#)、[本](#)など) (last modified 2015/03/09) **NEW**
- ・ [過去のお知らせ](#) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- ・ [インストール](#)について (last modified 2015/04/03) **NEW**
- ・ [インストール](#) | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) 推奨 **NEW**
- ・ [インストール](#) | R本体 | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2015/04/01) 推奨 **NEW**
- ・ [インストール](#) | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・ [インストール](#) | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・ [インストール](#) | Rパッケージ | [ほぼ全て\(20GB以上?\)!](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・ [インストール](#) | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(数GB?\)!](#) (last modified 2015/03/27) 推奨 **NEW**
- ・ [インストール](#) | Rパッケージ | [必要最小限\(数GB?\)!](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- ・ [インストール](#) | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- ・ (削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2015/04/02) **NEW**
- ・ (削除予定)[個別パッケージのインストール](#) (last modified 2015/02/20)
- ・ [基本的な利用法](#) (last modified 2015/04/03) **NEW**
- ・ [サンプルデータ](#) (last modified 2015/02/15)
- ・ [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](#) (last modified 2015/02/11)

Biopapyrus

NGS解析系ウェブサイト

- ・ [\(Rで塩基配列解析](#)
NGS系のそれっ(まいキーワードで検索すると大抵上位に
- ・ [次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム\(NGS\)](#)
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
[Read Annotation Pipelineについての紹介番組](#)
- ・ [Biopapyrus](#)
孫建強氏の。Linux、Perlなどの各種インストール系

NGS解析系その他

- ・ [NGS現場の会](#)
2015年7月1-3日に[第四回研究会](#)がつくばで開催されるよ

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バ](#)

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](#)
を開催しています。

- ・ [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
[EMBOSS](#)や[BioMart](#)など「単語は聞いたことあり有用そう
やって利用するのかよくわからない...」的なものの利用法
してくれるので必見です。特にBioMartは2012年初頭？
幅に変更されましたが、それに対応した番組(「[Biomart v](#)
[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
- ・ [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が、ほとんど更新されてい

Bio Papyrus

[バイオスタティスティクス](#)

[バイオインフォマティクス](#)

誤り箇所をご指摘して頂いた皆様、どうもありがとうございます。

| [自己紹介](#) | [更新情報](#) | [免責事項](#) | [お問い合わせ](#) |

NGS現場の会

NGS解析系ウェブサイト

- ・ [\(Rで塩基配列解析](#)
NGS系のそれっ(まいキーワードで検索すると大抵上位に出
- ・ [次世代シーケンスデータ解析情報共有フォーラム\(NGS Su](#)
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
[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

NGS解析系その他

- ・ [NGS現場の会](#)
2015年7月1-3日 [第四回研究会](#)がつくばで開催されるよ

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
[EMBOSS](#)や[BioMart](#)など「単語は聞いたことあり有用そうな
やって利用するのがよくわからない...」的なものの利用法を
してくれるので必見です。特にBioMartは2012年初頭?! (幅
に変更されましたが、それに対応した番組(「[Biomart v0.3](#)
[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
- ・ [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が、ほとんど更新されてい

NGS現場の会

第四回研究会・参加登録受付中

トップ

研究会・活動

入会・情報共有

お問い合わせ・スタッフ

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。

NBDCとDBCLS

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リストアップしていますが、「[統合データベース講習会](#)」を開催しています。

- [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...」的なものの活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が、ほとんど更新されていない印象があります。



NBDCとDBCCLS

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してくる。EMBOSSやBioMartなど「単語は聞いたことあり有用そうなんだけどどうやって利用するのかよくわからない...」的なものの活用法を交えて紹介してくれるので必見です。特にBioMartは2012年初期インターフェースが大幅に変更されましたが、それに対応したバージョン（「[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が、ほとんど更新されていない印象です。

NBDC の広報サイト
バイオサイエンス × DB = ∞
Web ● events.biosciencedbc.jp/

ホーム シンポジウム 講習会 展示会 連載

②

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 (2014年9月1日～12日 @ 東京大学弥生キャンパス内)

DBの使い方を学ぶ (講習会一覧)

- ・ 2015年度統合データベース講習会 受入れ機関の募集について (募集期間: 2015年1月19日～2月20日)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS府中 (2015年3月5日 @ 東京農工大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS岩手 (2014年12月5日 @ 岩手医科大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS十勝 (2014年9月12日 @ 帯広畜産大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS阿波 (2014年8月20日 @ 徳島大学医学部)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS信濃 (2014年7月17日 @ 信州大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS出島 (2014年7月3日 @ 長崎大学)
- ・ 2014年度統合データベース講習会 受入れ機関の募集について (募集期間: 2014年1月20日～2月21日)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS肥後 (2014年1月22日～23日開催予定 @ 化学及血清療法研究所)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS蝦夷3 (2013年11月6日開催 @ 北海道大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS富山 (2013年8月30日 @ 富山大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS琉球 (2013年7月30日～31日 @ 琉球大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS岐阜 (2013年7月12日 @ 岐阜大学)
- ・ 統合データベース講習会: AJACS筑波3 (2013年5月28日 @ 物質・材料研究機構)

①

バイオイン
講師をお探

お困りの方は、
こちら！

①年に5-6か所で講習会が開催されているようです。②NGS速習コースはNBDCとアグリバイオの共同事業です。

NBDCとDBCCLS

①年に5-6か所で講習会が開催されているようです。②NGS速習コースは、主にNBDCとアグリバイオの共同事業です。

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EMBOSSやBioMartなど「単語は聞きもどうやって利用するのかよくわからずを交えて紹介してくれるので必見です。インターフェースが大幅に変更されました(「[Biomart v0.8](#)を使ってIDから遺伝子を探し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が、ほめます。

生命科学系データベースを一覧から探す - English integbio.jp

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

1427 件 最初へ 前へ 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 次へ 最後へ

- 追加** **CaMPDB: Calpain for Modulatory Proteolysis Database**
運用機関: 京都大学 化学研究所 附属バイオインフォマティクスセンター
生物種:
説明: カルシウム依存型プロテアーゼであるカルパインに関連するデータベースです。カルパイン、関連する基質、阻害タンパク質であるカルバスタチンの情報を集めています。カルパインの各基質に対... 詳細へ
- 追加** **水稲冷害早期警戒システム**
運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 東北農業研究センター
生物種:
説明: 日平均気温の平年偏差や、分布図による葉いもち病への感染のしやすさを日付ごとに確認できます。技術情報へのリンクから、平均気温データ、生育予測モデル等のダウンロードが可能です。 詳細へ
- 追加** **Google Mapによる気象予測データを利用した農作物警戒情報**
運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 東北農業研究センター
生物種:
説明: 東北地域の個別農家圃場における水稲の生育、障害などの予測情報を生育段階に応じて提供するシステムです。予測には気象データ、生育モデルを用いています。ご利用にはユーザー登録が必要です。 詳細へ
- 追加** **北海道の土性(土壌)調査報告**
運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター
生物種:
説明: 北海道農業研究センターが実施した北海道の農牧地及び農牧産地の土壌の現地調査を、調査地区ごとに第1編(昭和26年)から第32編(昭和63年)として取りまとめた報告書です。各報告書はPDFで... 詳細へ
- 追加** **農業防災気象ネット**
運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 農村工学研究所
生物種:
説明: 農業施設のための気象情報提供サイトです。 詳細へ
- 追加** **牛海綿状脳症(BSE)**
運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究所
生物種:

一覧内を検索する

一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (543)
- + 植物 (239)
- + 原生物 (41)
- + 菌類 (73)
- + 真正細菌 (129)
- 古細菌 (43)
- ウイルス (48)

カテゴリ

<対象>

- ゲノム (185)
- 遺伝子 (306)
- cDNA (192)
- + 続きを見る

<データの種類>

- 配列 (535)
- 構造 (203)
- 遺伝子発現 (155)
- + 続きを見る

稼働状況

- 稼働中
- 休止
- 運用終了

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

- 2015/04/01: 1件のレコードを追加しました
- 2015/04/01: 5件のレコードを追加しました
- 2015/03/17: 2件のレコードを追加しました
- 2015/03/10: 15件のレコードを追加しました
- 2015/02/16: 1件のレコードを追加しました

本カタログの使い方

Integbio データベースカタログの使い方 121029版

統合TVにて解説動画が公開されました(2012年10月29日版)

例えば、「silkbase」
で検索してみると...

NBDCとDBCLS

- 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

並び替え: レコ

一覧内を検索する

silkbase

一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (2)
- + 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)

2 件



カイコ完全長cDNAデータベース

運用機関: 東京大学 大学院農学生命科学研究科

生物種: *Bombyx mori*

説明: カイコの完全長cDNAデータベースです。カイコ完全長cDNA末端塩基配列データベース、カイコEST塩基配列データベース(SilkBase)を対象にしてBLASTIによる相同性検索が可能です。 [詳細へ](#)



SilkBase: EST analysis of silkworm gene expression

運用機関: 東京大学

生物種: *Bombyx mori* | *Samia ricini* | *Bombyx mandarina*

説明: 家蚕であるカイコ及び野蚕の一種であるエリサンはわが国独自のモデル生物であり、鱗翅目(絹糸昆虫および農業害虫の多くがここへ入る)の代表として世界の昆虫研究をリードする研究対象とな... [詳細へ](#)

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

English

integbio.jp

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: レコード公開順

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

- 2015/04/01: 1件のレコードを追加しました
- 2015/04/01: 5件のレコードを追加しました
- 2015/03/17: 2件のレコードを追加しました
- 2015/03/10: 15件のレコードを追加しました
- 2015/02/16: 1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)

一覧内を検索する

一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (543)
- + 植物 (239)
- + 原生生物 (41)
- + 菌類 (73)
- + 真正細菌 (129)
 - 古細菌 (43)
 - ウイルス (48)

カテゴリ

<対象>

- ゲノム (185)
- 遺伝子 (306)
- cDNA (192)
- + 続きを見る

<データの種類>

- 配列 (535)
- 構造 (203)
- 遺伝子発現 (155)
- + 続きを見る

稼動状況

- 稼動中
- 休止
- 運用終了

1427 件

最初へ 前へ 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 次へ 最後へ



追加 CaMPDB: Calpain for Modulatory Proteolysis Database

運用機関: 京都大学 化学研究所 附属バイオインフォマティクスセンター

生物種:

説明: カルシウム依存型プロテアーゼであるカルパインに関連するデータベースです。カルパイン、関連する基質、阻害タンパク質であるカルパスタチンの情報を集めています。カルパインの各基質に対... [詳細へ](#)



追加 水稲冷害早期警戒システム

運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 東北農業研究センター

生物種:

説明: 日平均気温の平年偏差や、分布図による葉いもち病への感染のしやすさを日付ごとに確認できるシステムです。技術情報へのリンクから、平均気温データ、生育予測モデル等のダウンロードが可能です。 [詳細へ](#)



追加 Google Mapによる気象予測データを利用した農作物警戒情報

運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 東北農業研究センター

生物種:

説明: 東北地域の個別農家圃場における水稲の生育、障害などの予測情報を生育段階に応じて提供するシステムです。予測には気象データ、生育モデルを用いています。ご利用にはユーザー登録が必要です。 [詳細へ](#)

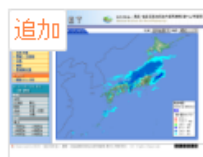


追加 北海道の土性(土壌)調査報告

運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター

生物種:

説明: 北海道農業研究センターが実施した北海道の農牧地及び農牧適地の土壌の現地調査を、調査地区ごとに第1編(昭和26年)から第32編(昭和63年)として取りまとめた報告書です。各報告書はPDFで... [詳細へ](#)



追加 農業防災気象ネット

運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 農村工学研究所

生物種:

説明: 農業施設のための気象情報提供サイトです。 [詳細へ](#)



追加 牛海綿状脳症(BSE)

運用機関: 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究所

生物種:

統合TV

①クリックすると動画が始まります。②「TOGO TV curated」というのもあります。

使い慣れたチャンネル
統合TV
統合TVは、ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)が発信する生命科学分野の有用なデータベース(DB)やウェブツールの活用方法を動画で紹介するウェブサイトです。くわしくははじめての方へをご覧ください。ご質問、ご要望は、お問い合わせもしくはライフサイエンスQAからお願いします。

+Dashboard widget

新しい統合TVはこちらから！ →

知りたい・調べたい・使い倒したい
DBやウェブツールがすぐに見つかる！



統合TVの論文が **Briefings in Bioinformatics** に掲載されました！(2011/7/29)

番組カテゴリ: BIRD | DBCLS | EMBOSS | English | Firefox | IE6 | IE7 | IE8 | JST | NGS | PC環境設定 | commons | macosx | presentation | safari | winxp | アミノ酸 | ゲノム | タンパク質 | パスウェイ解析 | ポータル | 二次構造 | 化合物 | 可視化 | 塩基配列 | 多型情報 | 文献検索 | 構造解析 | 疾患情報 | 発現情報 | 設計ツール | 辞書 | 遺伝子 | 配列解析

2012-11-27

[ポータル] Integbioデータベースカタログの使い方

Integbioデータベースカタログは、文部科学省、厚生労働省、農林水産省、経済産業省の4省による、生命科学系データベースの統合の一環として運営されているライフサイエンス分野の多種多様なデータベースの内容を収録した「カタログ型のデータベース」です。データベースが数多く存在する昨今、データベースをうまく使いこなすことが研究の進展を左右するといっても過言ではありません。しかし実際の利用者からは「必要なデータベースが見つからない」「何のデータベースがあるのか分からない」という声をよく聞きます。

Integbioデータベースカタログでは、国内外のデータベースを目的や対象、種類、生物種、提供機関別に分類し、それらの説明が日本語で書かれているのが特徴です。また個々のデータベースについてのレコードが公開されています。

YouTube版はこちらです。

【ダイジェスト】下記のリンクをクリックするとその場面から再生されます。

- 1. ファセット項目を用いた絞り込み(1分36秒)
- 2. キーワード検索(3分52秒)
- 3. メニューと新着情報(4分55秒)

①



統合TV

統合TVを有効利用して、
様々なウェブサイトや
ツールを使いこなそう。



統合TVは、ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)が発信する生命科学分野の有用なデータベース(DB)やウェブツールの活用法を動画で紹介するウェブサイトです。くわしくは[こちら](#)をご覧ください。ご質問、ご要望は、お問い合わせもしくはライフサイエンスQAからお願

Dashboard widget



新しい統合TVはこちらから！ →

知りたい・調べたい・使い倒したい
DBやウェブツールがすぐに見つかる！

統合TVの論文が **Briefings in Bioinformatics** に掲載されました！(2011/7/29)

番組カテゴリ: BIRD | DBCLS | EMBOSS | English | Firefox | IE6 | IE7 | IE8 | JST | NGS | PC環境設定 | commons | macosx | presentation | safan | バグ真 | パスウェイ解析 | ポータル | 二次構造 | 化合物 | 可視化 | 塩基配列 | 多型情報 | 文献検索 | 構造解析 | 疾患情報 | 発現情報 | 設計ツ

2012-11-27

[ポータル] Integbioデータベースカタログの使い方

Integbioデータベースカタログは、文部科学省、厚生労働省、農林水産省、経済産業省の4省による、生命科学系の一環として運営されているライフサイエンス分野の多種多様なデータベースの内容を収録した「カタログ型」のデータベースが数多く存在する昨今、データベースをうまく使いこなすことが研究の進展を左右するといえます。しかし実際の利用者からは「必要なデータベースが見つからない」「何のデータベースがあるのか分からない」

Integbioデータベースカタログでは、国内外のデータベースを目的や対象、種類、生物種、提供機関別に分類し、日本語で書かれているのが特徴です。また個々のデータベースについてのレコードが公開されています。

YouTube版はこちらです。

【ダイジェスト】下記のリンクをクリックするとその場面から再生されます。

- 1. ファセット項目を用いた絞り込み(1分36秒)
- 2. キーワード検索(3分52秒)
- 3. メニューと新着情報(4分55秒)

TOGO TV
CURATED

生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

はじめての方へ
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
番組リクエスト・お問い合わせ

使い倒し系チャンネル
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力すると、入力のため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。お探しの動画が見つからない or 統合TV未掲載の場合は、[統合TV番組リクエストフォーム](#)へどうぞ！！

10 エントリを表示

検索:

番組タイトル(YOUTUBEへのリンク)

[Clustal Omegaを使ってマルチプルアラインメントを行う](#)

[Tutorial movies for TargetMine](#)

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。)

TOGO TV

Clustal Omegaを使ってマルチプルアラインメントを行う

150310版

DBCLS

Clustal Omega(「クラスタルオメガ」と読みます)は複数の塩基配列やアミノ酸配列をできるかぎり一致するように並べる(多重(マルチプル)アラインメント)ツールです。アラインメントは、タンパク質ファミリーの保存残基を採ったり、二次構造や三次構造の予測を助けたり、PCRプライマーの設計に一役買ったり、分子進化解析の基礎データともなります。今回紹介するEBIのClustal Omegaでは、Jalviewを使ってアラインメントの結果を視覚的に見ることもできます。今回は例として、ヒト、マウス、ブタの各生物種における脂肪代謝遺伝子 peroxisome proliferator-activated receptor(PPAR)ファミリーの塩基配列をサンプル配列として多重アラインメントを行い、系統樹を作成する方法を説明します。

TOGO TV

Tutorial movies for TargetMine

~ List Search · QueryBuilder ~

Ver. 150312

Apr 7 2015

25

(Rで)塩基配列解析

NGS解析系ウェブサイト

- ・(Rで)塩基配列解析
NGS系のそれっぽいキーワードで検索すると大抵上位に出現。
- ・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に解析をやらしてもらえます。
[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

NGS解析系その他

- ・NGS現場の会
2015年7月1-3日に[第四回研究会](#)がつくばで開催されるようです。

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」を開催しています。

- ・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やってみると利用するのがよくわからない...」的なものの利用法をを具体例を交え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が情報を取得する](#)」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が、ほとんど更新されていない印象があ

(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 2015/04/03, since 2010)

What's new?

- ・このウェブページは[インストール](#)についての推奨手順 ([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#)([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた書籍もあります。(2015/04/03) **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27年度もバイオインフォ関連講義を行います。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が2-3割程度受講しております。受講ガイダンスは4月6日17:15- 於東大農です。(2015/03/31) **NEW**
- ・R本体およびパッケージのインストール手順のところを更新しました。詳細は[インストール](#)についてをごらんください。(2015/04/02) **NEW**
- ・[MBCluster.Seq](#)パッケージを用いた遺伝子間クラスタリングのやり方を一通り示しました。(2015/03/14) **NEW**
- ・[参考資料](#)([講義](#)、[講習会](#)、[本](#)など)の項目を更新しました。(2015/03/09) **NEW**

- ・はじめに (last modified 2015/03/31) **NEW**
- ・[参考資料](#)([講義](#)、[講習会](#)、[本](#)など) (last modified 2015/03/09) **NEW**
- ・[過去のお知らせ](#) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- ・[インストール](#)について (last modified 2015/04/03) **NEW**
- ・インストール | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) 推奨 **NEW**
- ・インストール | R本体 | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2015/04/01) 推奨 **NEW**
- ・インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・インストール | Rパッケージ | [ほぼ全て\(20GB以上?\)!](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- ・インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(数GB?\)!](#) (last modified 2015/03/27) 推奨 **NEW**
- ・インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(数GB?\)!](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- ・インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- ・(削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2015/04/02) **NEW**
- ・(削除予定)[個別パッケージのインストール](#) (last modified 2015/02/20)
- ・[基本的な利用法](#) (last modified 2015/04/03) **NEW**
- ・[サンプルデータ](#) (last modified 2015/02/15)
- ・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](#) (last modified 2015/02/11)

(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 2015/04/03, since 2010)

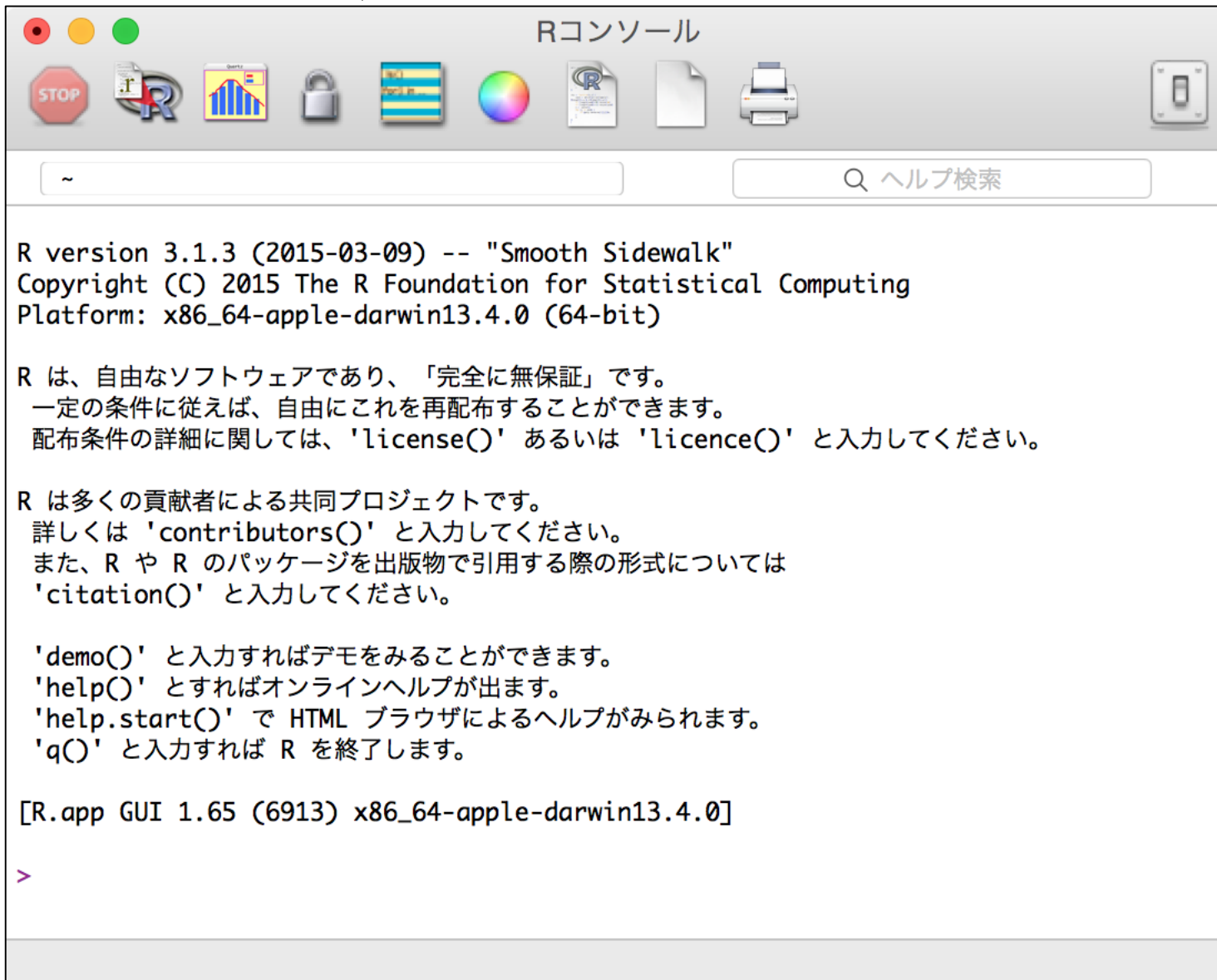
What's new?

- このウェブページは[インストール II](#)についての推奨手順 ([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))に従ってフリーソフト Rと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#)([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた書籍もあります。(2015/04/03) **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27年度もバイオインフォ関連講義を行います。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が2-3割程度受講しております。受講ガイダンスは4月6日17:15- 於東大農です。(2015/03/31) **NEW**
- R本体およびパッケージのインストール手順のところを更新しました。詳細は[インストール II](#)をごらんください。(2015/04/02) **NEW**
- [MBCCluster_Seq](#)パッケージを用いた遺伝子間クラスターリングのやり方を一通り示しました。(2015/03/14) **NEW**
- 参考資料(講義、講習会、本など)の項目を更新しました。(2015/03/09) **NEW**

- [はじめに](#) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#) (last modified 2015/03/09) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- [インストール II](#)について (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2015/04/01) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [ほぼ全て\(20GB以上?\)](#) (last modified 2015/03/22) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(数GB?\)](#) (last modified 2015/03/27) 推奨 **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(数GB?\)](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/03/23) **NEW**
- (削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2015/04/02) **NEW**
- (削除予定)[個別パッケージのインストール](#) (last modified 2015/02/20)
- [基本的な利用法](#) (last modified 2015/04/03) **NEW**

①貸与PCは、基本的にこのウェブページの推奨手順通りにR本体および必要なパッケージのインストールを行っています。この手順に沿ってインストールを行えば、来週以降は持込PCで講義を受けることができます。講義の後半は、②「基本的な利用法」の一部を行います。

Rの起動



基本的な利用法

The screenshot shows the R GUI window with a title bar 'Rコンソール'. The window contains a search bar with 'ヘルプ検索' and a text area with the following content:

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()' と入力してください。

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。

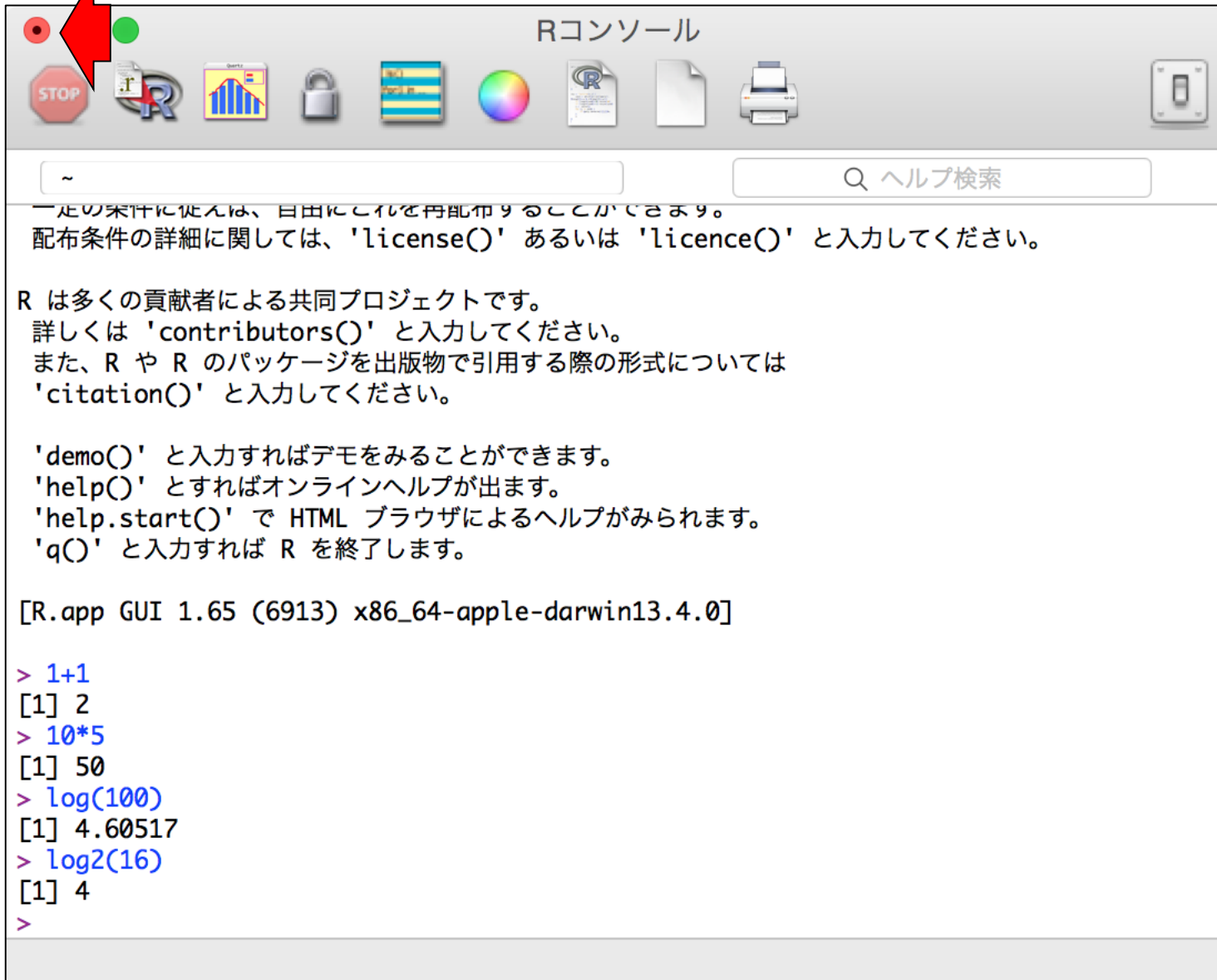
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
 'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
 'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
 'q()' と入力すれば R を終了します。

[R.app GUI 1.65 (6913) x86_64-apple-darwin13.4.0]

```
> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16)
[1] 4
>
```

通常のソフトウェアと同様、左上の赤丸ボタンを押せばよい。

Rの終了



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()' と入力してください。

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。

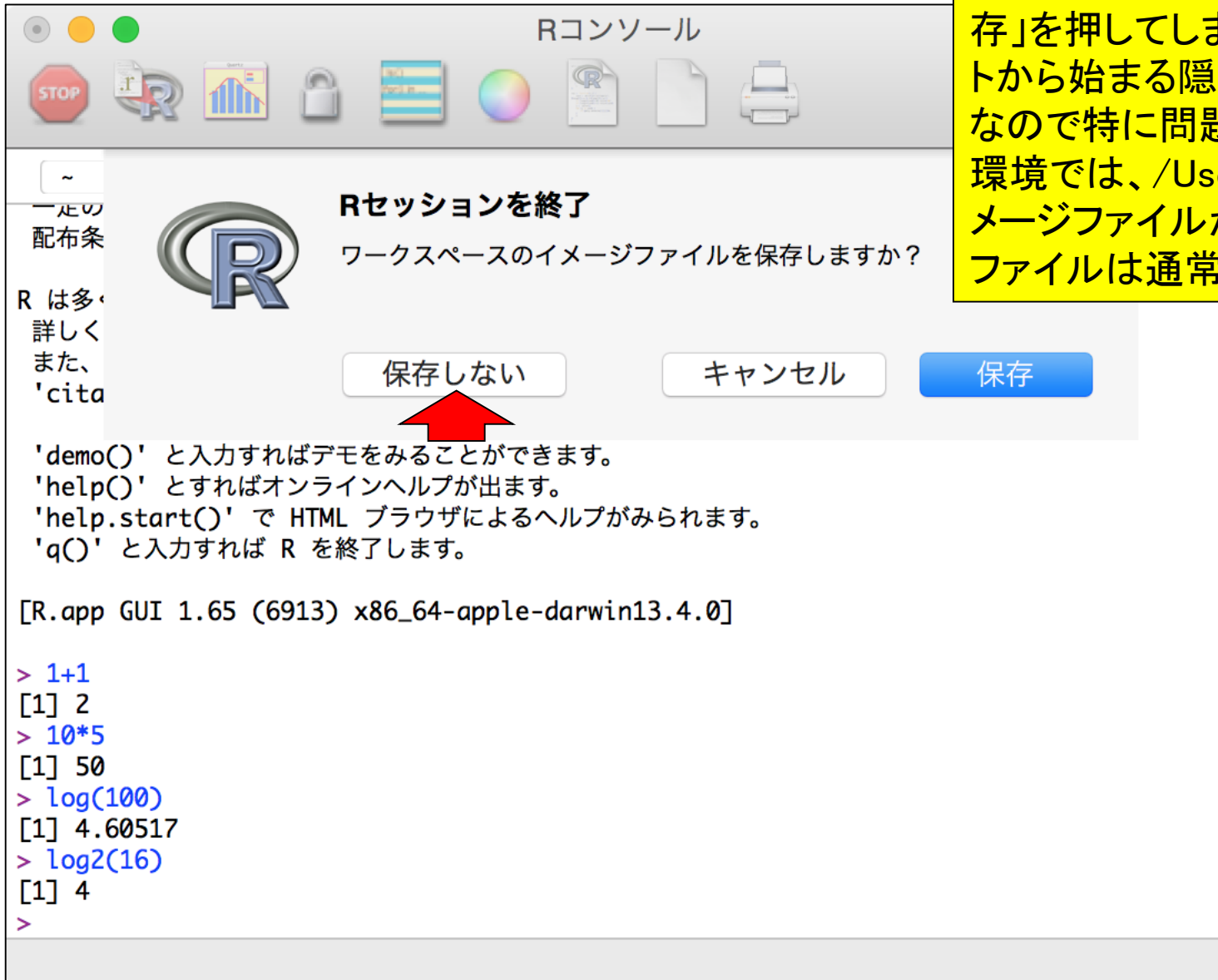
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

```
[R.app GUI 1.65 (6913) x86_64-apple-darwin13.4.0]

> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16)
[1] 4
>
```

Rの終了

「ワークスペースのイメージファイルを保存しますか?」というダイアログが出るが、最初のうちは「保存しない」でよい。(間違っても「保存」を押してしまっても.Rapp.historyというドットから始まる隠しファイルが作成されるだけなので特に問題はない。ユーザ名kadotaの環境では、/Users/kadota/.Rapp.historyにイメージファイルが自動作成される。尚、隠しファイルは通常は表示されない。



Rセッションを終了
ワークスペースのイメージファイルを保存しますか?

保存しない キャンセル 保存

一定の配布条
R は多、詳しくまた、'cita
'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。

```
[R.app GUI 1.65 (6913) x86_64-apple-darwin13.4.0]
> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16)
[1] 4
>
```


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

解析基礎1: 翻訳配列取得

- ・ [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\(基礎\)](#) | [Biostrings](#) (last modified 2015/03/09) **NEW**
- ・ [イントロ](#) | [一般](#) | [翻訳配列\(translate\)を取得\(応用\)](#) | [seqinr\(Chapman, 2005\)](#) (last modified 2015/03/09)
- ・ [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](#)
- ・ [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 2013/06/14)
- ・ [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](#)
- ・ [イントロ](#) | [一般](#) | [Tips](#) | [拡張子は同じで任意の文字を指定](#)
- ・ [イントロ](#) | [一般](#) | [配列取得](#) | [ゲノム配列](#) | [公共DBから](#)

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎) | Biostrings **NEW**

[Biostrings](#)パッケージを用いて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示します。翻訳のための遺伝コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。もちろん生物種?!!によって多少違い(variants)があるようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"などいろいろ選べるようです。「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:

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta" #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
fasta #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果を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
```


ファイルの保存

①解析したいファイル sample1.fastaをhogeフォルダ中に保存。②勝手に.txtという拡張子が追加されてしまいますので、戻しておきましょう。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合:

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式

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

```
#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)
fasta
```

#本番

```
fasta <- translate(fasta)
fasta
```

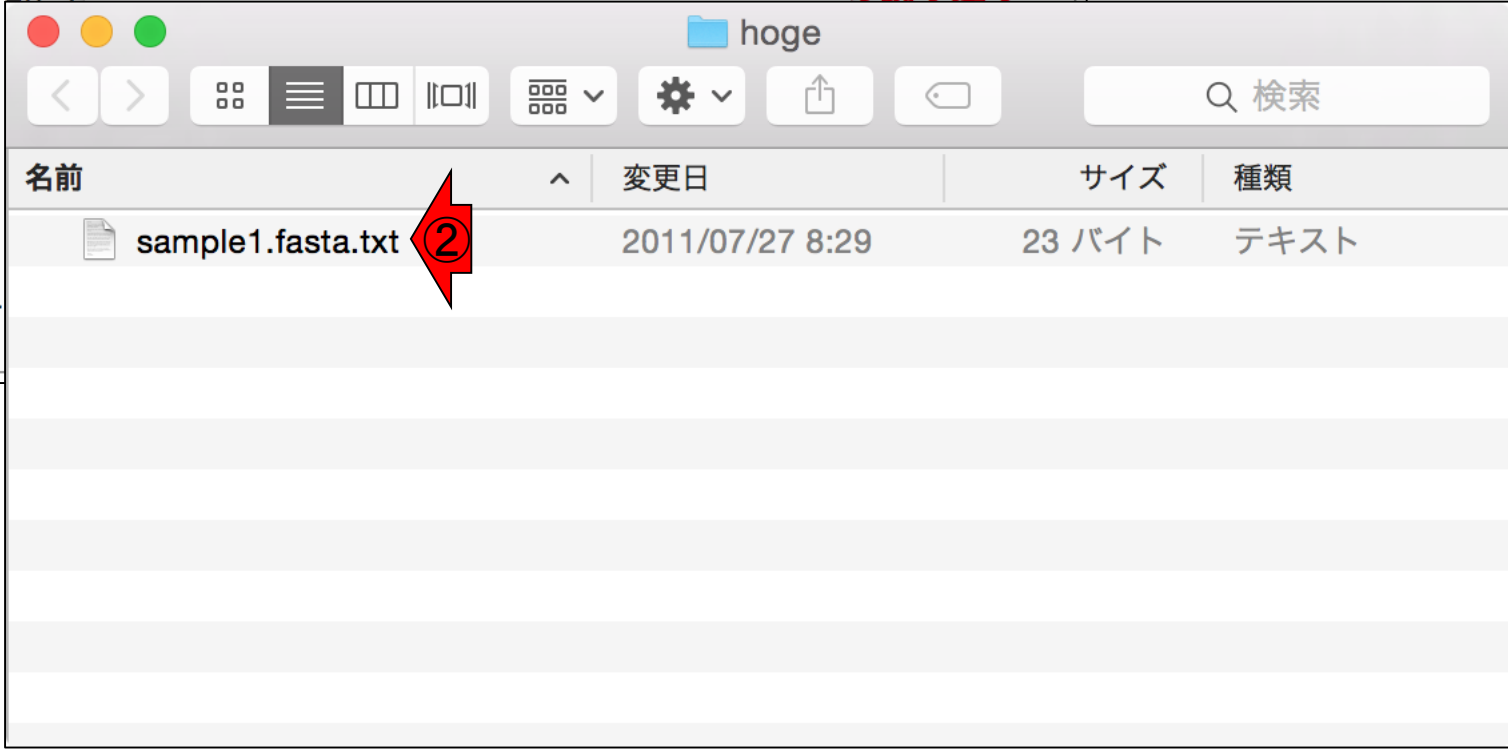
#ファイルに保存

```
writeXStringSet(fasta, file)
```

- リンクを新規タブで開く
- リンクを新規ウインドウで開く
- リンク先のファイルをダウンロード **①**
- リンク先のファイルを別名でダウンロード...
- リンクをブックマークに追加...
- リンクをリーディングリストに追加
- リンクをコピー

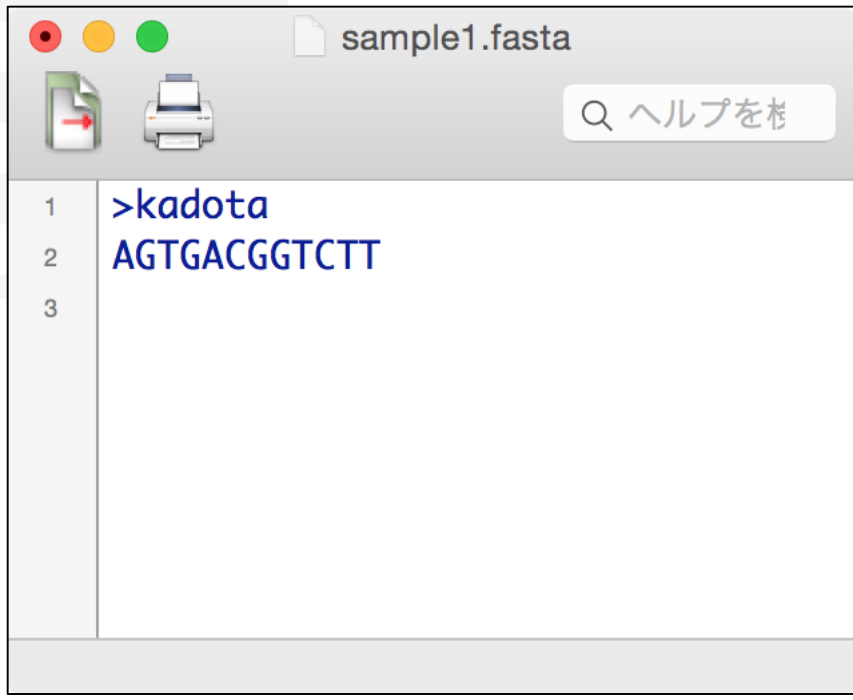
格納
格納

の読み込み



ファイルの保存

基本Rで取り扱うので、エディタもRのものを利用したほうが無難です。



作業ディレクトリの変更

R起動直後のデフォルトの作業ディレクトリは、ユーザ名kadotaの環境では、「/Users/kadota」です。その一方で、今解析したいファイルはデスクトップ上にあるhogeなので、作業ディレクトリをそこに変更する必要があります。「getwd()」は、現在の作業ディレクトリを表示させるコマンドです。

Rコンソール

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()' と入力してください。

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。

[R.app GUI 1.65 (6913) x86_64-apple-darwin13.4.0]

[履歴が次のファイルから読み込まれました /Users/kadota/.Rapp.history]

```
> getwd()
[1] "/Users/kadota"
> |
```

デスクトップのhogeを指定して「開く」を押す。

作業ディレクトリの変更

R ファイル 編集 フォーマット ワークスペース パッケージとデータ **その他** ウィンドウ ヘルプ

作業ディレクトリの変更... ① ⌘D
作業ディレクトリのリセット

新しい作業ディレクトリを選択

hoge 🔍 検索

よく使う項目

- マイファイル
- アプリケーション
- デスクトップ
- 書類
- ダウンロード
- kadota**
- デバイス
- リモートディスク
- Untitled
- タグ
- レッド
- オレンジ
- イエロー

VirtualBox VMs

- ダウンロード
- デスクトップ ②
- パブリック
- ピクチャ
- ミュージック
- ムービー
- ライブラリ
- 書類

hoge ③

- Rインストール
- share
- スクリーンシ...15.33.55.png

sample1.fasta

キャンセル 開く



getwd()と打ち込んで確認

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。

Rコンソール

~/Desktop/hoge

配布条件の詳細については、`license()` あるいは `licence()` と入力してください。

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。

[R.app GUI 1.65 (6913) x86_64-apple-darwin13.4.0]

[履歴が次のファイルから読み込まれました /Users/kadota/.Rapp.history]

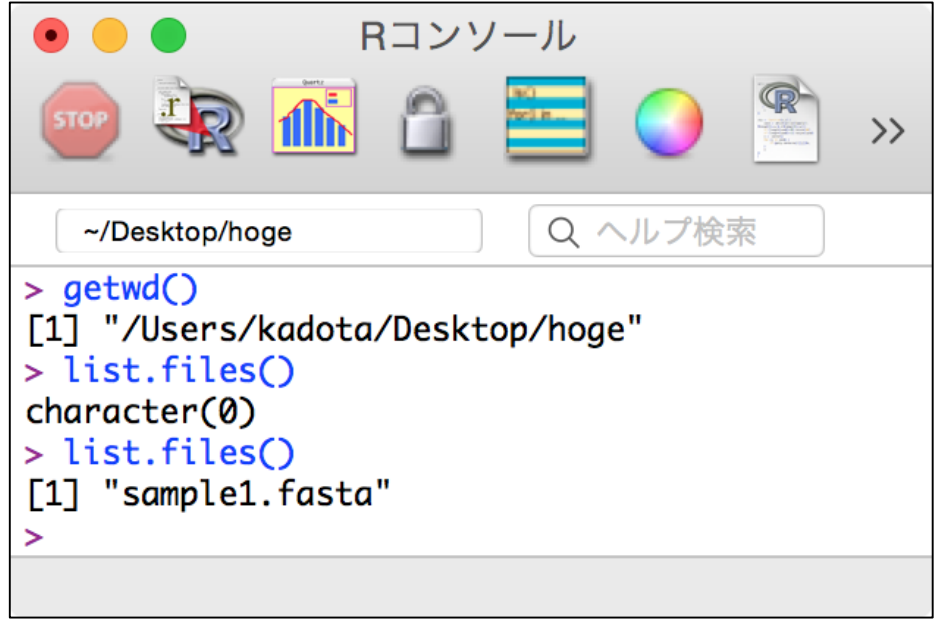
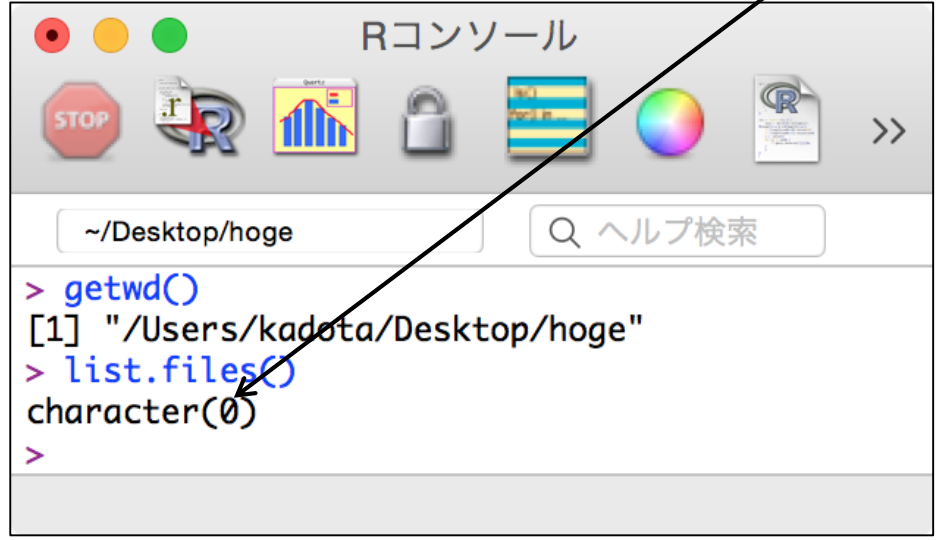
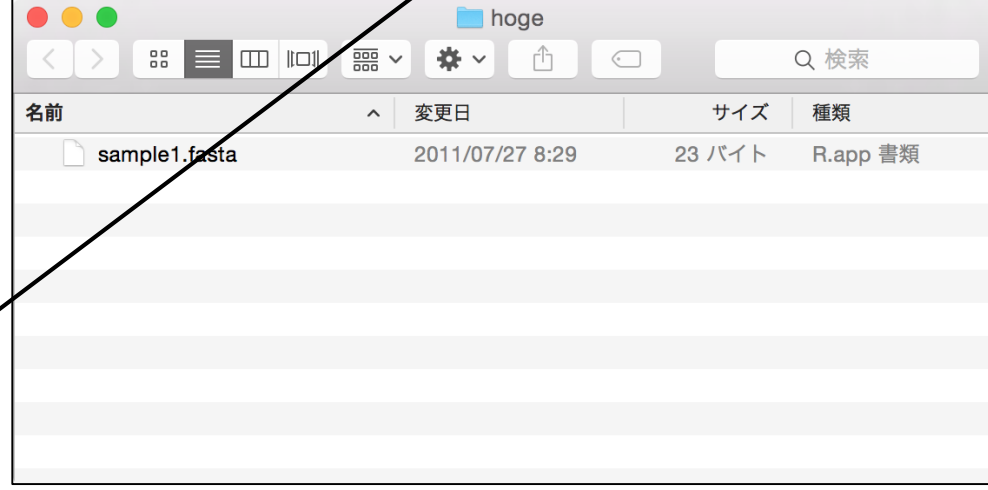
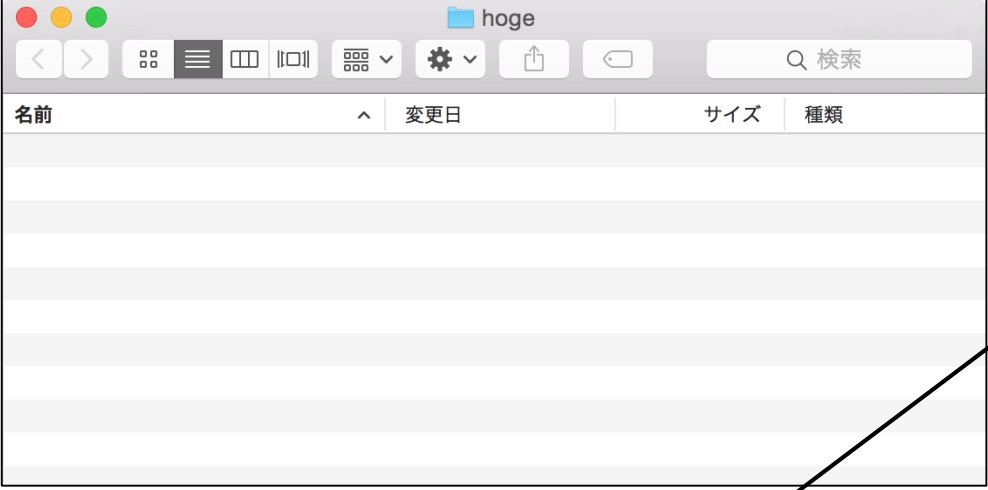
```
> getwd()
[1] "/Users/kadota"
> getwd()
[1] "/Users/kadota/Desktop/hoge"
> |
```



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



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。

基本はコピー

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```

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

#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,
                           file.type="fasta")

#本番
fasta <- translate(fasta)

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

```

#入力ファイル名を指定してin_fに格納
#出力ファイル名を指定してout_fに格納

"in_f <- \"sample1.fasta\" ...\"を調べる
Googleで検索

- コピー ①
- スピーチ
- Googleで検索
- スポークン

Rコンソール

~/Desktop/hoge

```

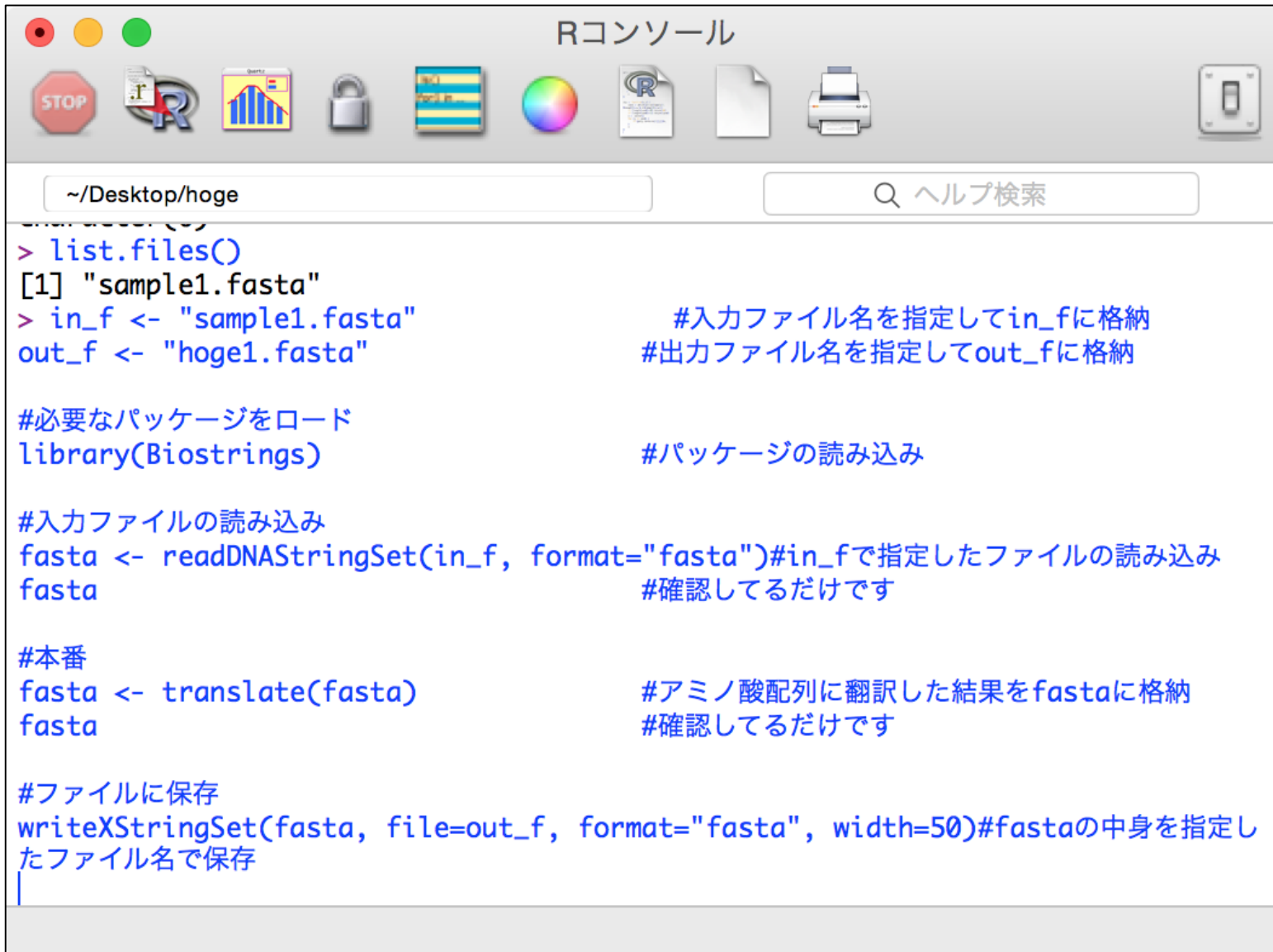
> getwd()
[1] "/Users/kadota"
> getwd()
[1] "/Users/kadota/Desktop"
> list.files()
character(0)
> list.files()
[1] "sample1.fasta"
>

```

- カット
- コピー
- ペースト ②
- フォント
- スペルと文法
- 自動置換
- 変換
- スピーチ
- レイアウトの方向
- 現在位置の関数のヘルプを表示 ^H

ペースト直後の状態。「リターンキー」を押す。

基本はコピペ



```
> list.files()
[1] "sample1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"           #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"             #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

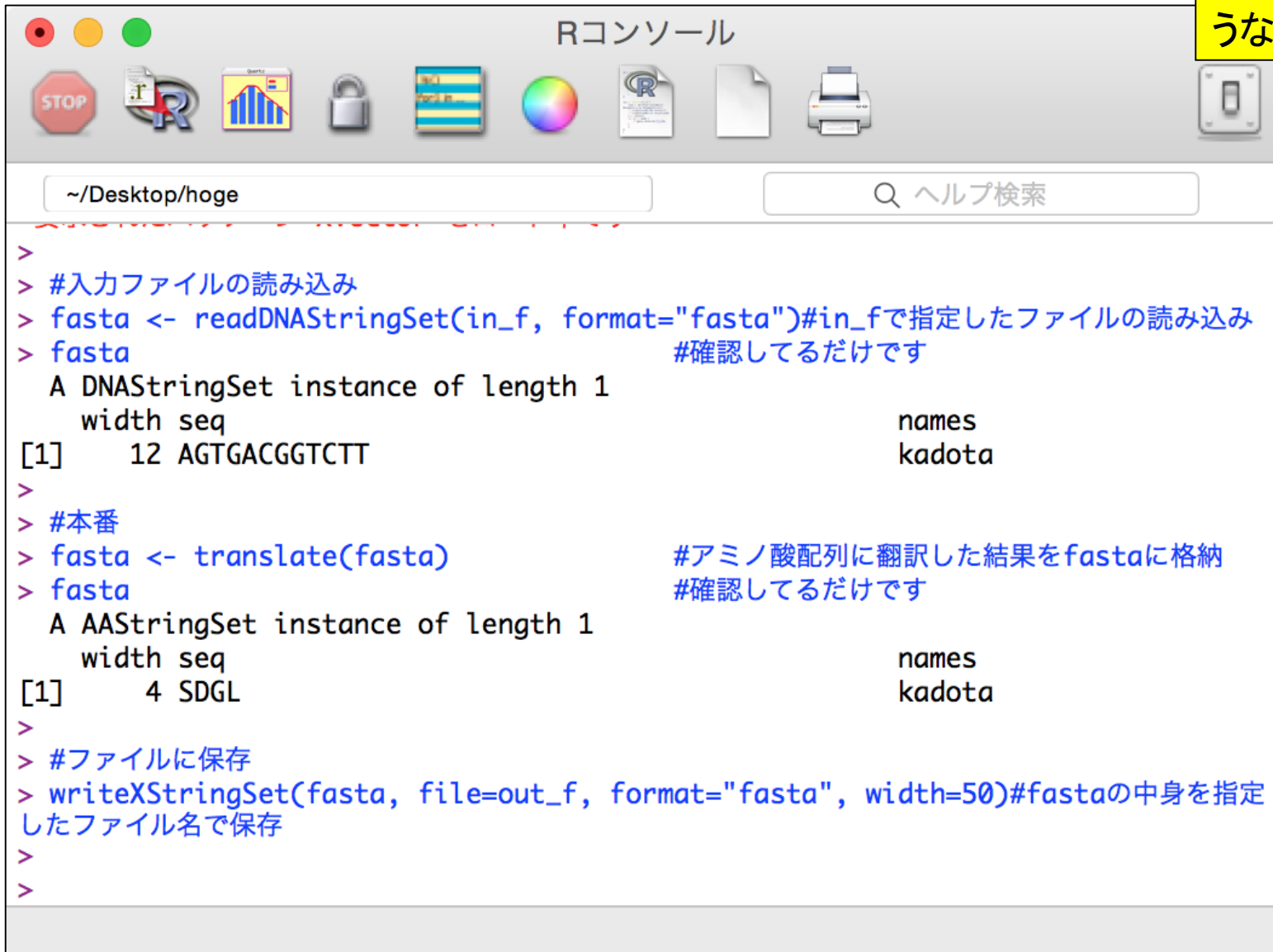
#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta                                #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta)         #アミノ酸配列に翻訳した結果を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保存
```

基本はコピー

「リターンキー」を押すとコピーしたコードが実行される。無事実行が終わると、このような画面になる。



```
Rコンソール
~/Desktop/hoge
ヘルプ検索

>
> #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
> fasta                                     #確認してるだけです
A DNASTringSet instance of length 1
  width seq                                     names
[1]    12 AGTGACGGTCTT                          kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                 #アミノ酸配列に翻訳した結果を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
したファイル名で保存
>
>
```

出力ファイル名として指定したhoge1.fastaが生成されていることが分かります

実行結果

```

Rコンソール
~/Desktop/hoge
次のパッケージを付け加えます: 'BiocGenerics'

The following objects are masked from 'package:parallel':

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

The following object is masked from 'package:stats':

xtabs

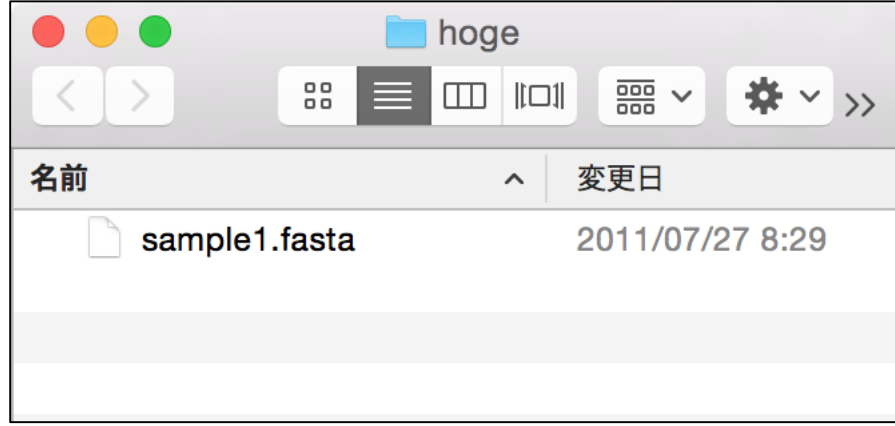
The following objects are masked from 'package:base':

anyDuplicated, append, as.data.frame, as.vector, cbind,
colnames, do.call, 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, unsplit

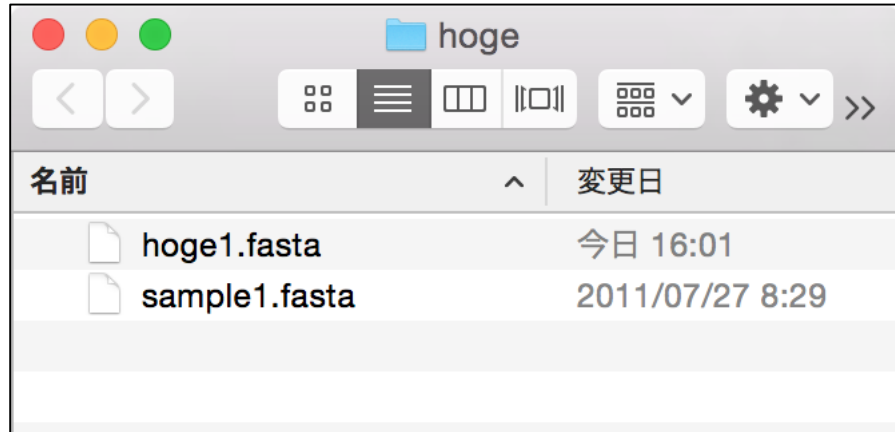
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 をロード中です
要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ XVector をロード中です
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
> fasta #確認してるだけです
A DNAStringSet instance of length 1
width seq names
[1] 12 AGTGACGGTCTT kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果を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
したファイル名で保存
>

```

実行前のhogeフォルダ



実行後のhogeフォルダ



実行結果

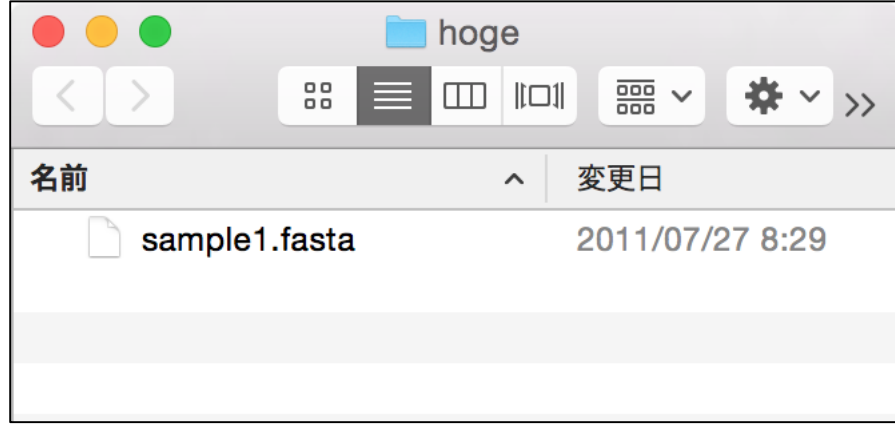
「list.files()で表示される結果」と「実行後のhogeフォルダの中身」は当然同じです

```

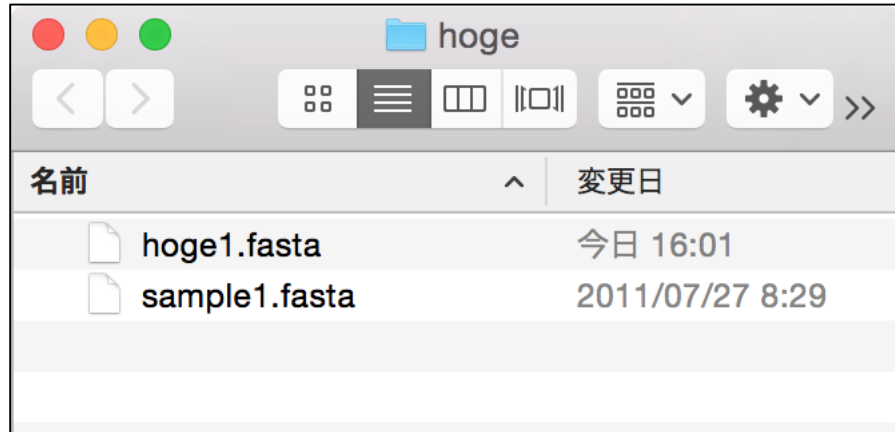
Rコンソール
~/Desktop/hoge
結果をTASTAに格納
> fasta #確認してるだけです
A AAStringSet instance of length 1
width seq names
[1] 4 SDGL kadota
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta",
width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> list.files()
[1] "hoge1.fasta" "sample1.fasta"

```

実行前のhogeフォルダ



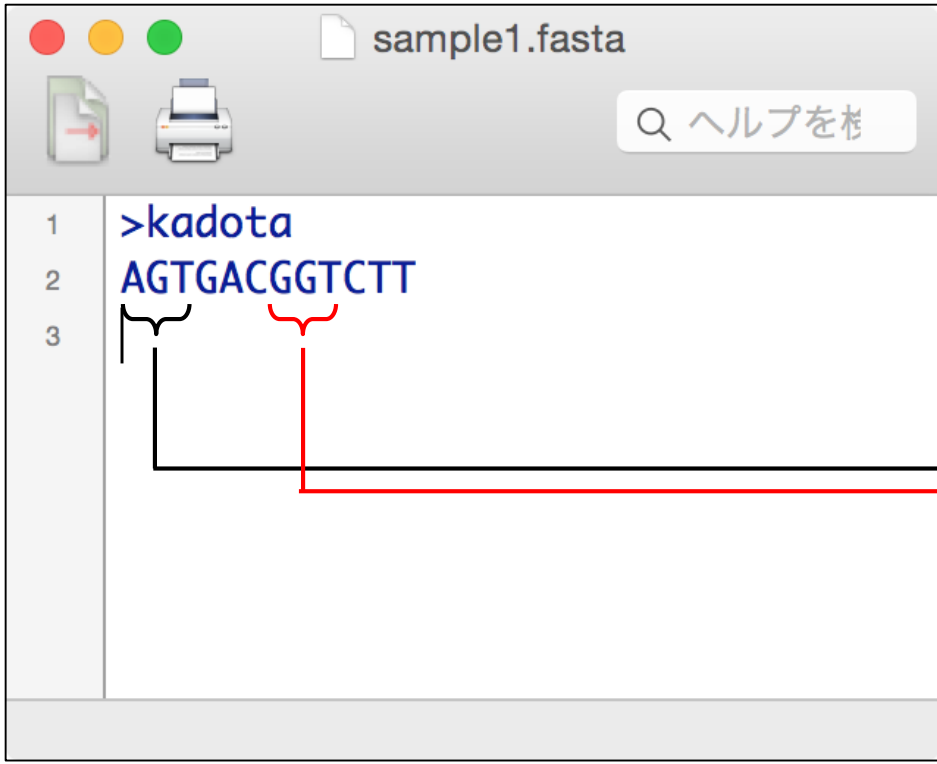
実行後のhogeフォルダ



入力ファイル中の塩基配列は、3の倍数の12塩基長、ACGTのみからなるので何のエラーもない

実行結果

入力: 塩基配列ファイル (sample1.fasta)

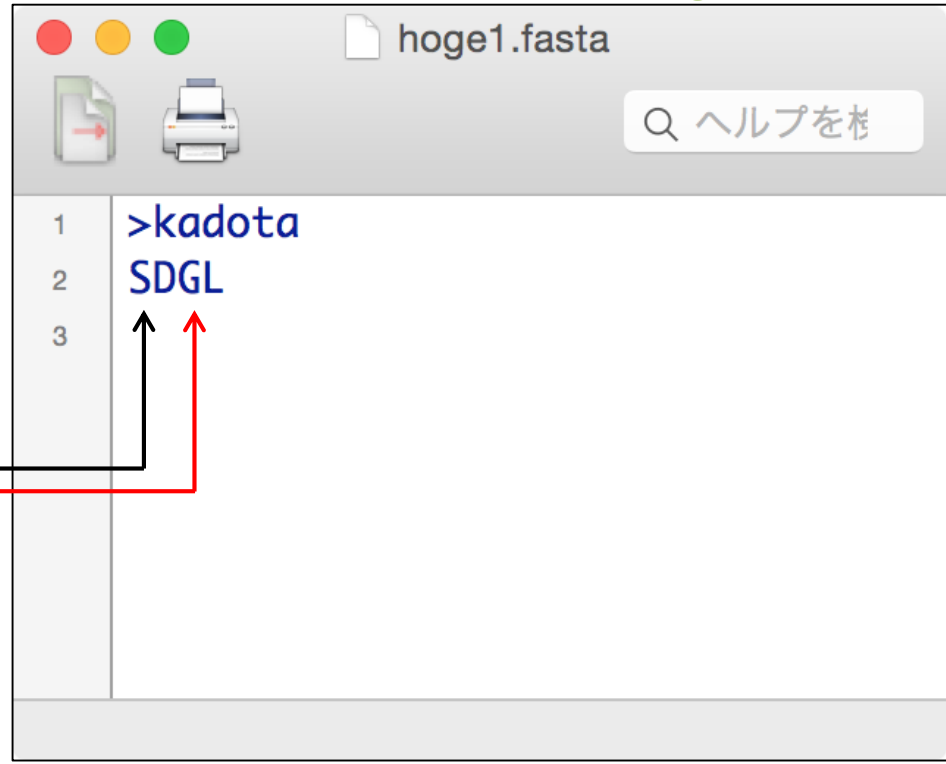


The screenshot shows a text editor window titled 'sample1.fasta'. The content is as follows:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

Red curly braces are placed under the first three characters 'AGT' and the last three characters 'GTT' of the sequence. A red line connects the 'AGT' group to the 'SDG' part of the output sequence in the next window. A black line connects the 'GTT' group to the 'GL' part of the output sequence.

出力: アミノ酸配列ファイル (hoge1.fasta)



The screenshot shows a text editor window titled 'hoge1.fasta'. The content is as follows:

```
1 >kadota
2 SDGL
3
```

Black and red arrows point from the 'SDG' and 'GL' parts of the output sequence back to the corresponding 'AGT' and 'GTT' groups in the input sequence window.

コドン表

<http://ja.wikipedia.org/wiki/%E3%82%B3%E3%83%89%E3%83%B3>

表1. 64コドンと各々に対応するアミノ酸を示したもの。mRNAの方向は5'から3'である。

		2nd base			
		U	C	A	G
1st base	U	UUU (Phe/F)フェニルアラニン	UCU (Ser/S)セリン	UAU (Tyr/Y)チロシン	UGU (Cys/C)システイン
		UUC (Phe/F)フェニルアラニン	UCC (Ser/S)セリン	UAC (Tyr/Y)チロシン	UGC (Cys/C)システイン
		UUA (Leu/L)ロイシン	UCA (Ser/S)セリン	UAA Ochre (終止)	UGA Opal (終止)
		UUG (Leu/L)ロイシン	UCG (Ser/S)セリン	UAG Amber (終止)	UGG (Trp/W)トリプトファン
	C	CUU (Leu/L)ロイシン	CCU (Pro/P)プロリン	CAU (His/H)ヒスチジン	CGU (Arg/R)アルギニン
		CUC (Leu/L)ロイシン	CCC (Pro/P)プロリン	CAC (His/H)ヒスチジン	CGC (Arg/R)アルギニン
		CUA (Leu/L)ロイシン	CCA (Pro/P)プロリン	CAA (Gln/Q)グルタミン	CGA (Arg/R)アルギニン
		CUG (Leu/L)ロイシン	CCG (Pro/P)プロリン	CAG (Gln/Q)グルタミン	CGG (Arg/R)アルギニン
	A	AUU (Ile/I)イソロイシン	ACU (Thr/T)スレオニン	AAU (Asn/N)アスパラギン	AGU (Ser/S)セリン
		AUC (Ile/I)イソロイシン	ACC (Thr/T)スレオニン	AAC (Asn/N)アスパラギン	AGC (Ser/S)セリン
		AUA (Ile/I)イソロイシン, (開始)	ACA (Thr/T)スレオニン	AAA (Lys/K)リジン	AGA (Arg/R)アルギニン
		AUG (Met/M)メチオニン, (開始) ^[3]	ACG (Thr/T)スレオニン	AAG (Lys/K)リジン	AGG (Arg/R)アルギニン
G	GUU (Val/V)バリン	GCU (Ala/A)アラニン	GAU (Asp/D)アスパラギン酸	GGU (Gly/G)グリシン	
	GUC (Val/V)バリン	GCC (Ala/A)アラニン	GAC (Asp/D)アスパラギン酸	GGC (Gly/G)グリシン	
	GUA (Val/V)バリン	GCA (Ala/A)アラニン	GAA (Glu/E)グルタミン酸	GGA (Gly/G)グリシン	
	GUG (Val/V)バリン, (開始)	GCG (Ala/A)アラニン	GAG (Glu/E)グルタミン酸	GGG (Gly/G)グリシン	