2019.02.21版

バイオインフォマティクス
～Rパッケージの話～

[1]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
[2]東京大学・微生物科学イノベーション連携研究機構
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/

予定講義内容です

計3回の予定講義内容

- バイオインフォマティクス：概論とRの基礎(1/25)

  バイオインフォマティクスを学ぶ上でのRの位置づけや、基本的な利用法に関する本当に極初級者向けの解説

- バイオインフォマティクス：Rパッケージの話(2/22)

  Rを利用する際によく聞くパッケージというものの概念的な話や、どのようにして利用したいパッケージを見つけ出すかなどの話。

- バイオインフォマティクス：解析結果の解釈など(3/15)

  ガン vs. 正常などの状態の異なるグループ間でのクラスタリングや発現変動解析を行う実例や結果の解釈についての解説。Rを覚える時間がないヒトでもウェブツールを利用して同様の解析ができる話など。

資料はコチラ

①ググって、②私のホームページの、③講義、のところにPDFがあります（のでメモなどをとる必要はありません）。

東大　門田

門田　幸二のホームページ

名前　門田　幸二(かどた　こうじ)

所属　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
東京大学 微生物科学イノベーション連携研究機構

身分　准教授

研究分野　バイオインフォマティクス(トランスクリプトーム解析)

- 研究テーマ (last modified 2018/03/01)
- 原著論文 (last modified 2018/03/08)
- 総説・解説記事・翻訳など (last modified 2017/11/13)
- 略歴 (last modified 2018/04/09)
- 講義 (last modified 2018/04/06)
- 講演・講習会など (last modified 2018/05/04) NEW
- 外部研究資金 (last modified 2018/04/06)
- その他 (last modified 2018/05/17) NEW
- リンク集 (last modified 2018/05/11) NEW

研究テーマ

トランスクリプトーム解析手法の開発。本ユニットでは、様々なトランスクリプトームデータの解析や新規解析手法の開発を通じて、農学生命科学への応用を目指します。「数式を並べ立てた難解な方法を凌駕する"シンプルな方法"の開発」をモットーとしています。これまでの主な研究成果を三つのカテゴリーで分けていますが、いずれも「トランスクリプトーム解析」でひとまとめにできます。また、実験系の方でも気軽に研究成果を利用可能なように「(Rで)マイクロアレイデータ解析」と「(Rで)塩基配列解析」上にも 下記開発手法中の一部について、その利用法を記述しています。

①本日分はコチラ

資料はコチラ

講義 NEW

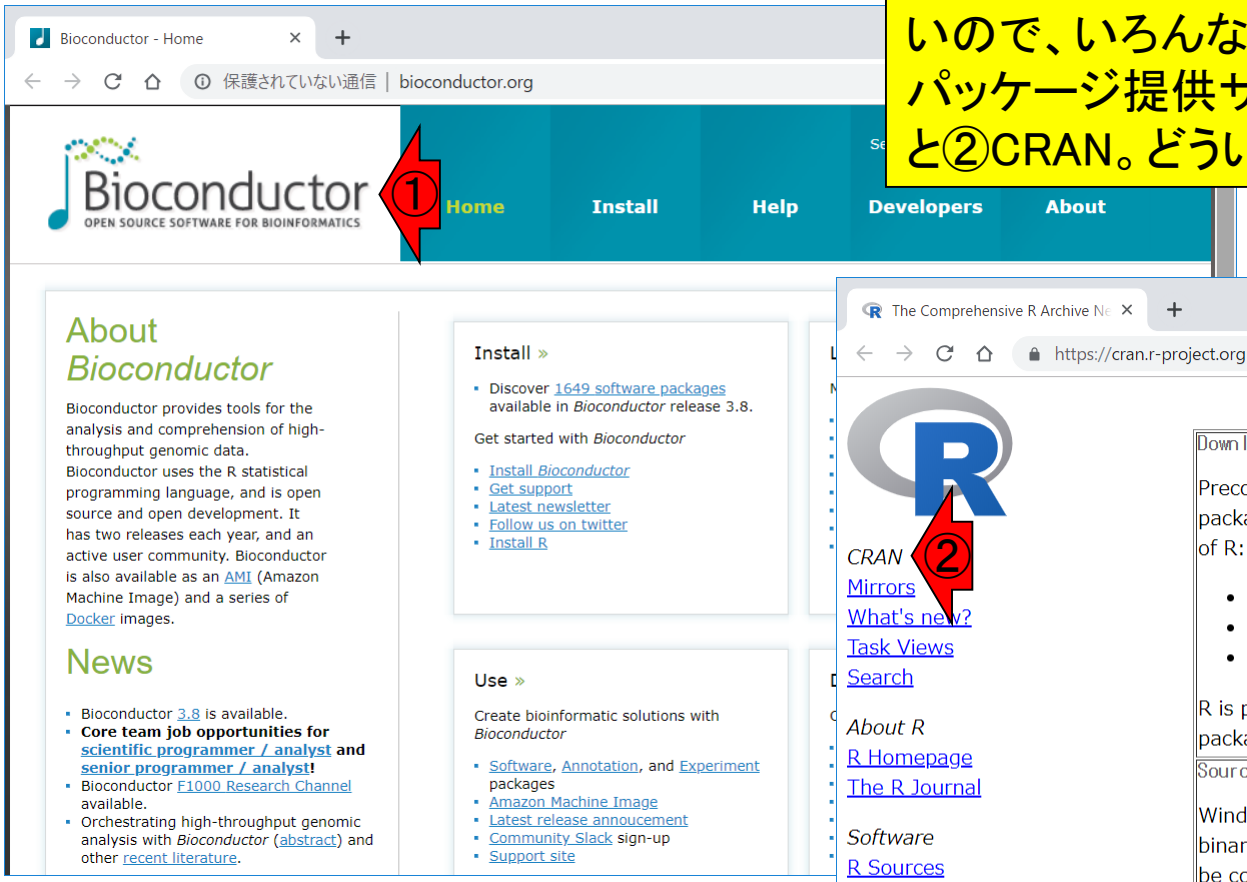
- 東大・院農・アグリバイオ「バイオスタティスティクス基礎論」(2006-2008年度、分担)
- 東大・院農・アグリバイオ「農学生命情報科学実習I」(2005-2008年度、分担)
- 東大・院農・アグリバイオ「機能ゲノム学」（2005-2008年度は分担、2014-2018年度）
- 東大・院農・アグリバイオ「バイオインフォマティクス基礎実習」(2004-2008年度、分担)
- 東大・院農・アグリバイオ「プロテオーム情報学」（2009年度、分担）
- 東大・院農・アグリバイオ「バイオインフォマティクスリテラシーII」（2009年度、分担）
- 東大・院農・アグリバイオ「ゲノム情報解析基礎」（2010-2018年度、分担）
- 東大・院農・アグリバイオ「オーム情報解析」（2010-2013年度、分担）
- 東大・院農・アグリバイオ「農学生命情報科学特論I」（2010-2014年度は分担、2015-2016年度、2018年度）
- 東大・院農・アグリバイオ「農学生命情報科学特論II」（2016年度）
- 東大・院農・アグリバイオ「農学生命情報科学特論III」（2011, 2013年度、分担）
- 東大・院農「情報生命工学」（1コマ; 2003, 2005, 2009年度）
- 東大・農学部「生物情報工学」（2コマ; 2005-2007年度）
- 東大・農学部「生物情報科学」（1コマ; 2008-2015年度）
- 東大・農学部「生物情報科学I」（1コマ; 2016-2017年度）
- 東大・農学部展開科目「バイオインフォマティクス」（2016-2017年度、分担）
- バイオインフォマティクス人材育成講座 スタンダードコース「バイオインフォマティクス 次世代シーケンサー編」（4コマ; 2011年度; 於沖縄工業高等専門学校(沖縄); 2011.10.15）
- 琉球大学・農学部「食品機能科学特別講義I」（3コマ; 2012年度; H24年度バイオインフォマティクス・スタンダードコースの一環; 2012.09.06;「講義資料」;「課題」）
- 奈良先端科学技術大学院大学(NAIST)・バイオサイエンス研究科「ゲノム機能解析特論」（2013年度; NAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップの一環; 2013.06.06;「ゲノム・トランスクリプトームの各種解析をRで行う」）
- 奈良先端科学技術大学院大学(NAIST)・バイオサイエンス研究科「ゲノム機能解析特論」（2014年度; NAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成26年度ワークショップの一環; 2014.06.12;「(R[redacted]配列解析の利用法：GC含量計算から発現変動解析まで」）
- 横浜市立大学・大学院医学研究科「ゲノム医学」：第1回(2019.01.25), 第2回(2019.02.22), 第3回(2019.03.15)

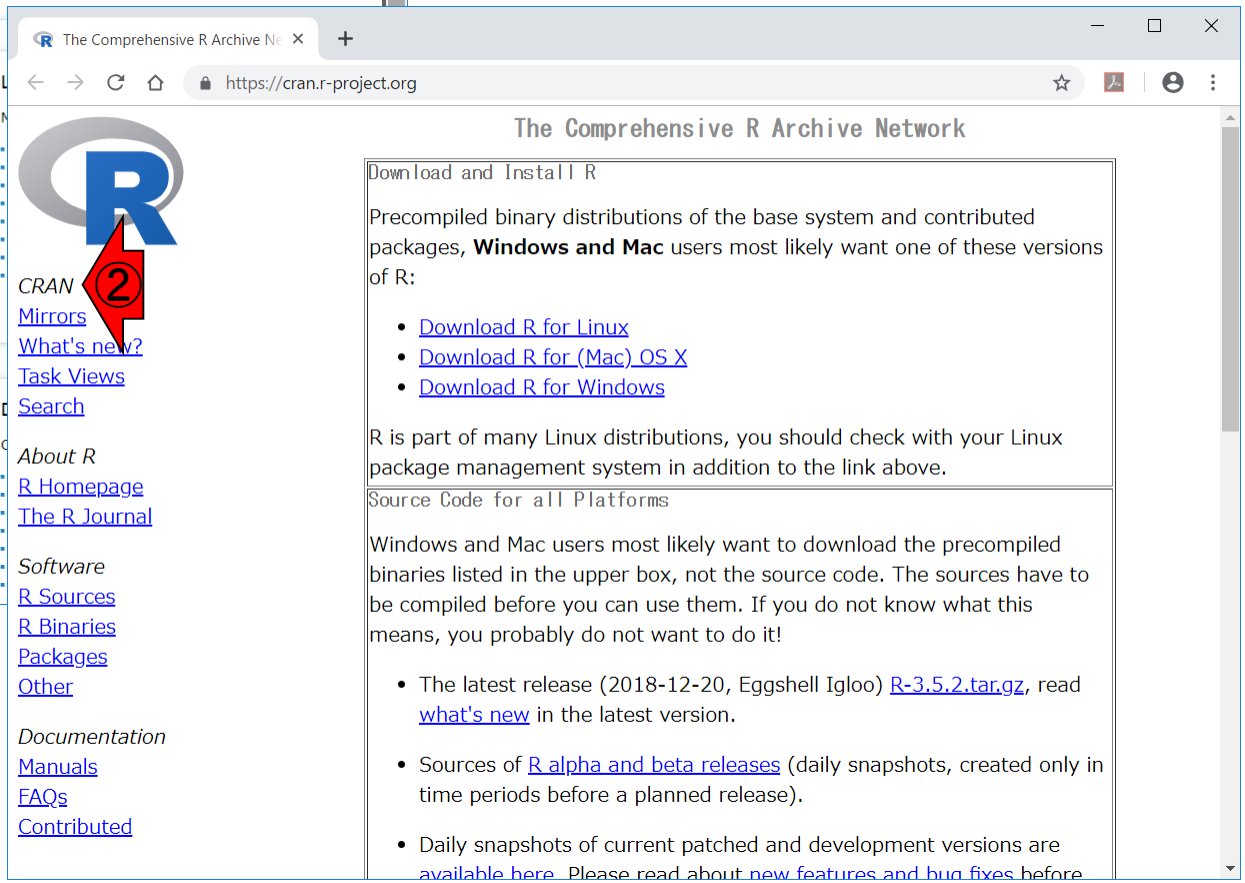
Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

Rパッケージ

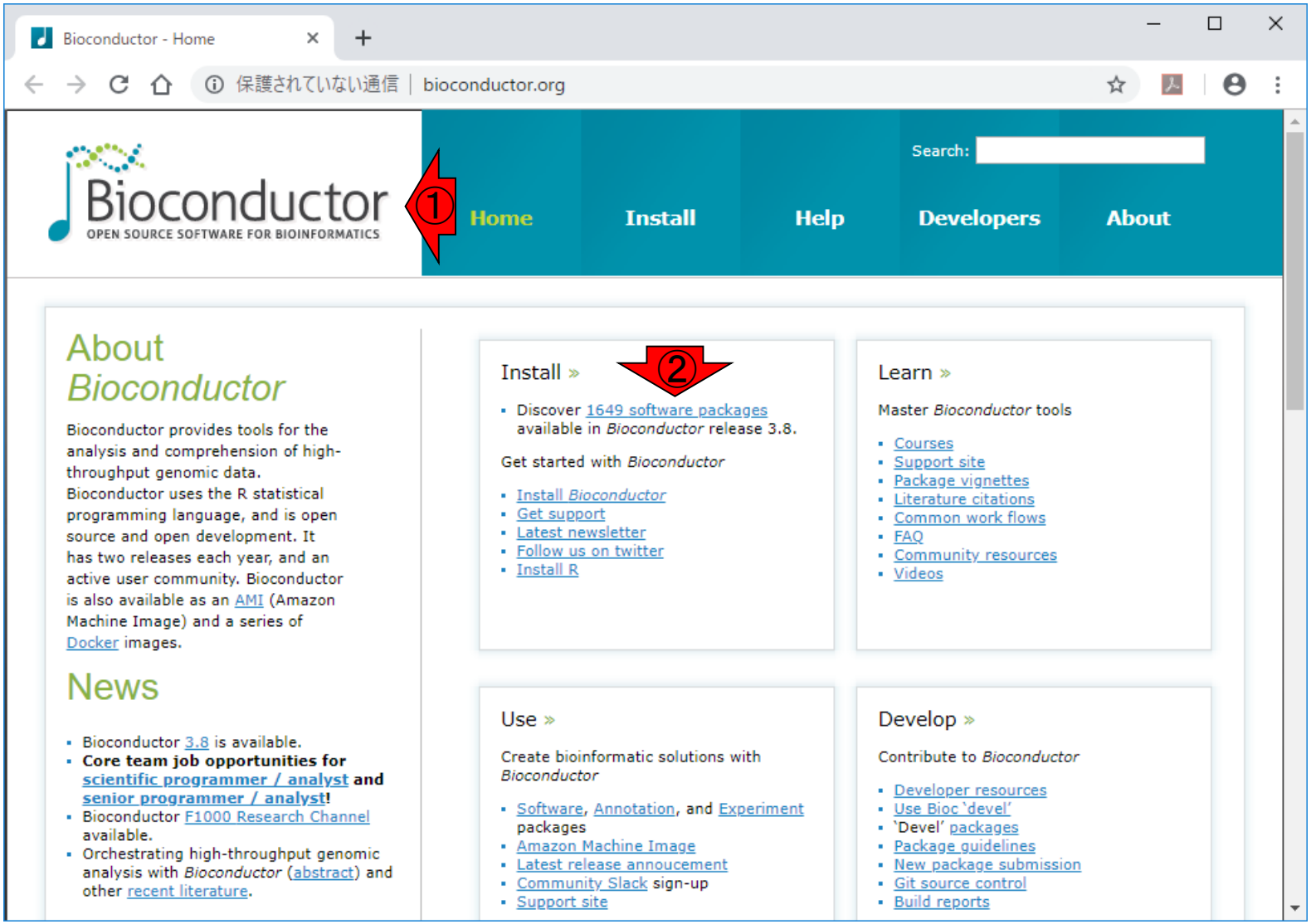
パソコンを購入した直後の状態ではほとんど何もできないので、いろんなソフトウェアをインストールして使います。Rも本体をインストールしただけでは大したことができないので、いろんなパッケージをインストールして使います。パッケージ提供サイトとして有名なのは、①Bioconductorと②CRAN。どういうものが存在するのか概観します。





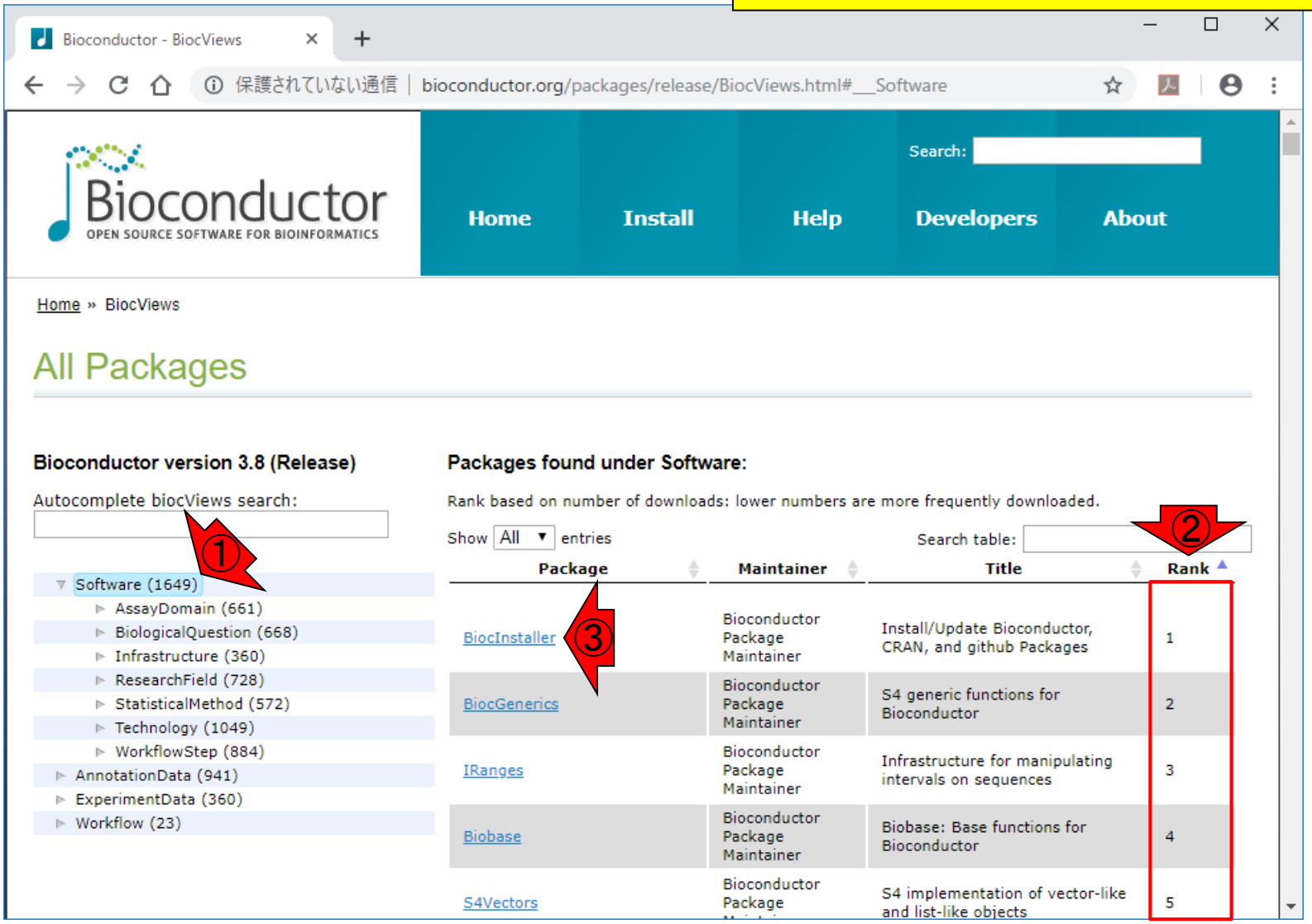
Bioconductor

①Bioconductorの最新リリースでは、②1,649パッケージが利用可能なようです。②をクリック



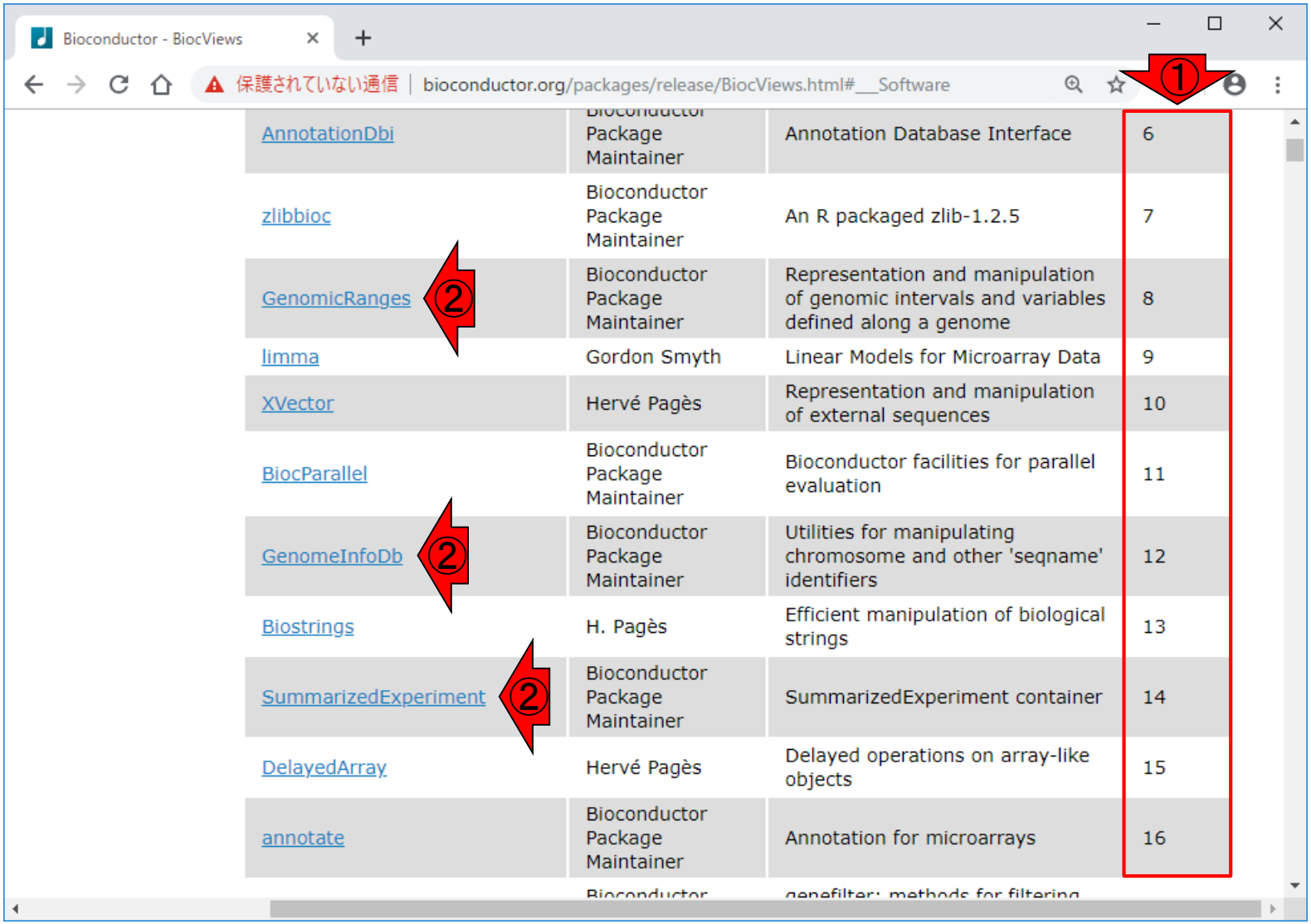
Bioconductor

ページ移動直後は、①1,649パッケージが、②ダウンロード?!ランキング順になっています。③1位はパッケージのインストーラ。上位は基本パッケージが多いです。



Bioconductor

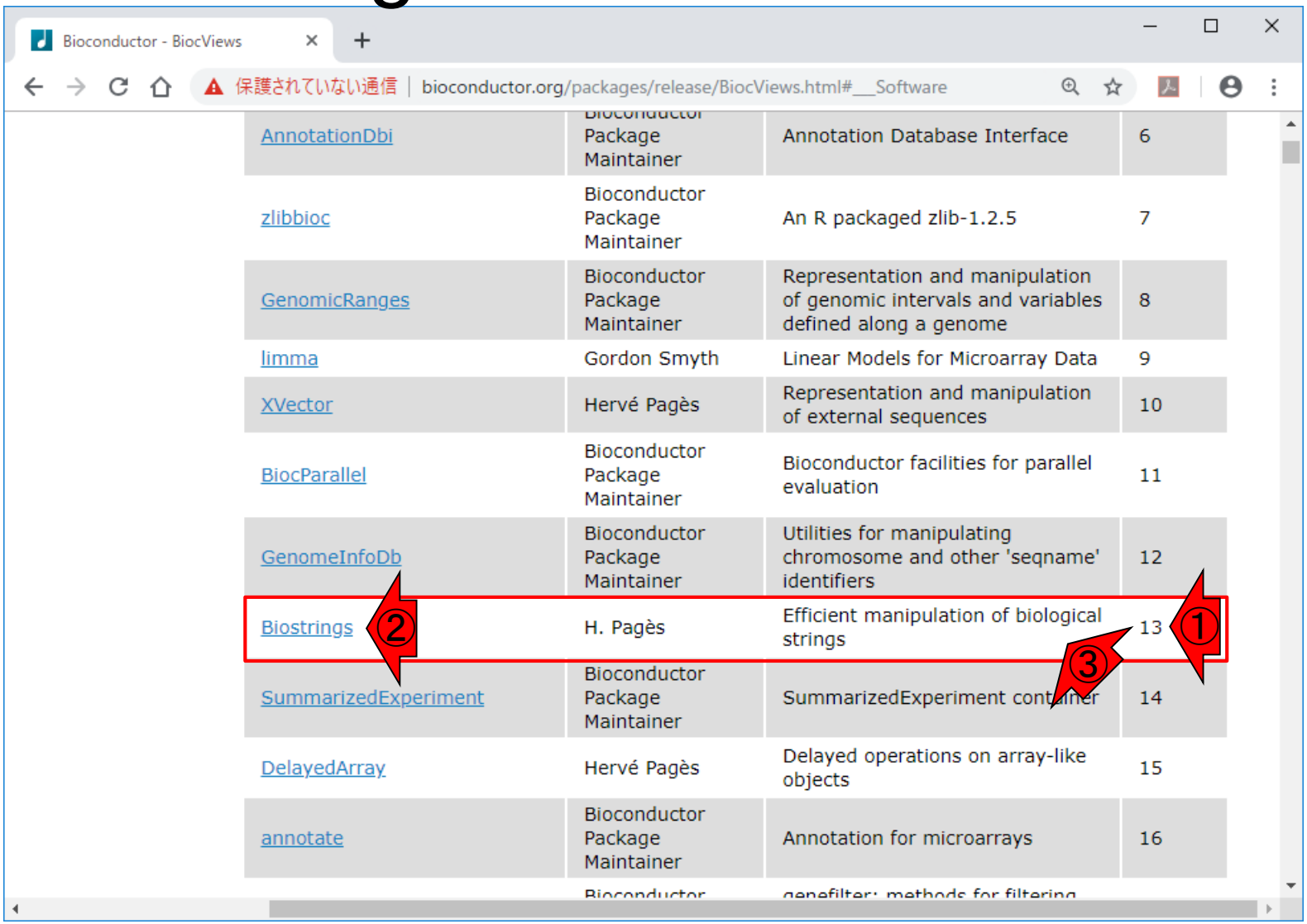
①6-16位を表示。②はゲノムの座標情報を取り扱う系のパッケージです。



AnnotationDbi	Bioconductor Package Maintainer	Annotation Database Interface	6
zlibbioc	Bioconductor Package Maintainer	An R packaged zlib-1.2.5	7
GenomicRanges	Bioconductor Package Maintainer	Representation and manipulation of genomic intervals and variables defined along a genome	8
limma	Gordon Smyth	Linear Models for Microarray Data	9
XVector	Hervé Pagès	Representation and manipulation of external sequences	10
BiocParallel	Bioconductor Package Maintainer	Bioconductor facilities for parallel evaluation	11
GenomeInfoDb	Bioconductor Package Maintainer	Utilities for manipulating chromosome and other 'seqname' identifiers	12
Biostrings	H. Pagès	Efficient manipulation of biological strings	13
SummarizedExperiment	Bioconductor Package Maintainer	SummarizedExperiment container	14
DelayedArray	Hervé Pagès	Delayed operations on array-like objects	15
annotate	Bioconductor Package Maintainer	Annotation for microarrays	16

Biostrings

①13位の、②Biostringsパッケージは、③生物配列を効率的に操作する上で有用な関数を多数提供しています。



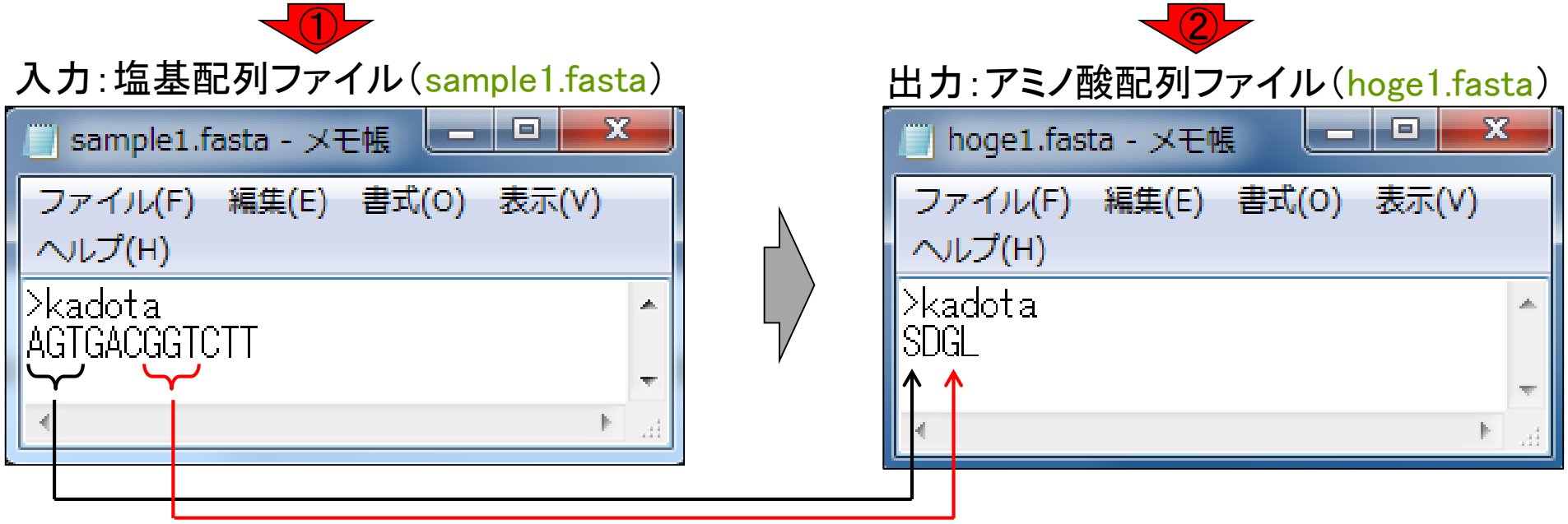
AnnotationDbi	Bioconductor Package Maintainer	Annotation Database Interface	6
zlibbioc	Bioconductor Package Maintainer	An R packaged zlib-1.2.5	7
GenomicRanges	Bioconductor Package Maintainer	Representation and manipulation of genomic intervals and variables defined along a genome	8
limma	Gordon Smyth	Linear Models for Microarray Data	9
XVector	Hervé Pagès	Representation and manipulation of external sequences	10
BiocParallel	Bioconductor Package Maintainer	Bioconductor facilities for parallel evaluation	11
GenomeInfoDb	Bioconductor Package Maintainer	Utilities for manipulating chromosome and other 'seqname' identifiers	12
Biostrings	H. Pagès	Efficient manipulation of biological strings	13
SummarizedExperiment	Bioconductor Package Maintainer	SummarizedExperiment container	14
DelayedArray	Hervé Pagès	Delayed operations on array-like objects	15
annotate	Bioconductor Package Maintainer	Annotation for microarrays	16

Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

翻訳配列の取得

おさらい。前回の講義（2019年1月25日）で、デモを行った「翻訳配列の取得」は、①塩基配列を入力として、②アミノ酸配列を出力として得る作業でした。



翻訳配列の取得

そのときに実行したRスクリプトは、①(Rで)塩基配列解析の、②の、③例題1でした。

(Rで)塩基配列解析 ①

(last modified 2019/02/10, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、インストール | についての推奨手順 (Windows2018.11.15版と Macintosh2018.11.27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(Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。 **2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部（講習会・書籍・学会誌など）を切り分けてサブページに移行**

What's new? (過

- 「生命科学データ

- イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 (last modified 2015/04/06)
- 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 ② modified 2015/09/12)
- イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(応用) | seqinr(Charif 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 (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | 逆鎖(
- イントロ | 一般 | k-me
- イントロ | 一般 | k-me

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

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ペ。

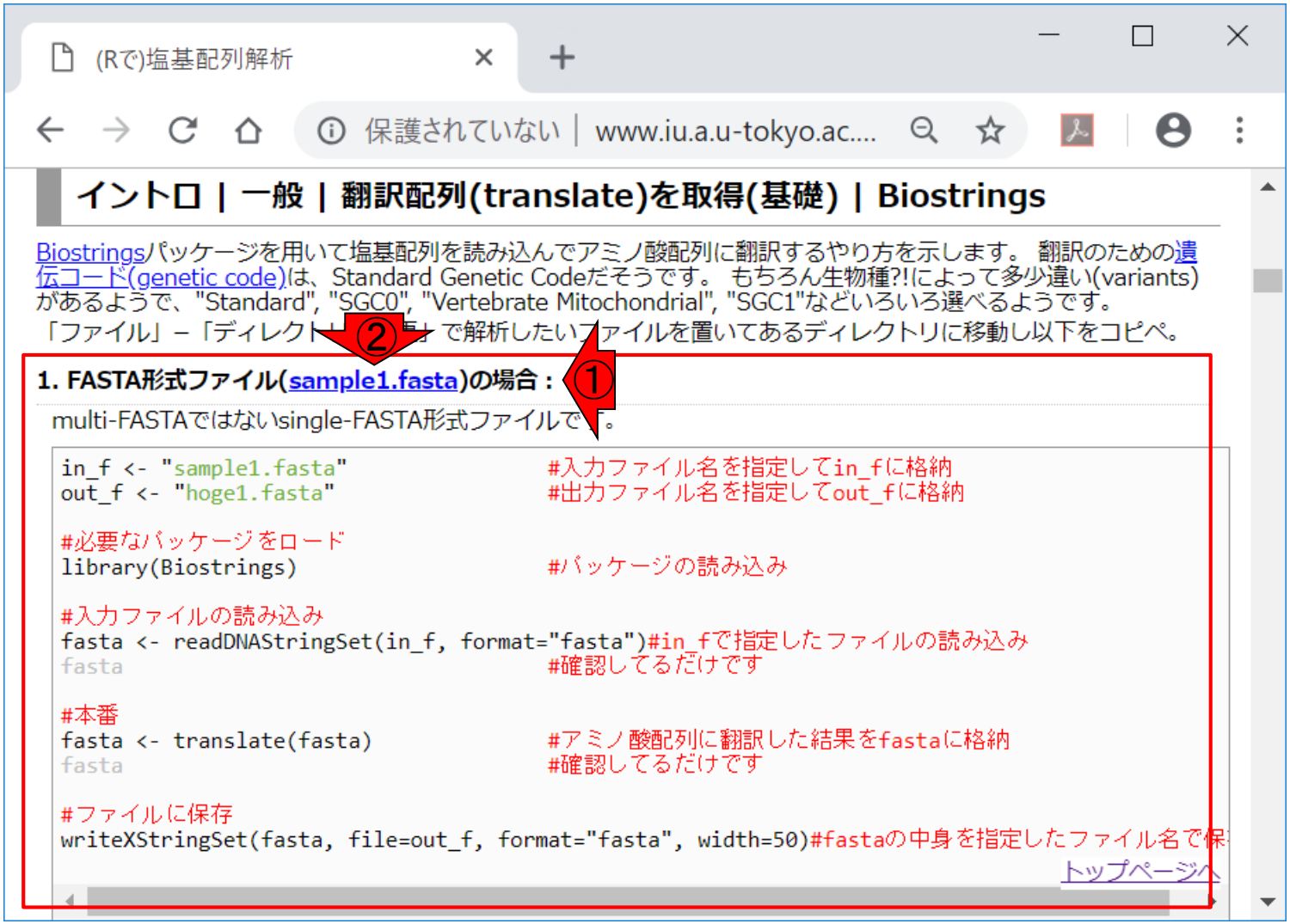
③ **1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：**

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
```

翻訳配列の取得

①例題1は、②sample1.fastaというファイルを入力として利用します。赤枠部分のみを拡大表示します。



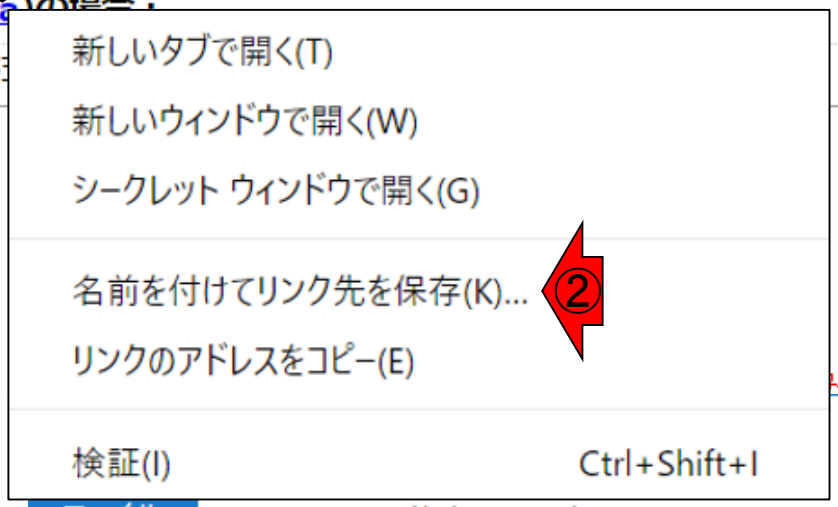
翻訳配列の取得

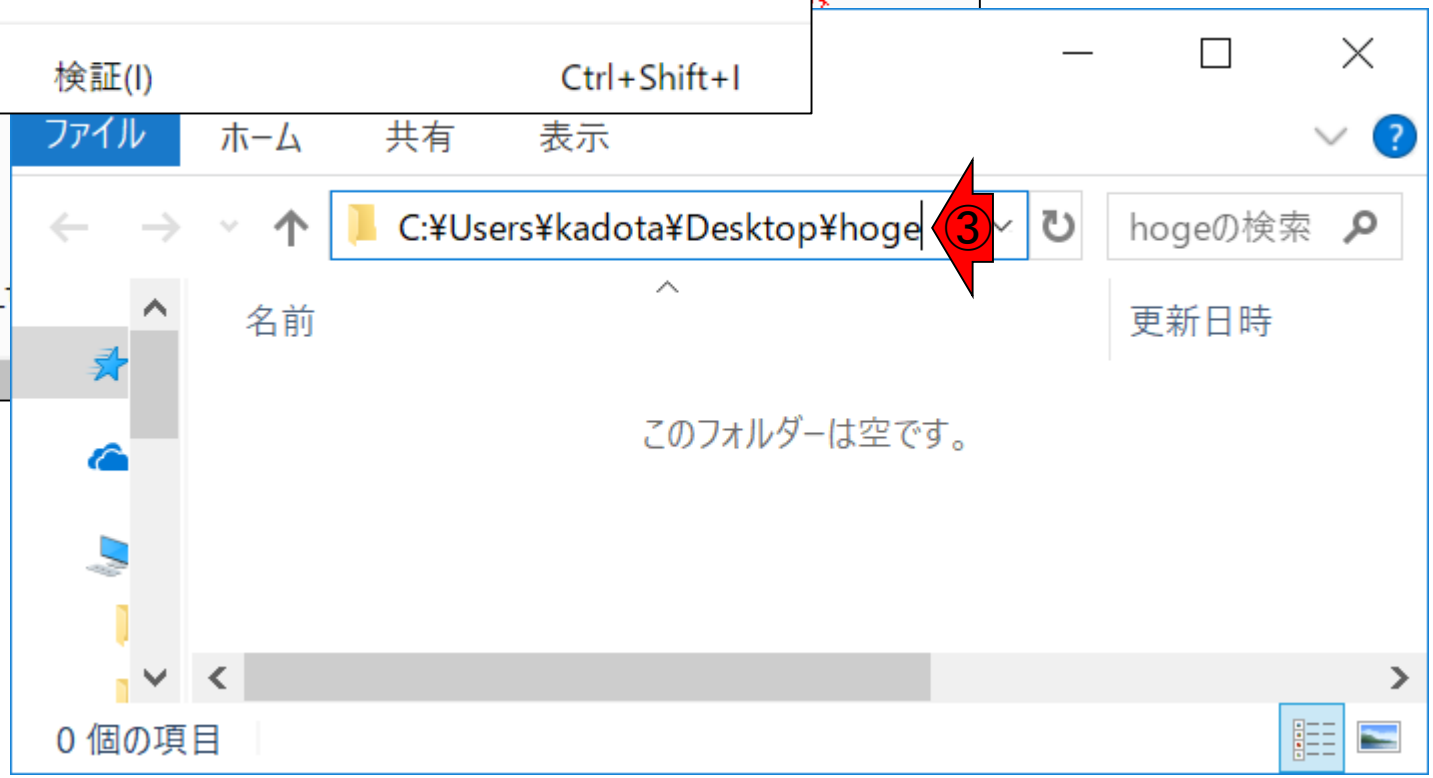
①sample1.fasta上で、右クリックで②「…リンク先を保存」。保存先は、③Desktop上にあるhogeフォルダ。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

multi-FASTAではないsingle-FASTA形

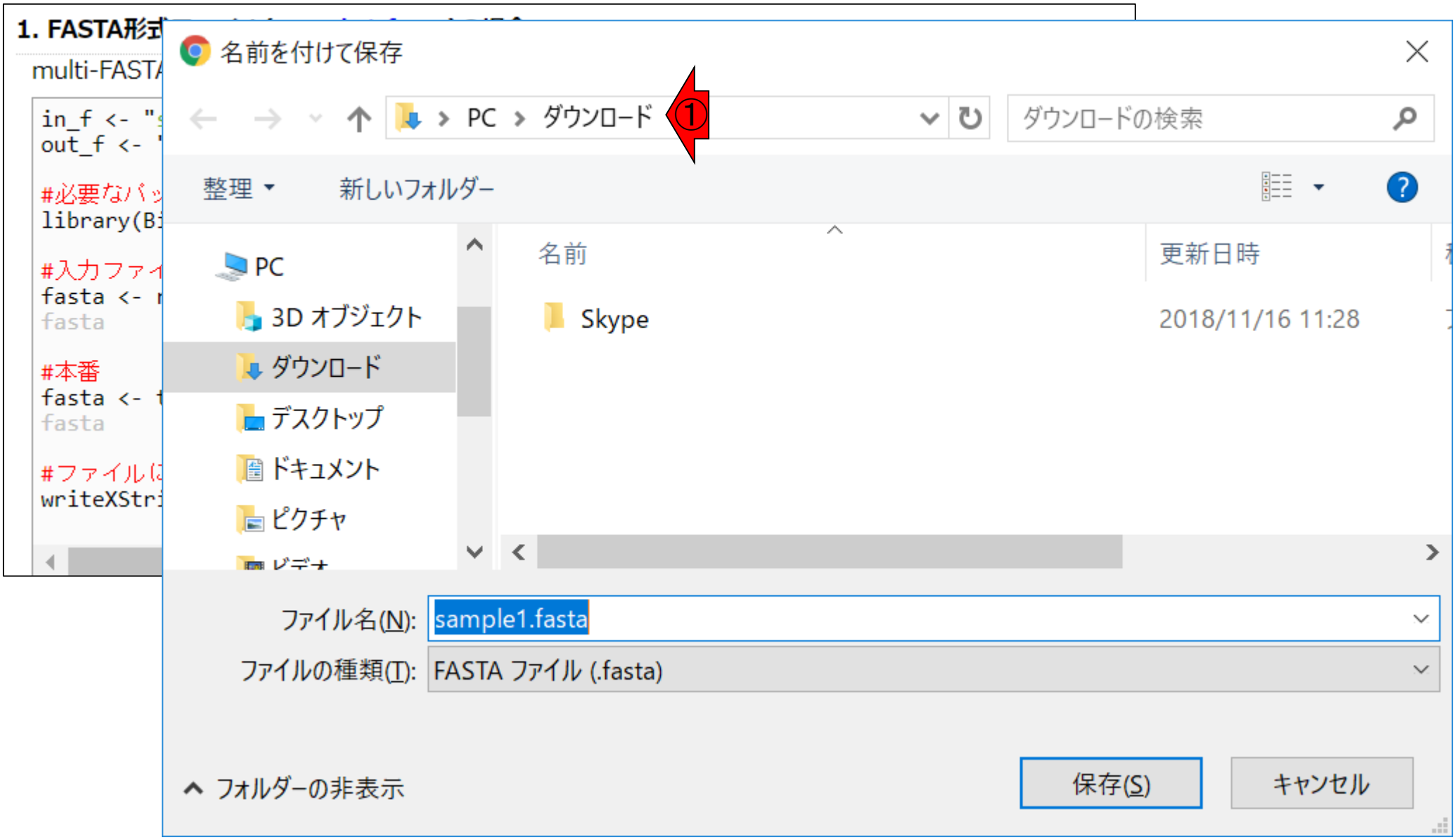
```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.fasta"

#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=out_
```





翻訳配列の取得

大抵の場合、デフォルトの保存先は①ダウンロードになっていますが…



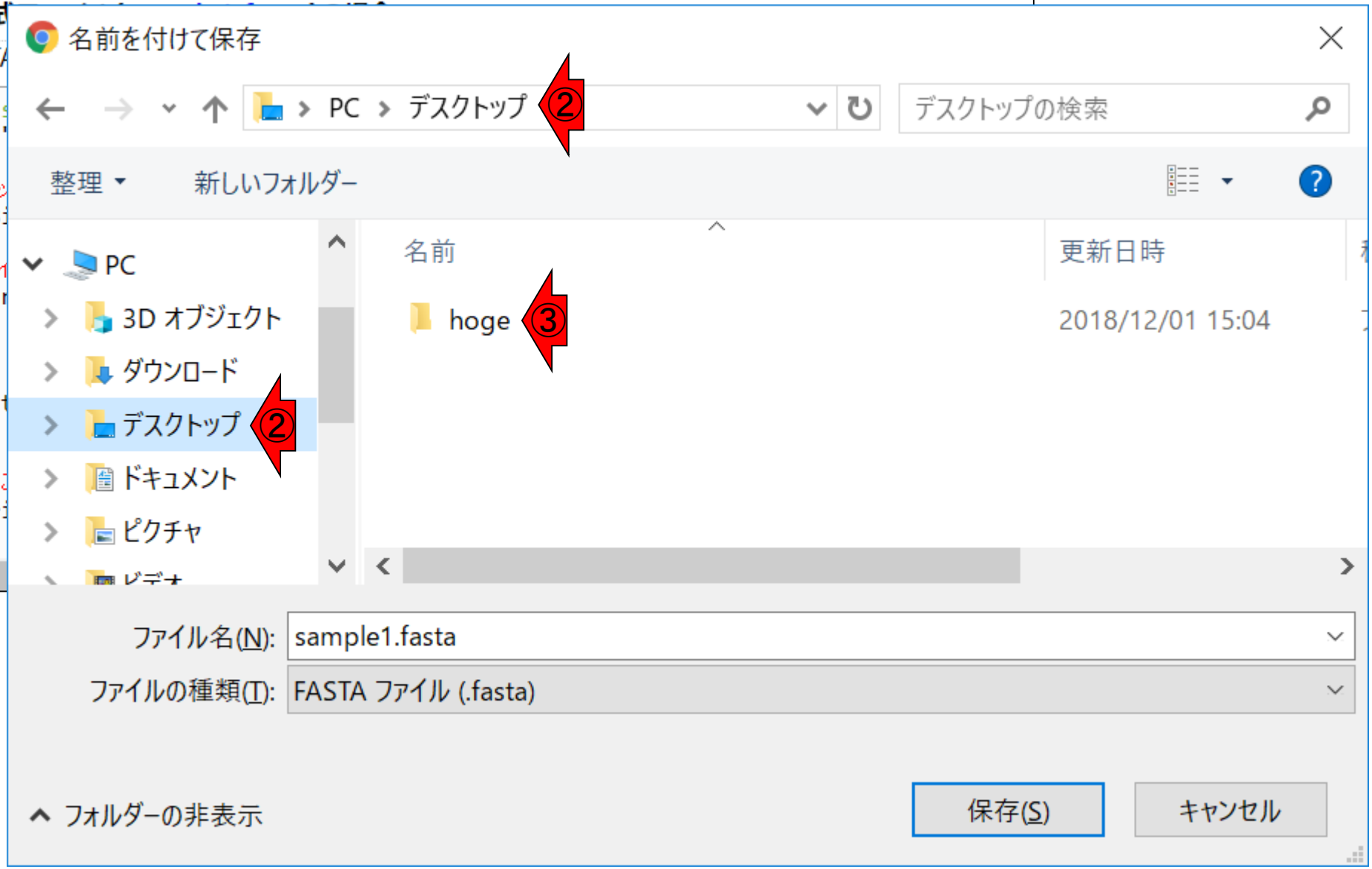
翻訳配列の取得

大抵の場合、デフォルトの保存先は①ダウンロードになっていますが、②デスクトップ上にある、③hogeフォルダです！

1. FASTA形式

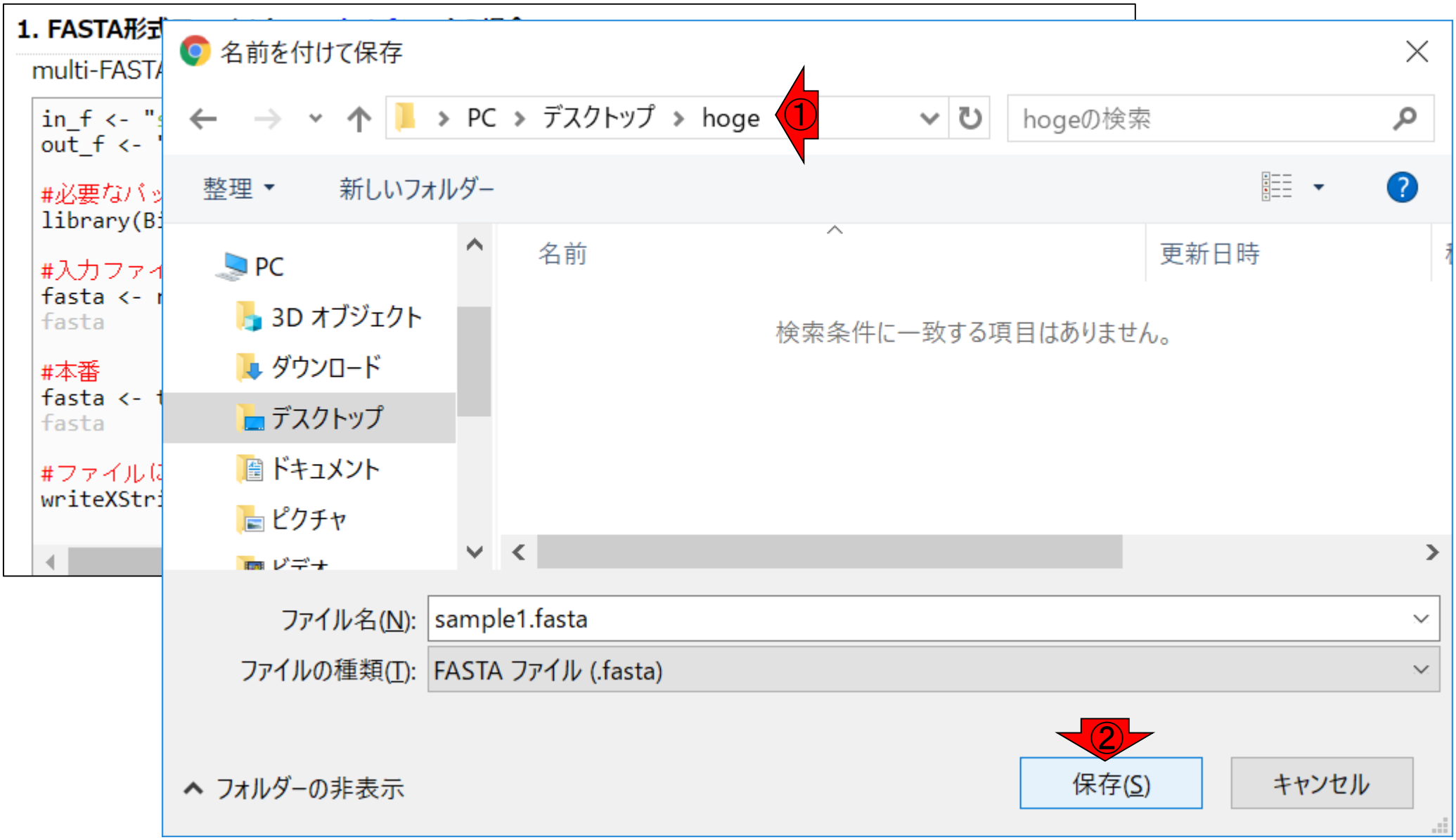
multi-FASTA

```
in_f <- "
out_f <- "

#必要なパッ
library(Bi

#入力ファイ
fasta <- r
fasta

#本番
fasta <- t
fasta

#ファイルに
writeXStri
```



①hogeフォルダに、②保存。

翻訳配列の取得



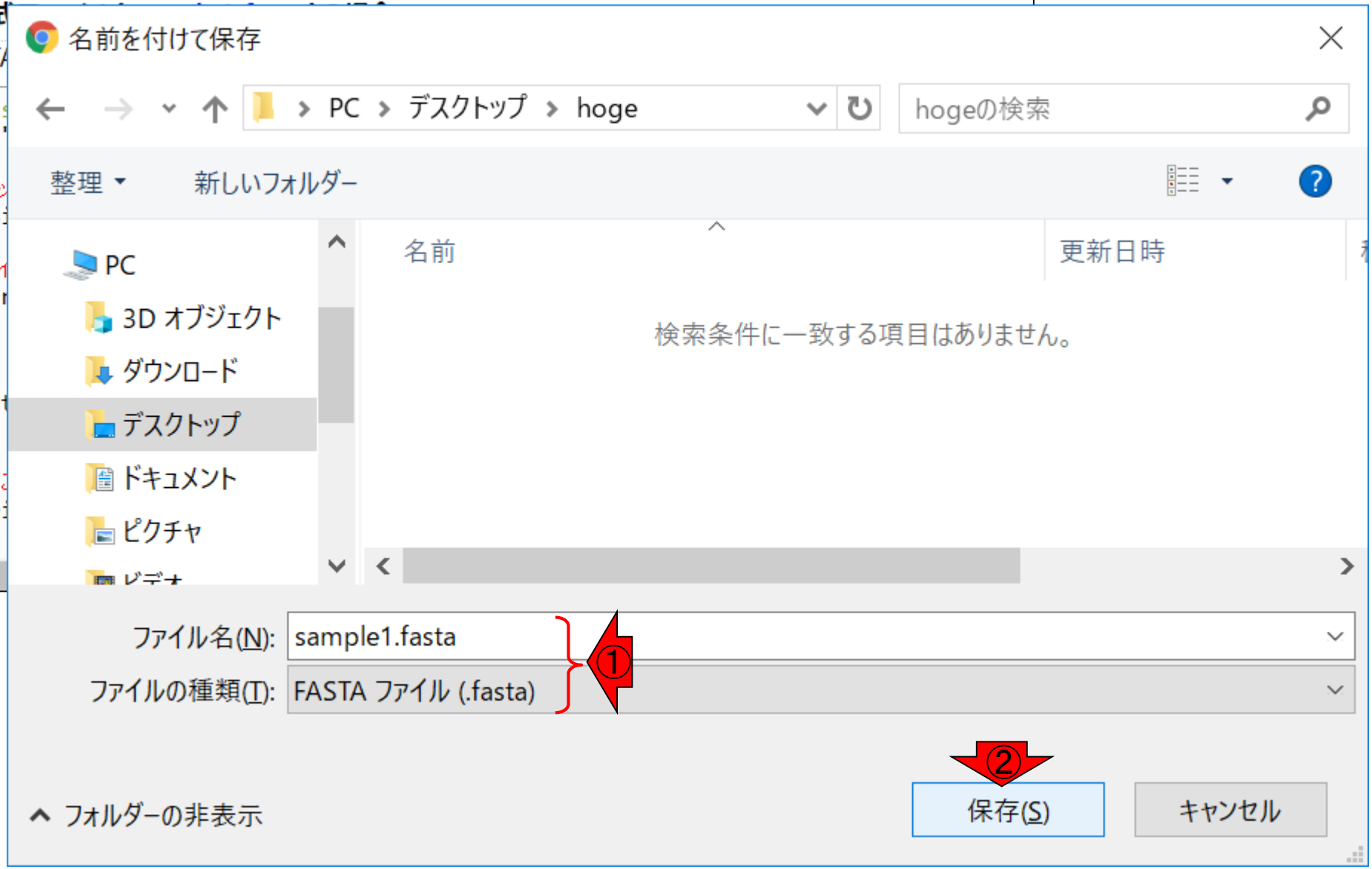
翻訳配列の取

①ときどきファイルの種類欄がテキストファイルと自動判定され（つまり.txtが付加されて）しまうことがあります。sample1.fasta.txtになるなどしたら、sample1.fastaに戻してから②保存してください。

1. FASTA形式

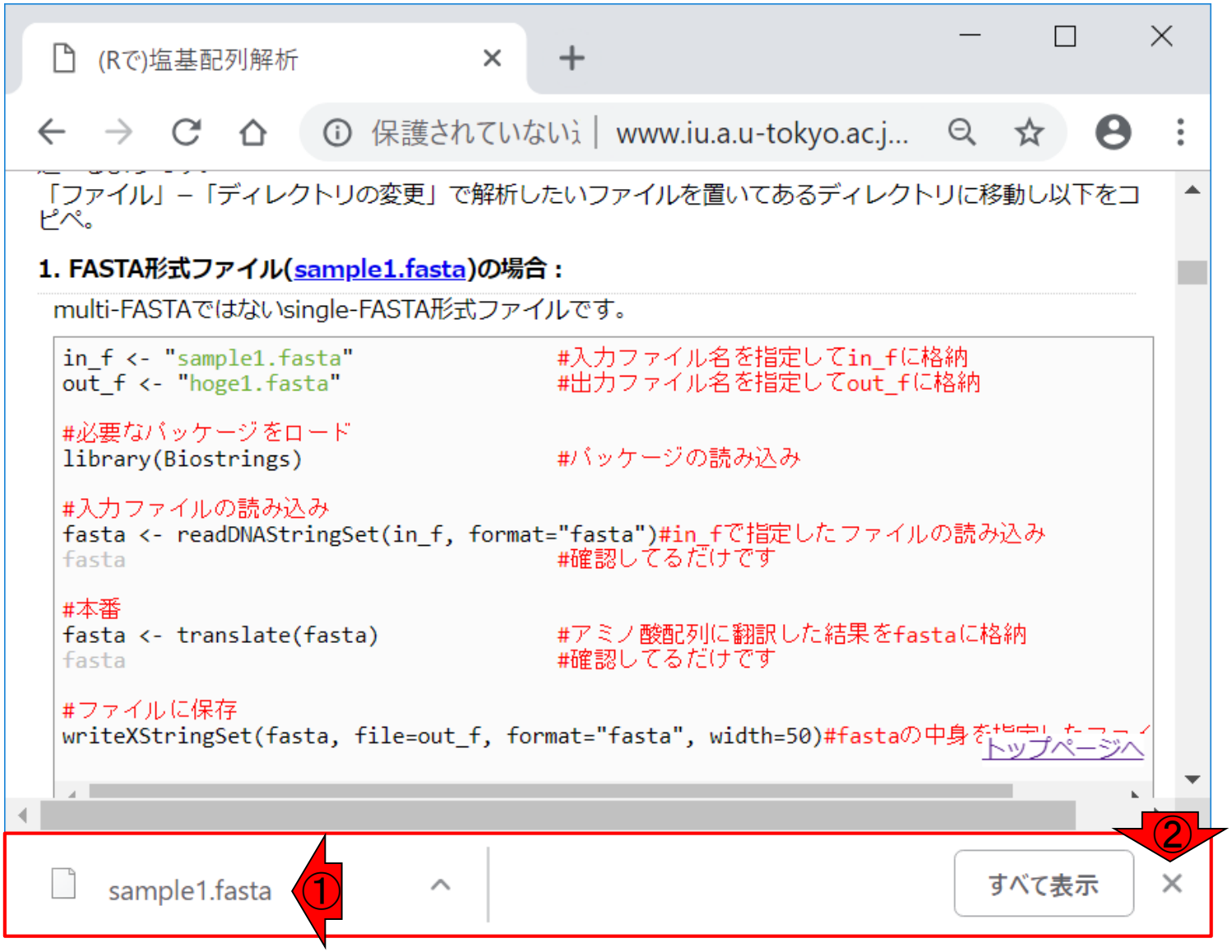
multi-FASTA

```
in_f <- "
out_f <- "

#必要なパッ
library(Bi

#入力ファイ
fasta <- r
fasta

#本番
fasta <- t
fasta

#ファイルに
writeXStri
```



翻訳配列の取得

①こんな感じに見えていれば無事ダウンロードができているはずです。②×。



翻訳配列の取得

①hogeフォルダ内に、②sample1.fastaが見えていればOK。②の中身は③のような感じです。

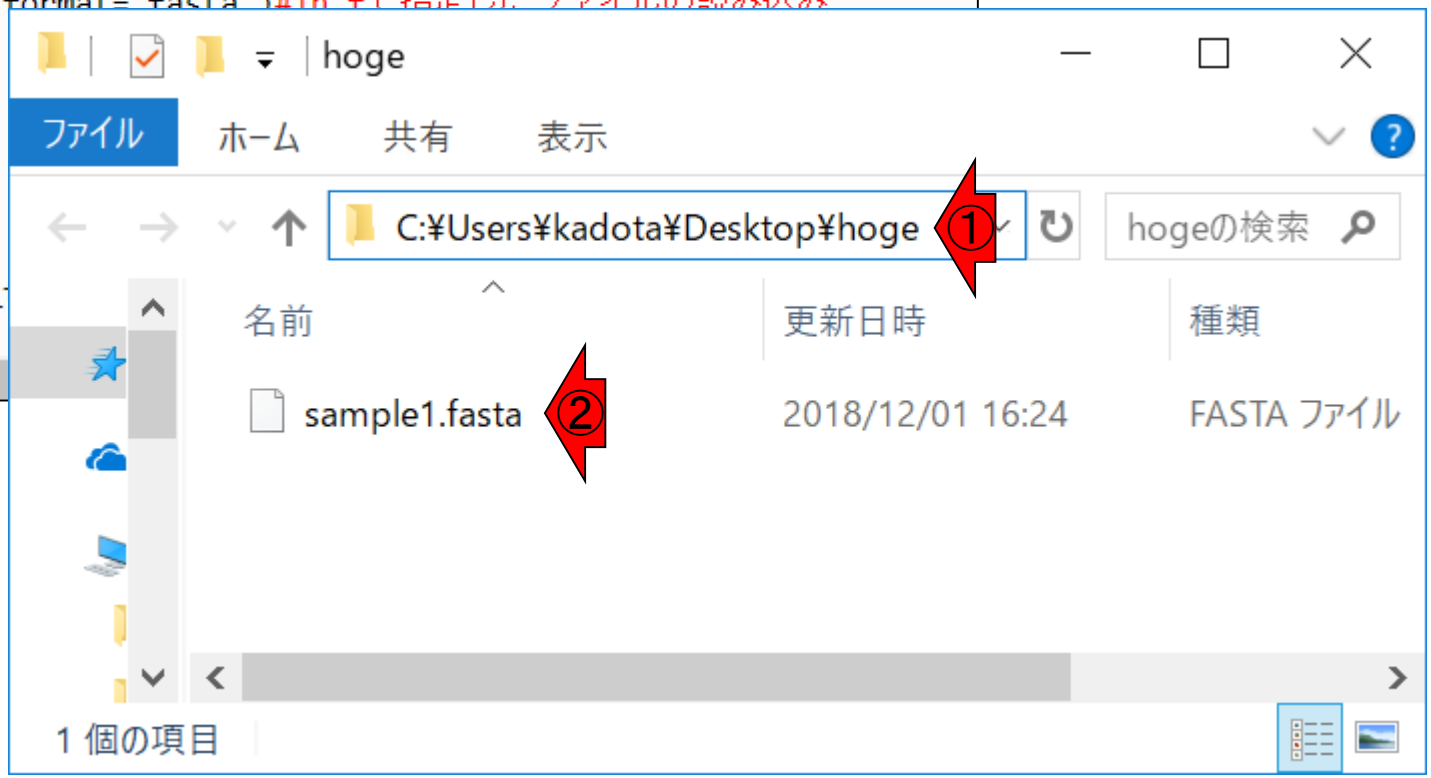
1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

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

#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

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_
```

③

```
>kadota↓
AGTGACGGTCTT↓
```



翻訳配列の取得

目的をおさらい。①hogeフォルダ内にある、②sample1.fasta中の③塩基配列に対応する翻訳配列（アミノ酸配列）を得るのが目的。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

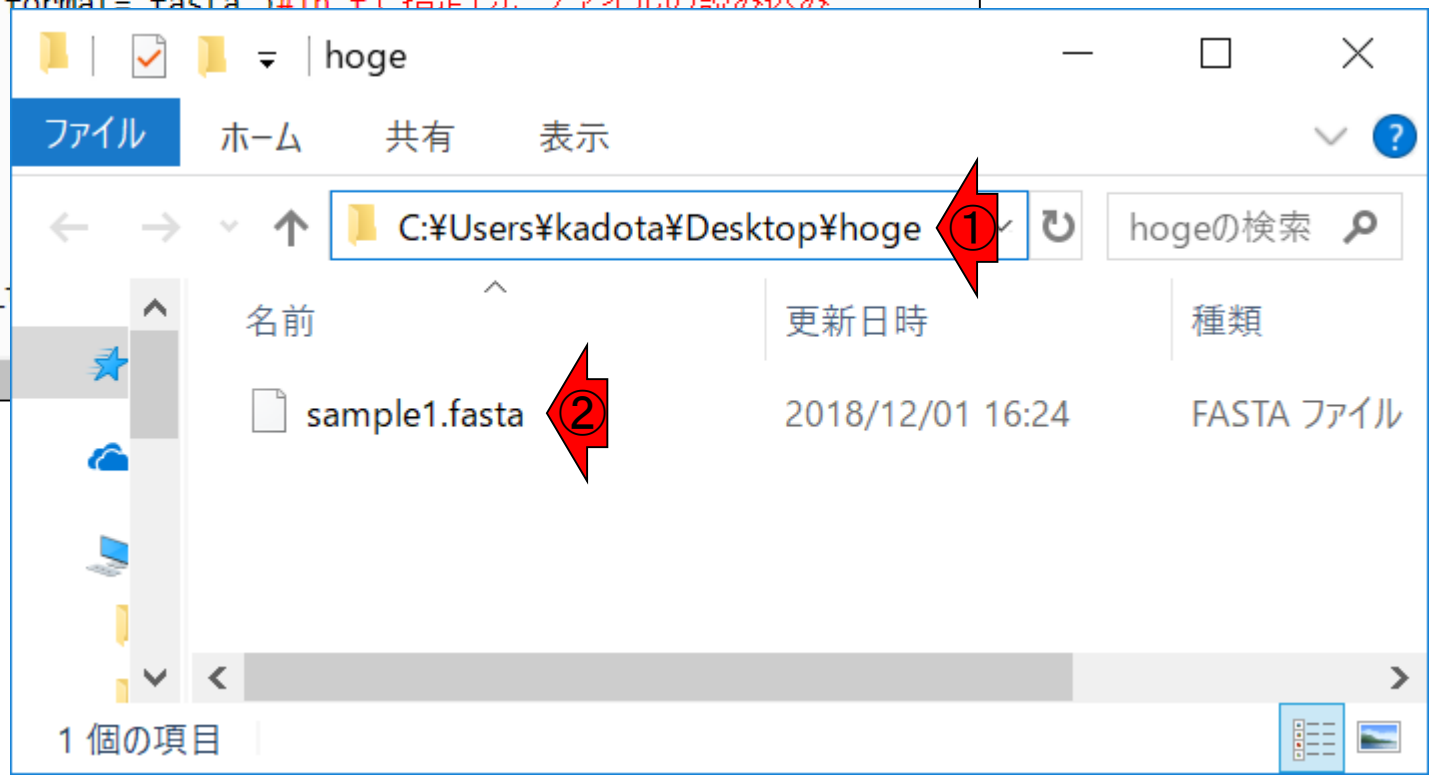
multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
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

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_
```

②

>kadota↓

③ AGTGACGGTCTT↓



目的をおさらい

実際には、プログラム実行結果として、①で指定した名前の翻訳配列を含む出力ファイルが、②hogeフォルダ中に保存されます。

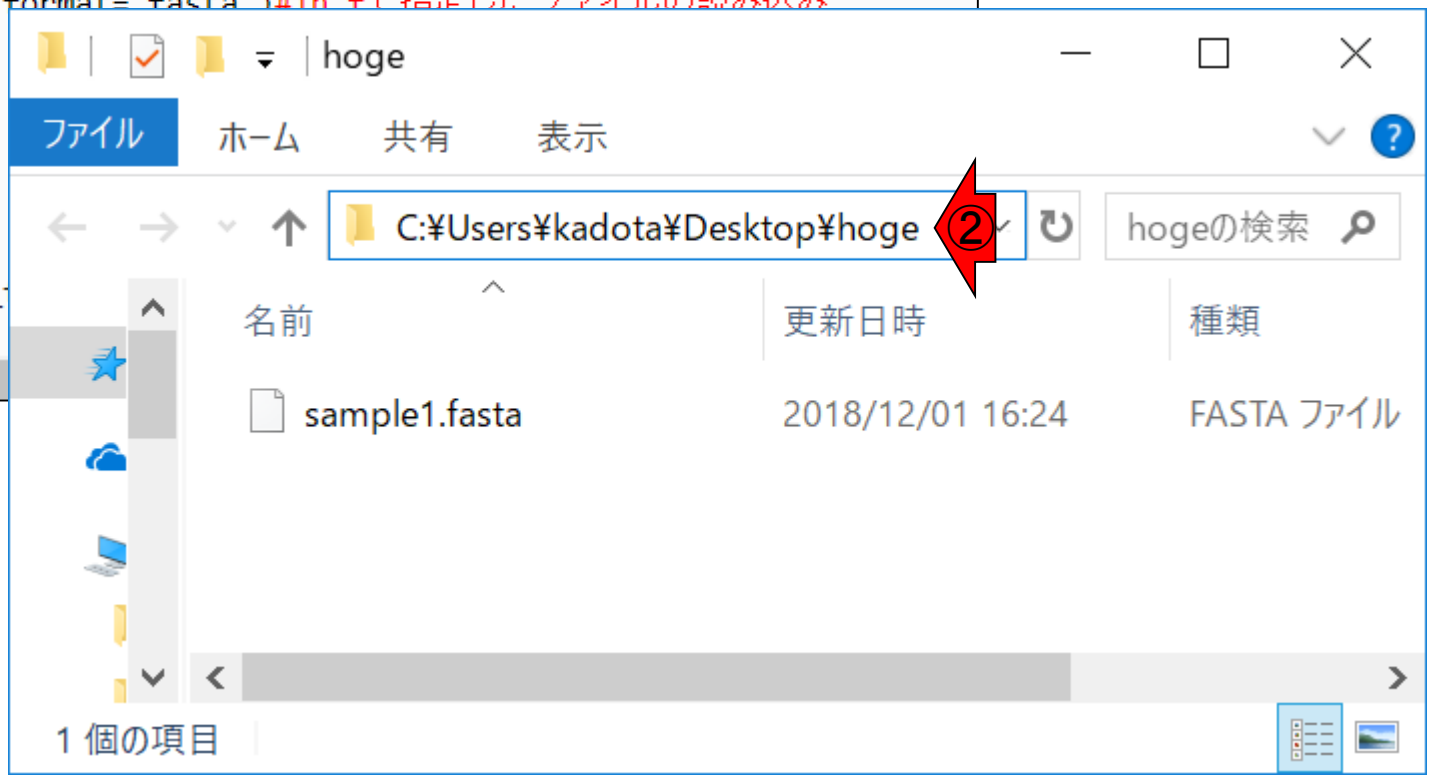
1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

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

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_
```

①

```
>kadota↓
AGTGACGGTCTT↓
```

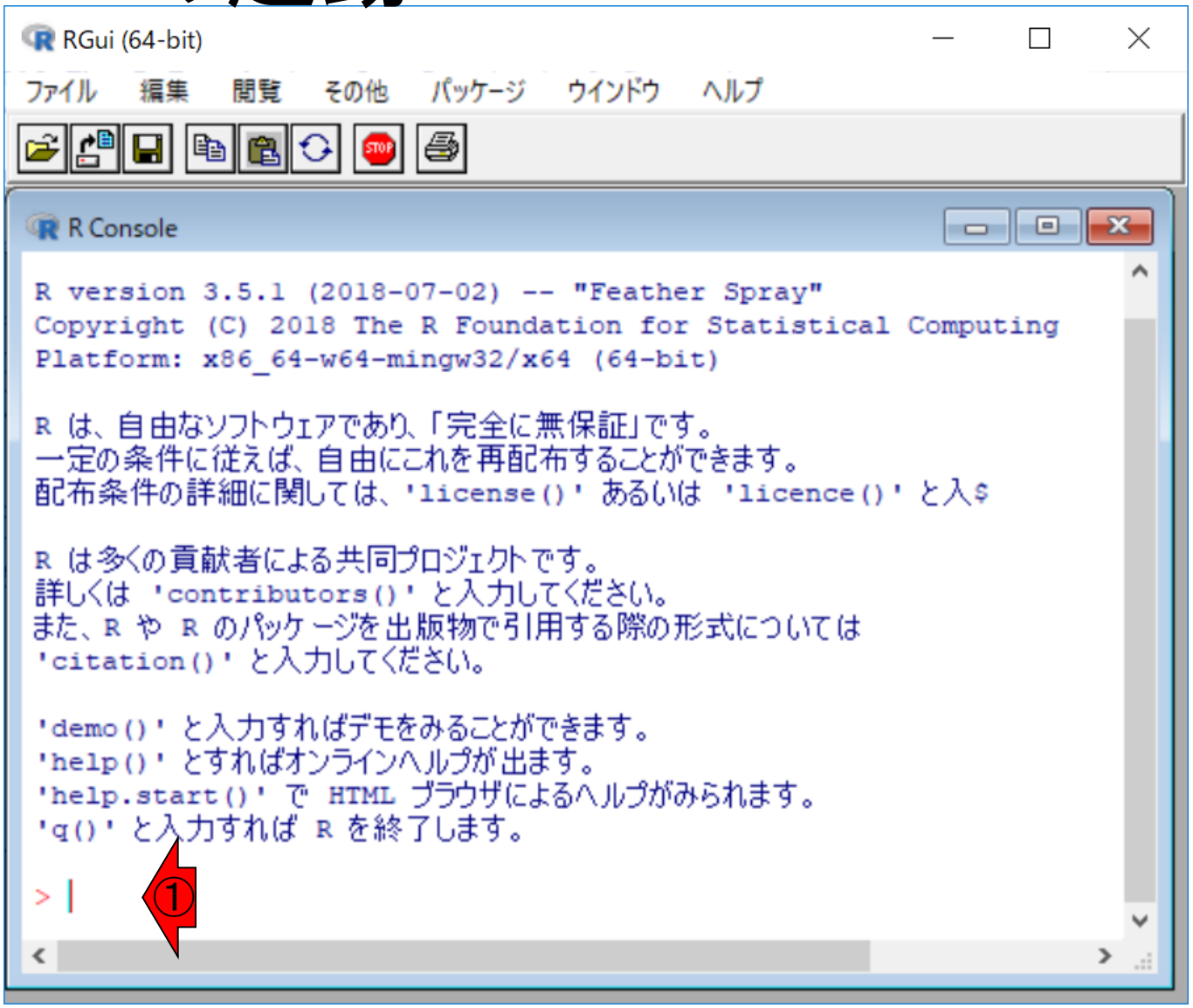


Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

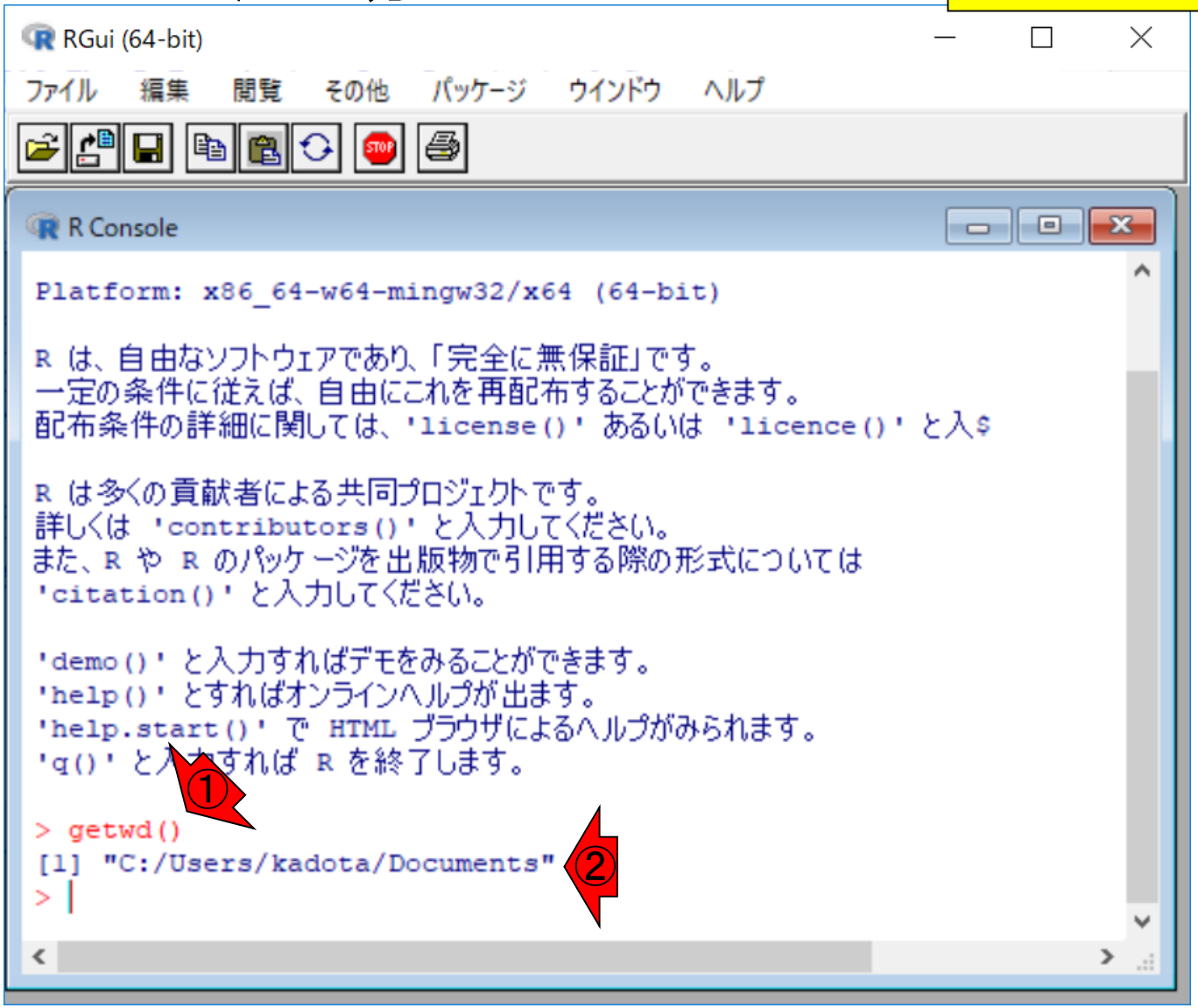
①getwd()と打ち込んで、リターンキーを押す。

Rの起動



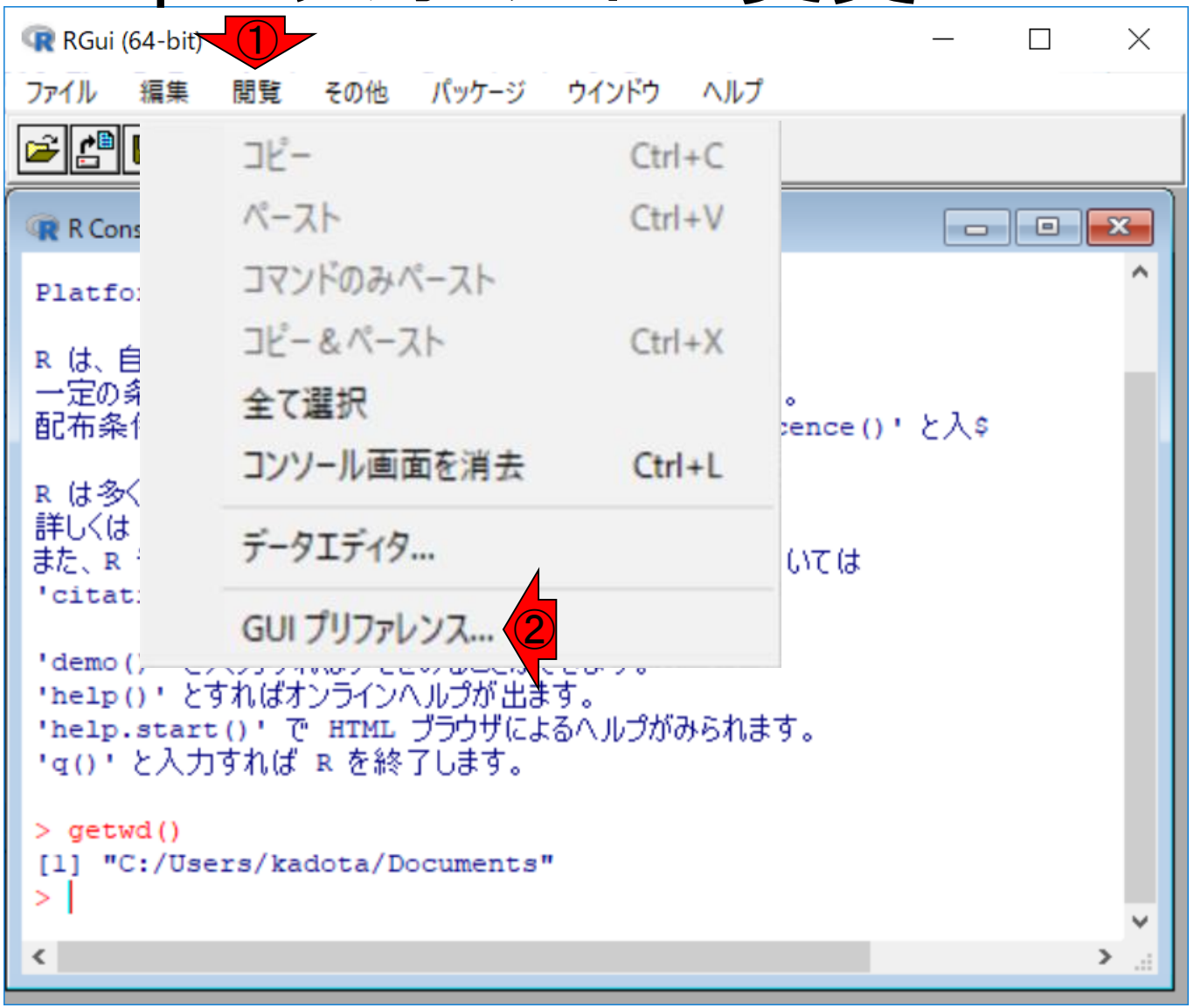
Rの起動

①こういうことです。R起動直後のデフォルトの作業ディレクトリは、②ユーザ名kadotaの環境では、「C:/Users/**kadota**/Documents」です。



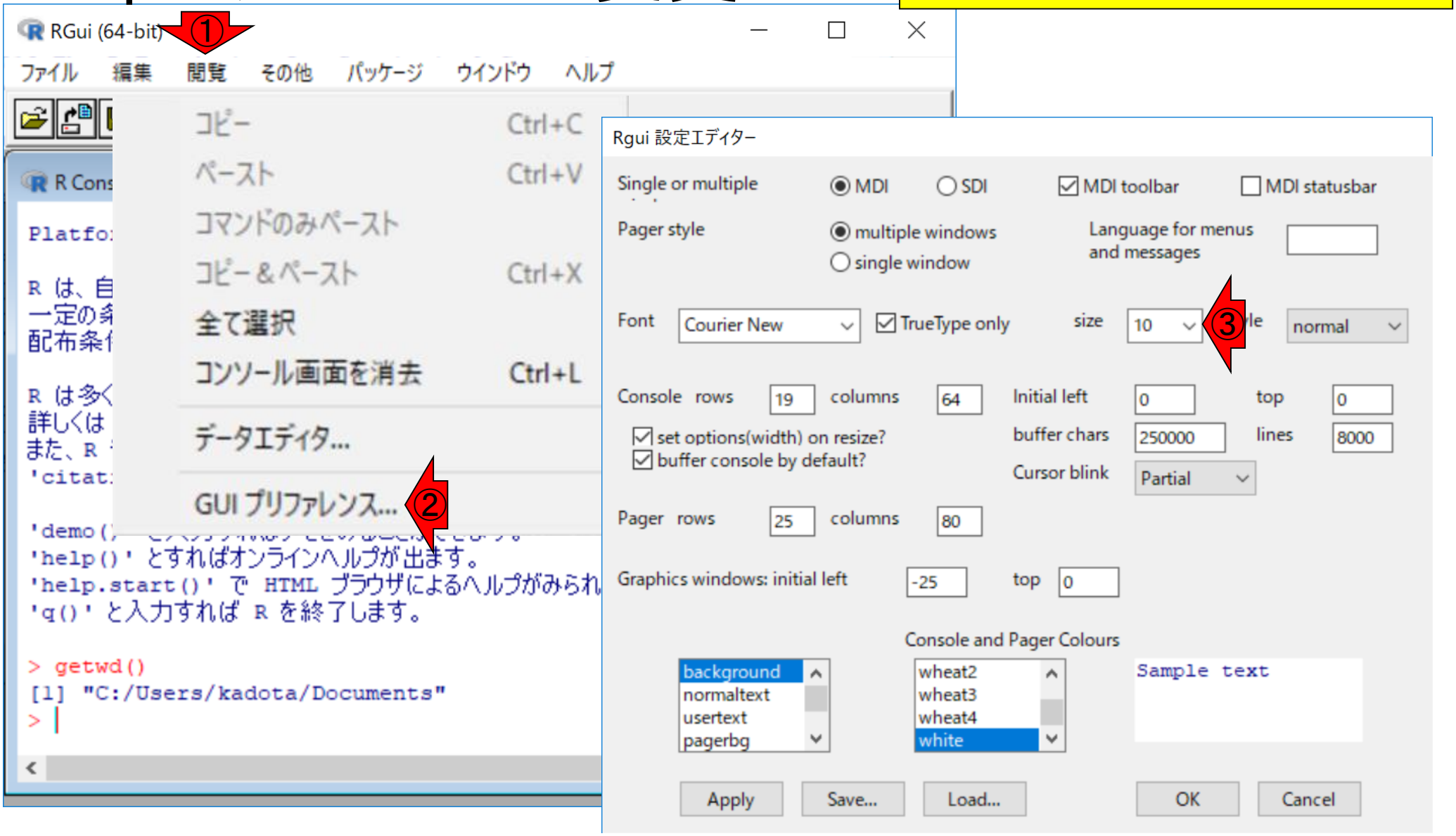
Tips：文字サイズ変更

文字サイズを変更したい場合は、①編集、②GUIプリファレンス



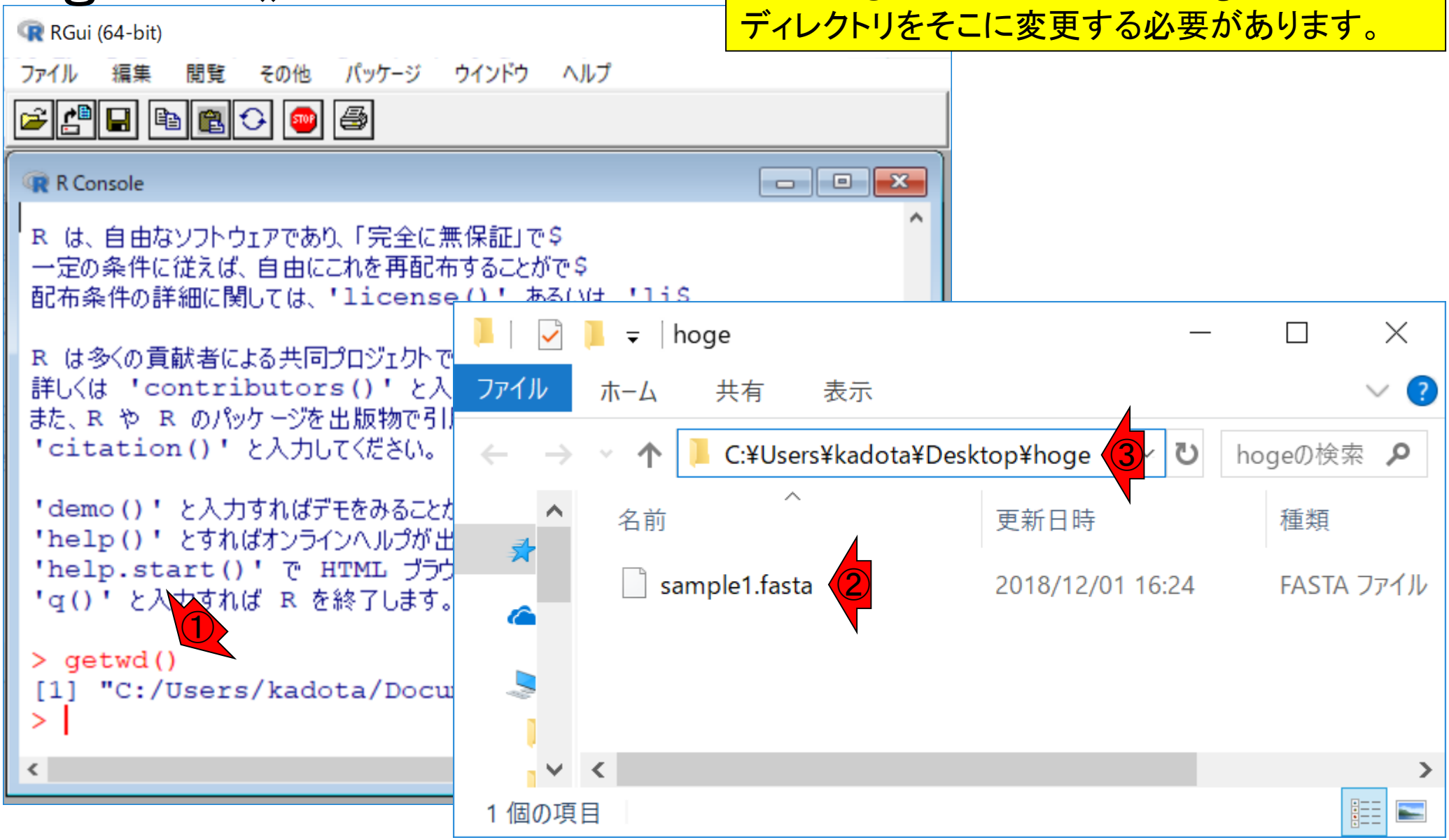
Tips：文字サイズ変更

文字サイズを変更したい場合は、①編集、②GUIプリファレンス。③sizeのところを14とかにしてご利用ください。



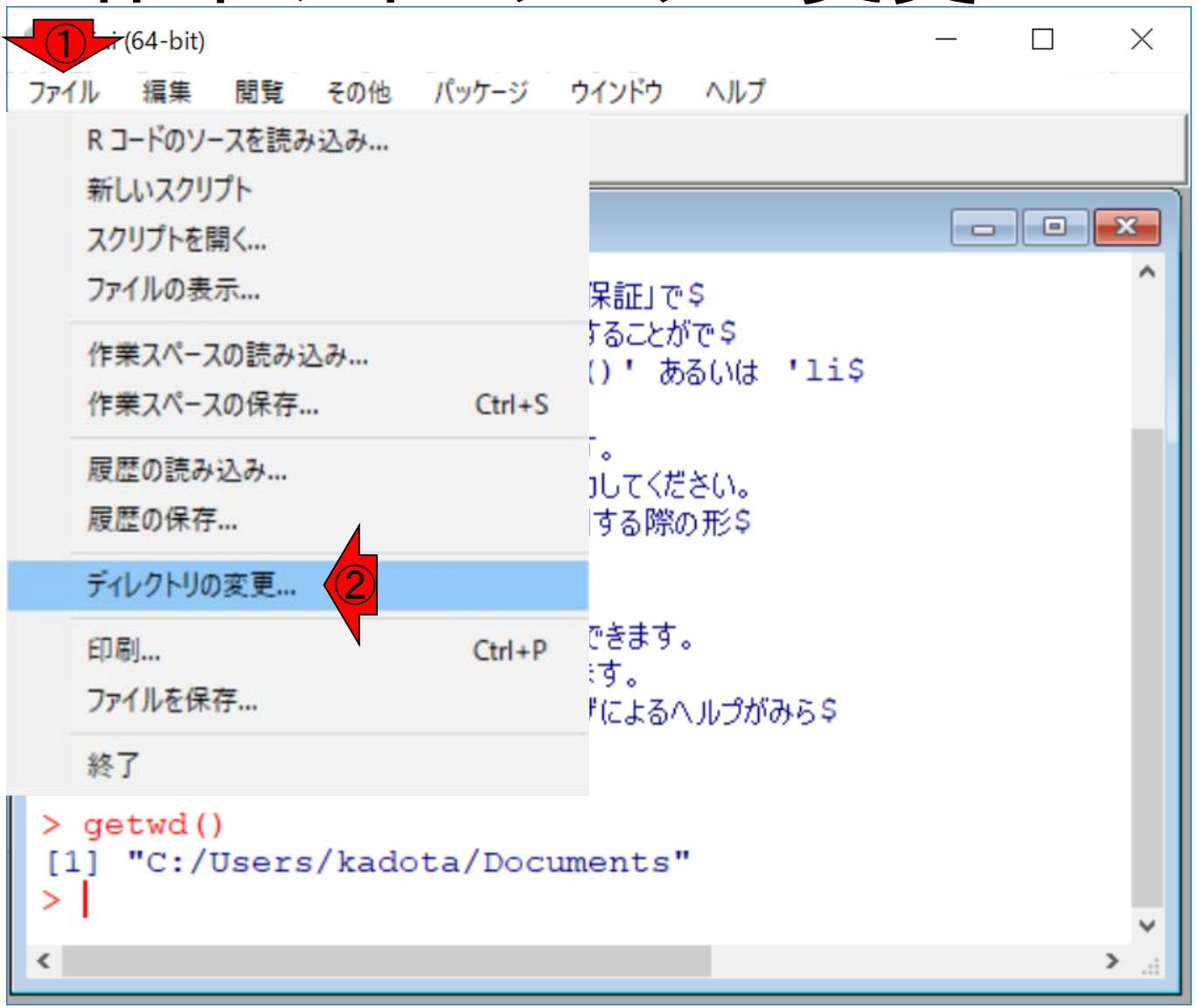
getwd()

「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。その一方で、②今解析したいファイルは、③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。



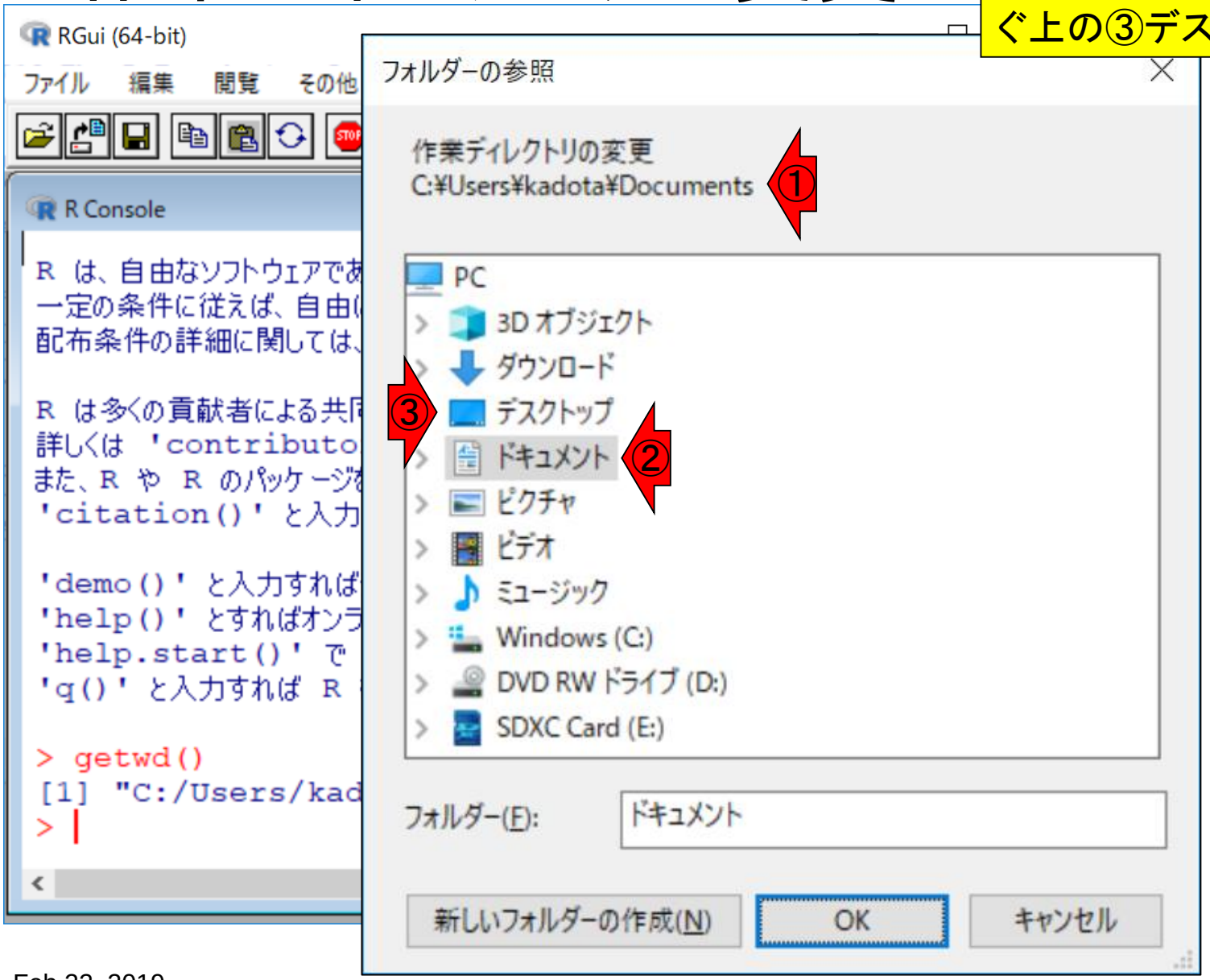
①ファイル、②ディレクトリの変更

作業ディレクトリの変更



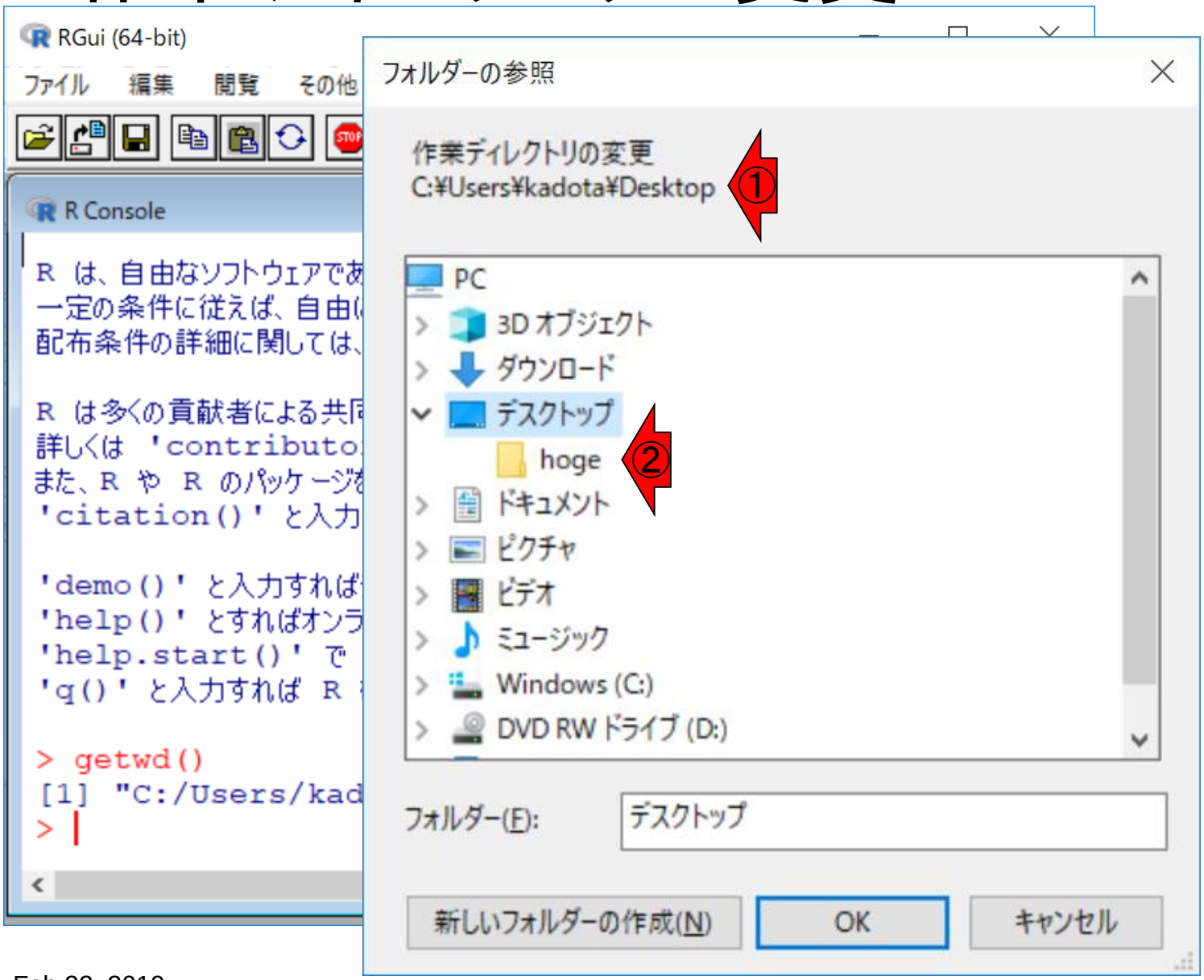
作業ディレクトリの変更

ユーザkadotaの環境ではこのように見えている。デフォルトは①ドキュメントなので、②の位置がハイライトされている。すぐ上の③デスクトップを選択すると…



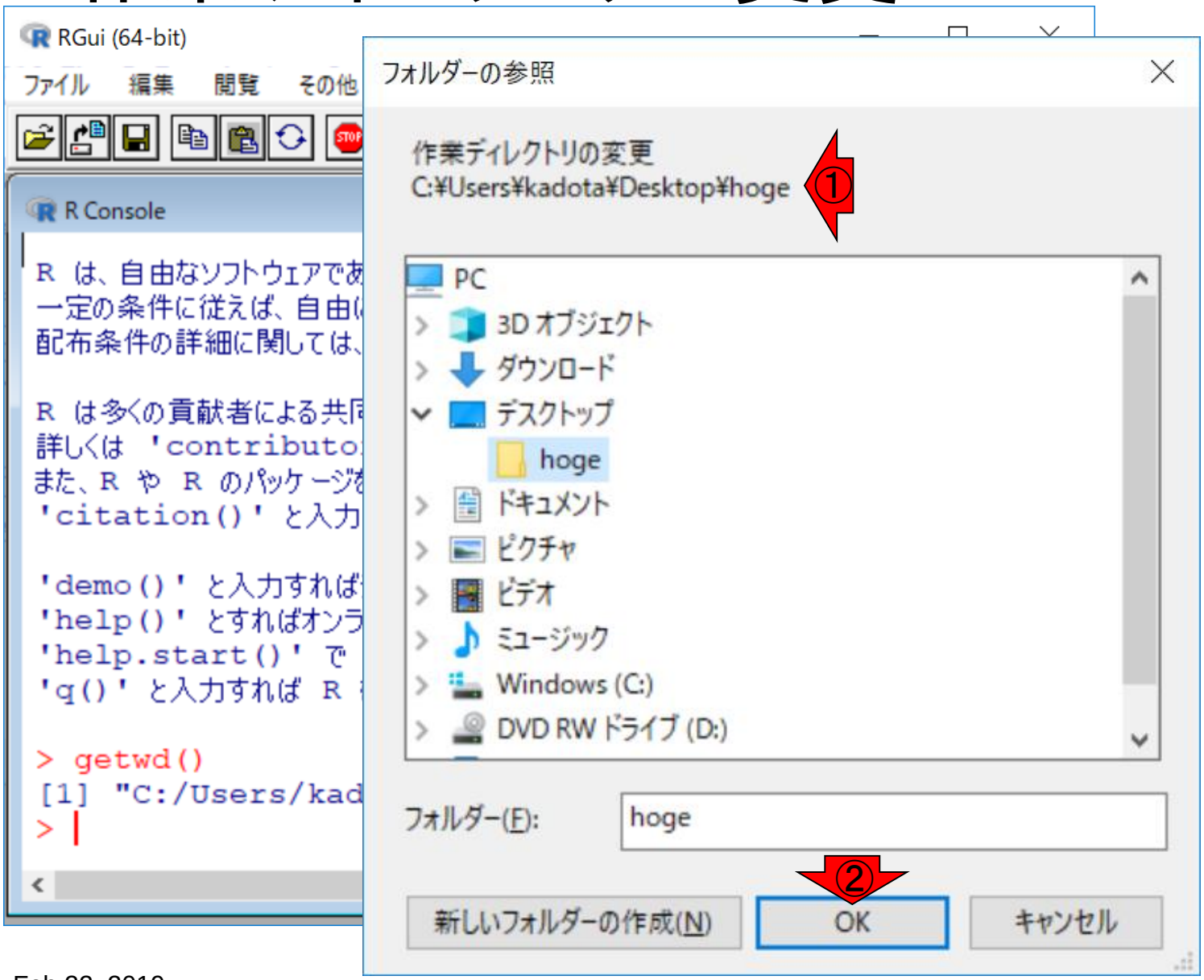
作業ディレクトリの変更

①の部分がDesktopに切り替わる。
②目的のhogeフォルダを選択



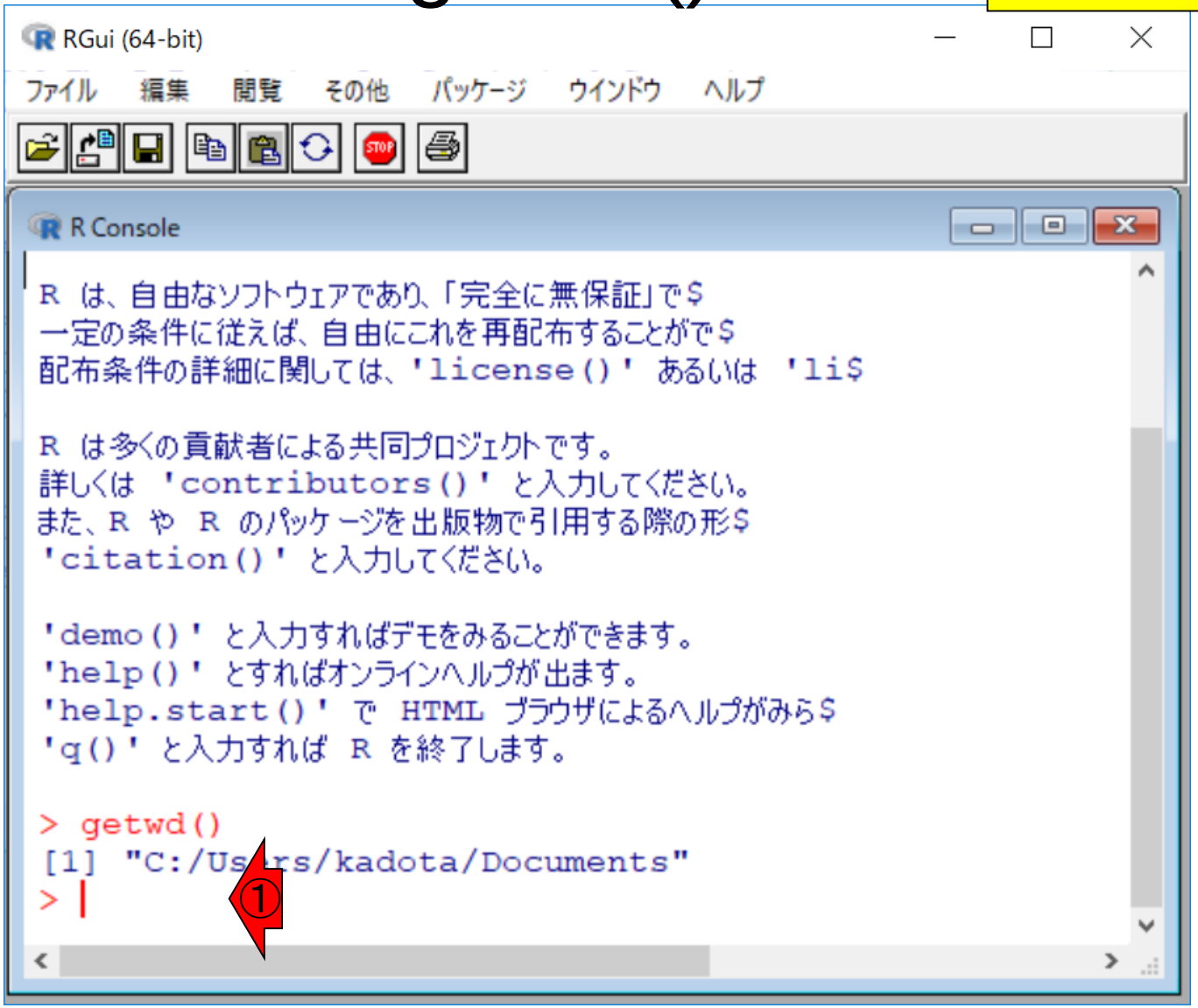
①の部分がhogeに切り替わる。②OK

作業ディレクトリの変更



もう一度getwd()

一見すると、何も変わってなさそうですが、①もう一度getwd()を実行すれば、作業ディレクトリが変更されていることが確認できます。



もう一度getwd()

さきほどと同様にgetwd()とベタ打ちしてもよいが、キーボードの②上矢印キーを一回押すと、直前に打ち込んだコマンド（この場合はgetwd()）が表示される。これは打ち込んだのと同じ意味なので、そのままリターンキーを押せばよい。いくつか入力したコマンドがあれば、上矢印キーを押していけば見られます。行き過ぎたら下矢印キーを押していけば戻れます

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘ

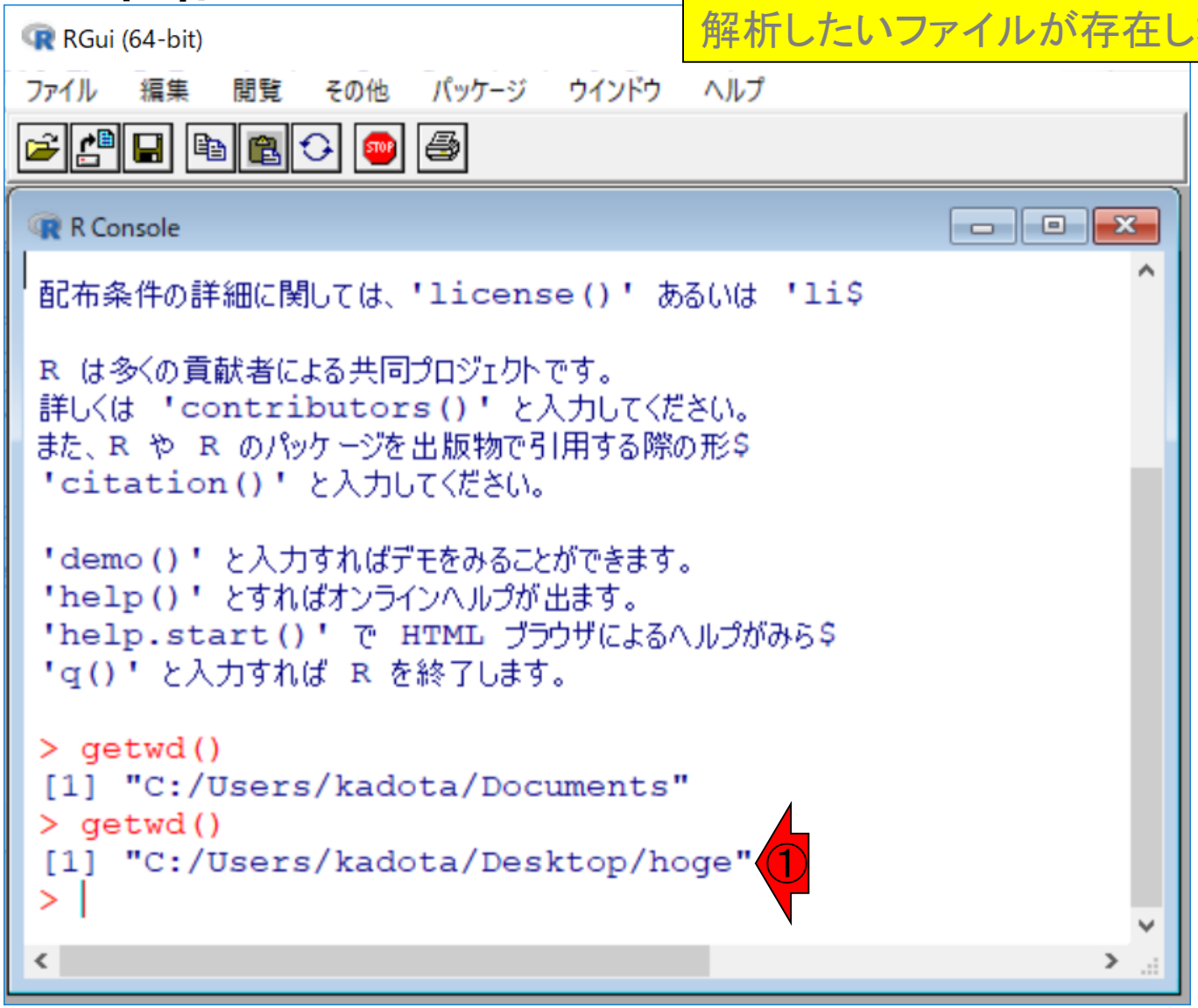
R Console

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

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$
'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$
'q()' と入力すれば R を終了します。

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

①

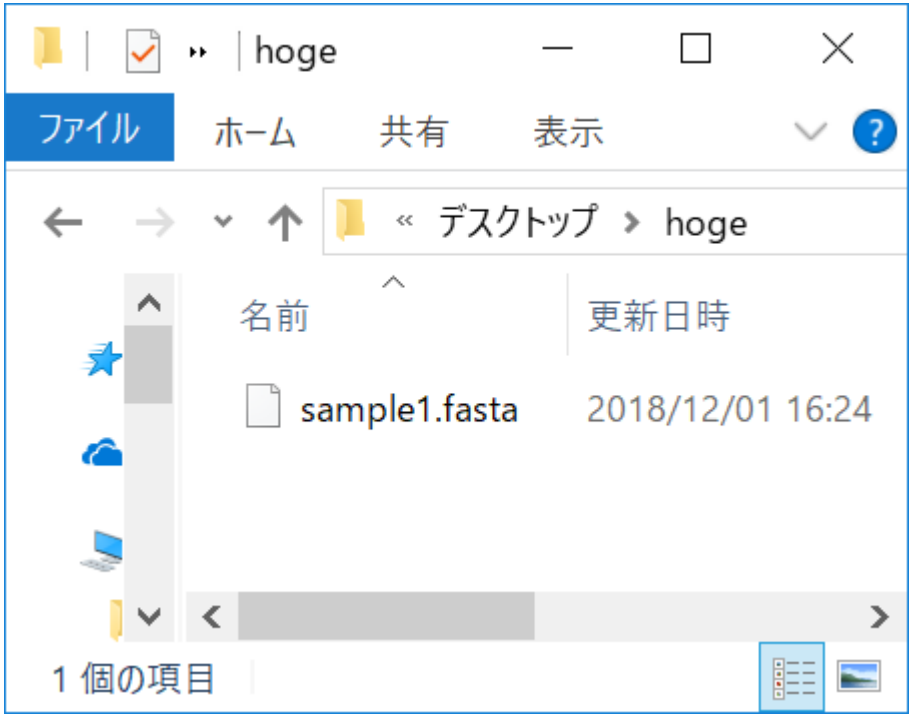
確認

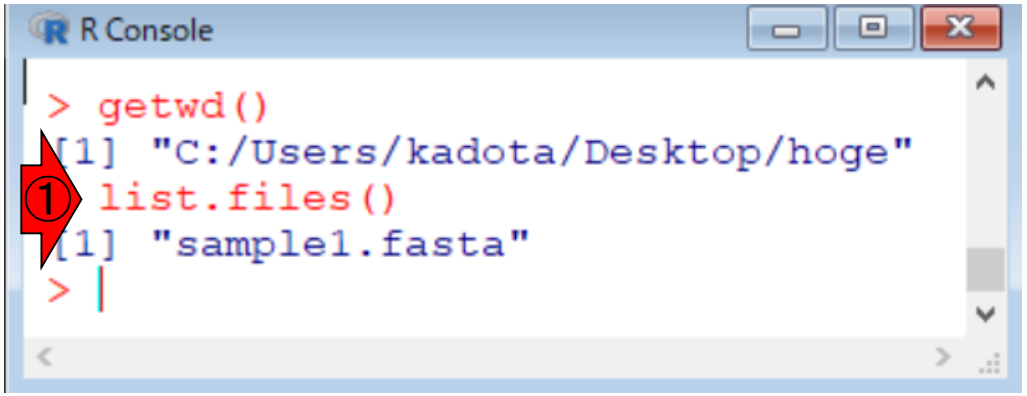
①こんな感じで、作業ディレクトリが「…/Desktop/hoge」であればOK。当たり前ですが、解析したいディレクトリ（またはフォルダ）を正しく指定できていなければエラーに遭遇します。また、解析したいファイルが存在しない状態でもエラーが出ます。



list.files()でフォルダ内を見る

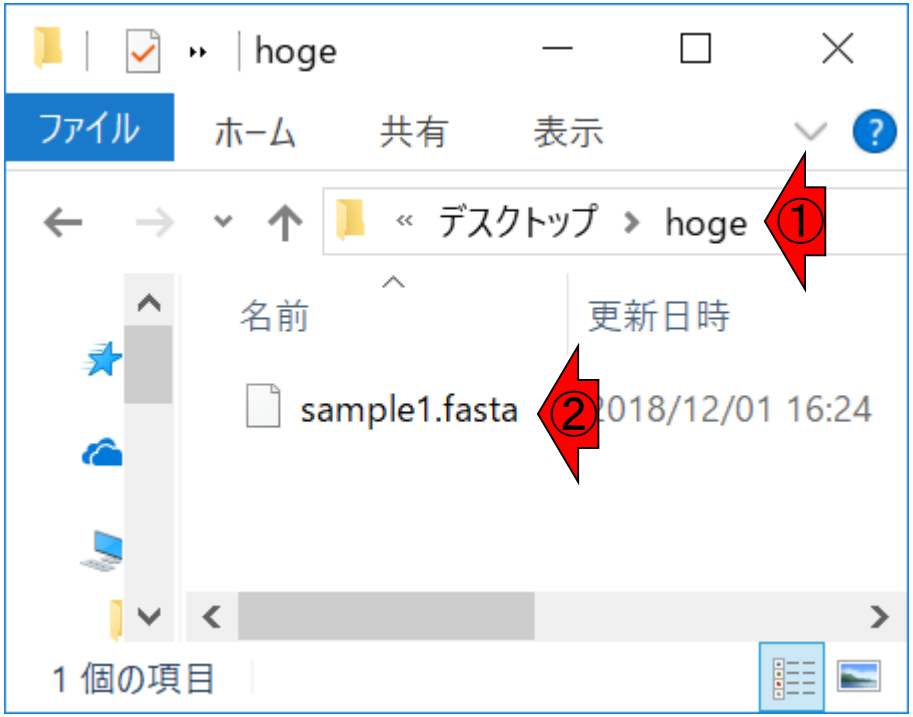
①list.files()は、作業ディレクトリの中身を表示するコマンドです。

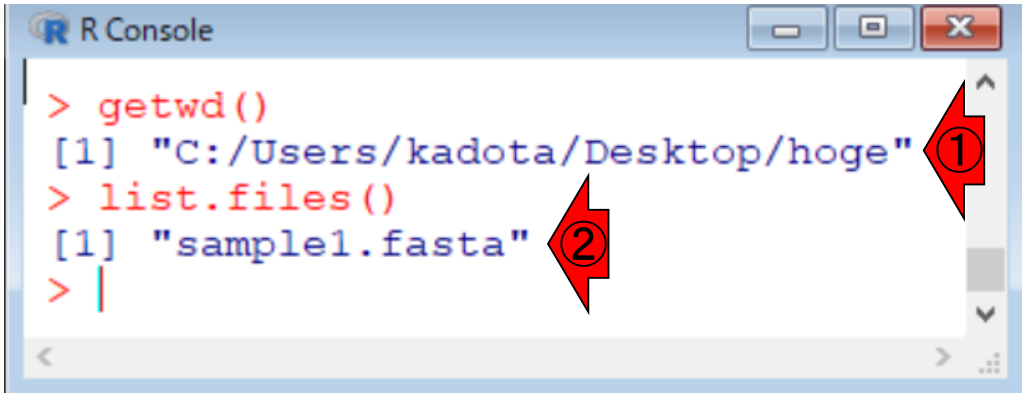




list.files()でフォルダ内を見る

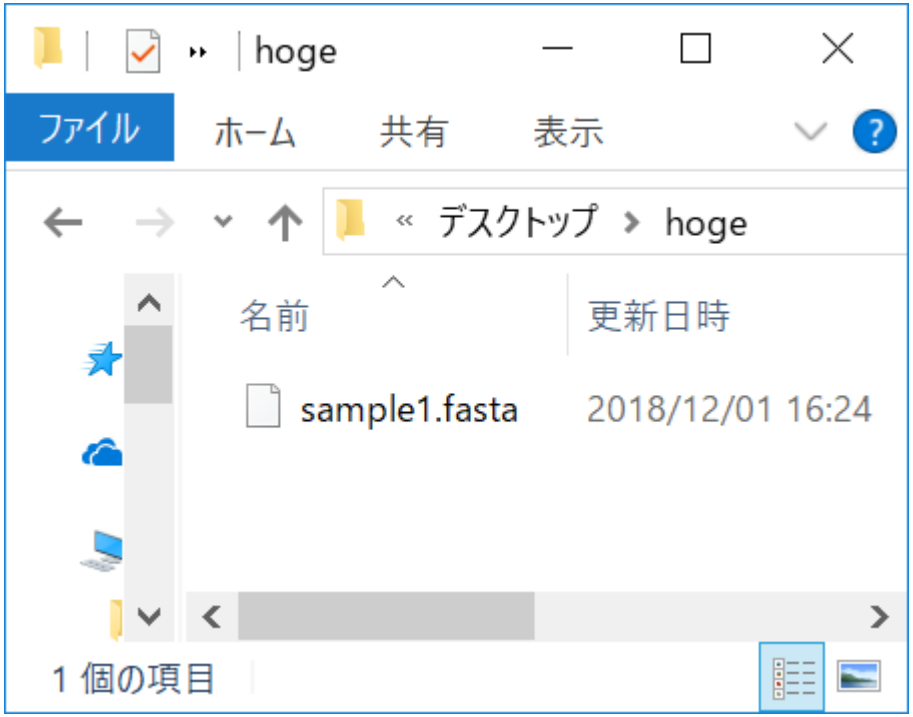
①hogeフォルダの②中身が対応づいているのがわかりますね。

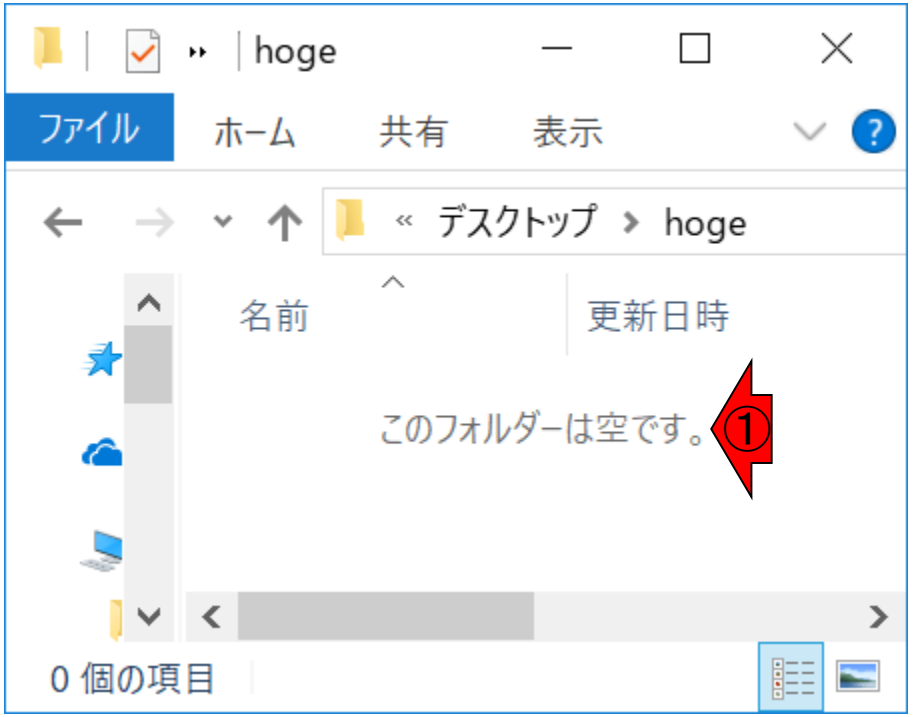


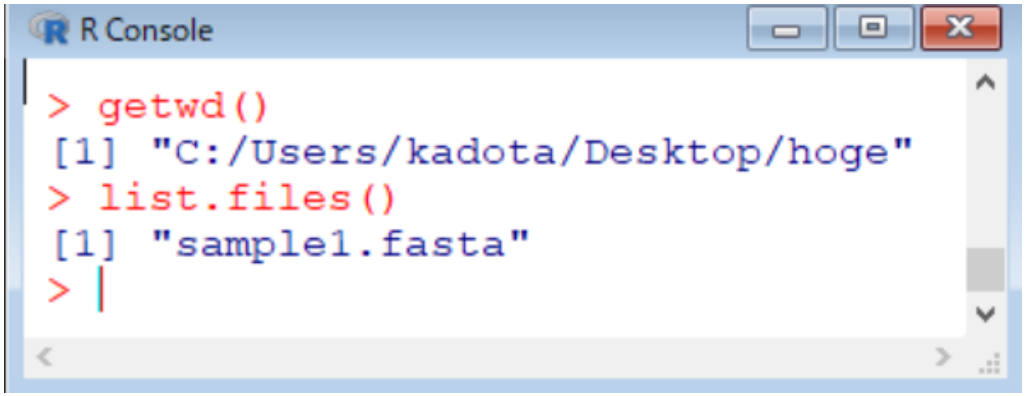


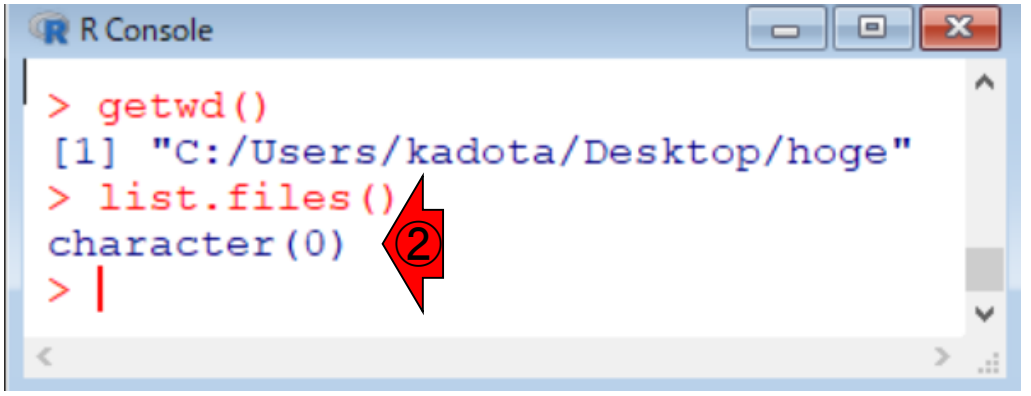
list.files()でフォルダ内を見

もし①フォルダの中身が何もないときは、②のように見えるので覚えておきましょう。character(0)は何もないという意味









Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

基本はコピペ

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。

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

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ペ。

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"

#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 <- readDNAStringSe
fasta

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配
fasta                                      #確認してる

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

コピー(C)
Google で「in_f <- "sample
印刷(P)...
検証(I)

①

R Console

```
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを
配布条件の詳細に関しては、'lic

R は多くの貢献者による共同プロジ
詳しくは 'contributors()' と入
また、R や R のパッケージを出版物
'citation()' と入力してください

'demo()' と入力すればデモをみる
'help()' とすればオンラインヘルプ
'help.start()' で HTML ブラウ
'q()' と入力すれば R を終了します。

>
```

コピー Ctrl+C
ペースト Ctrl+V
コマンドのみペースト
コピー＆ペースト Ctrl+X
ウインドウの消去 Ctrl+L
全て選択
バッファに出力 Ctrl+W
ウィンドウを常にトップに置く

②

基本はコピペ

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もち
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を

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

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで
fasta                                      #確認してるだけで

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配列に翻
fasta                                      #確認してるだけで

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

エラーなく実行できた場合の全貌。多少見栄えが異なっていても、エラーという文字が見えていなければOK。

R Console

```
> in_f <- "sample1.fasta"
> out_f <- "hoge1.fasta"
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)
 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'

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

 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$
> 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$
> 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$
>
```

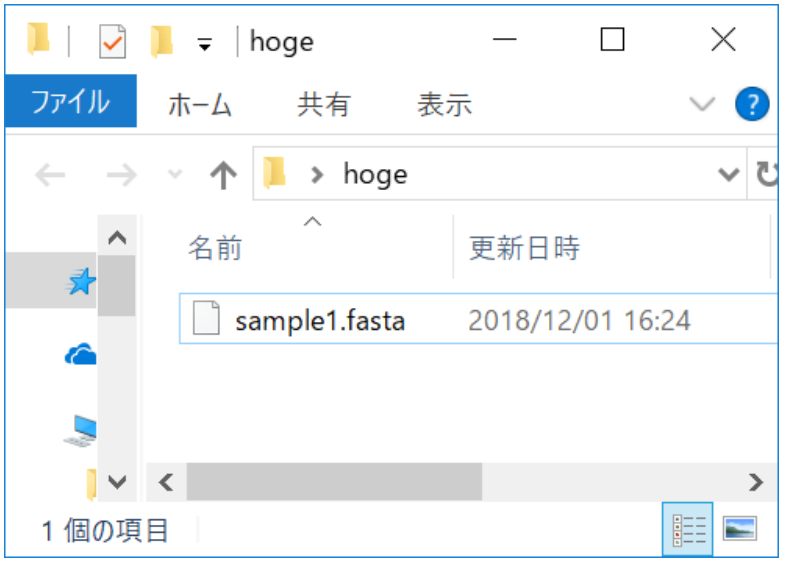
実行結果

①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

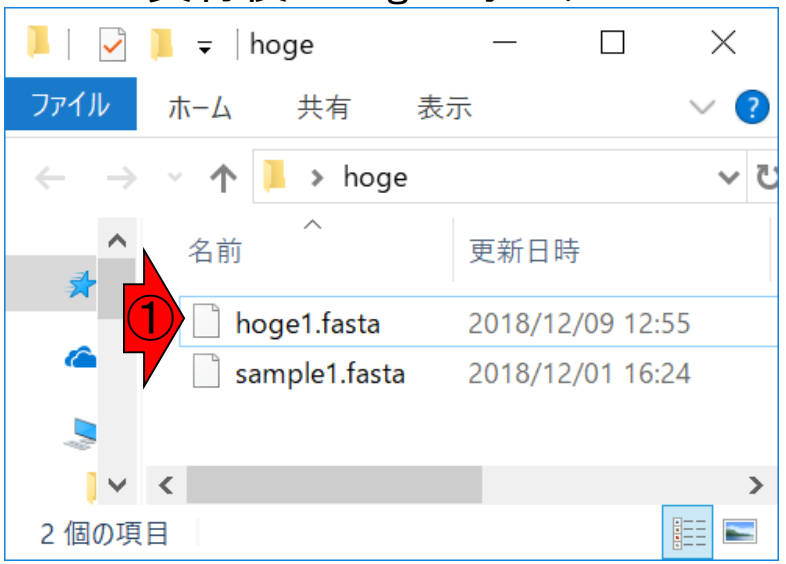
R Console

```
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")$
> fasta                                          #確認し$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                                      names $
[1]    12 AGTGACGGTCTT                             kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                      #アミノ$
> fasta                                          #確認し$
  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="fast$
>
```

実行前のhogeフォルダ



実行後のhogeフォルダ



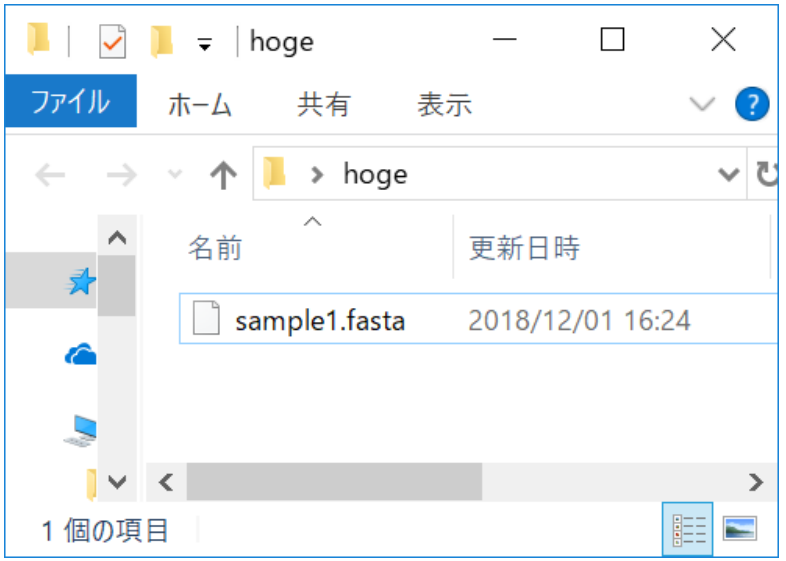
実行結果

①list.files()で表示される結果と、②「実行後のhogeフォルダの中身は当然同じ

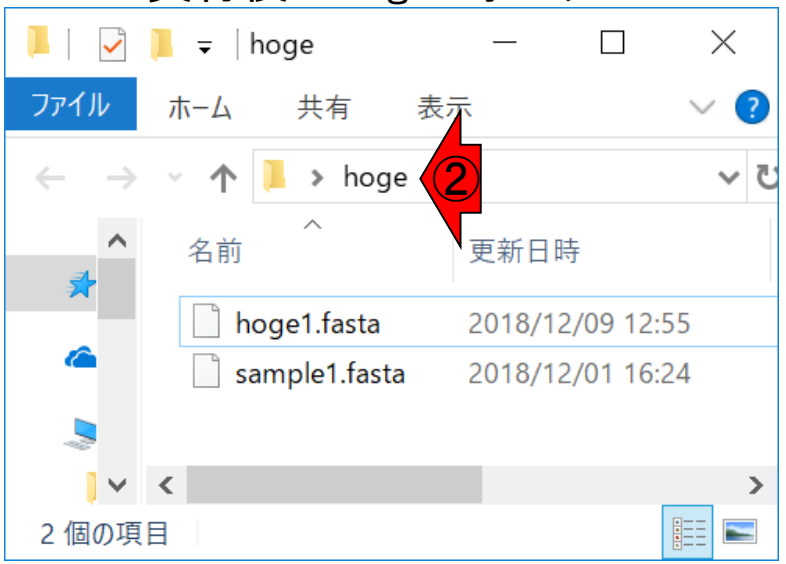
R Console

```
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")$
> fasta                                          #確認し$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                  names
[1]    12 AGTGACGGTCTT         kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                      #アミノ$
> fasta                                          #確認し$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq                  names
[1]     4 SDGL                 kadota
>
> #ファイルに保存
> writeXStrin①(fasta, file=out_f, format="fast$
> list.files()
[1] "hoge1.fasta"    "sample1.fasta"
>
```

実行前のhogeフォルダ



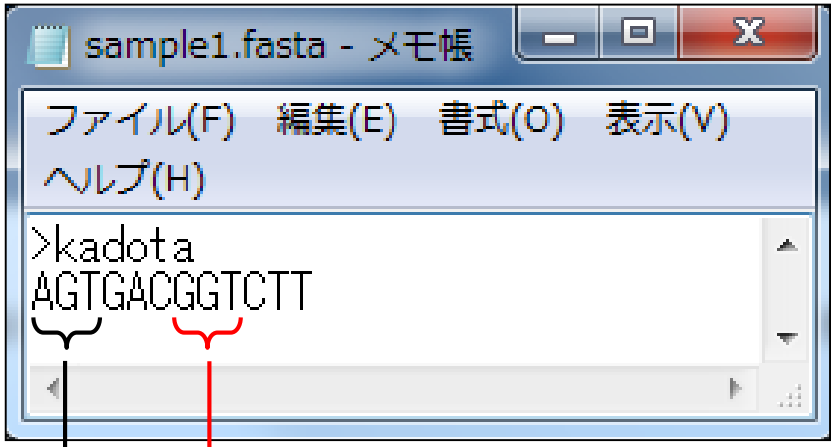
実行後のhogeフォルダ



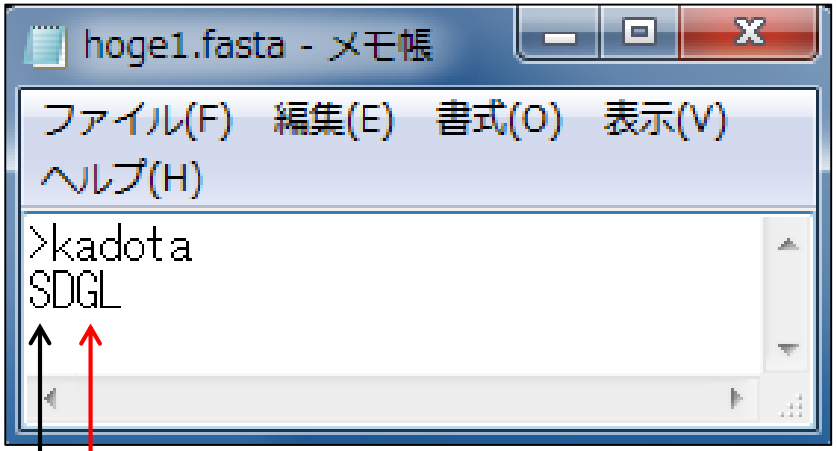
実行結果

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出ない

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.fasta）



Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

コードの解説

一通り入出力の関係が分かったら、中でどのようなことが行われているのかが気になります。それを解説していきます。まず、①の行は、入力ファイルの名前をin_fという名前で取り扱うという宣言です。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎)

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ペ。

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ァイル名で保存
```

コードの解説

一通り入出力の関係が分かったら、中でどのようなことが行われているのかが気になります。それを解説していきます。まず、①の行は、入力ファイルの名前をin_fという名前で取り扱うという宣言です。なので、②R Console画面上で、③in_fと打ち込んでリターンキーを押すと、①と同じ文字列が見られます

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎)

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

①

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

②

R Console

```
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                    #ア$
> fasta                                        #確$
  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="$
> list.files()
[1] "hoge1.fasta"    "sample1.fasta"
> in_f
[1] "sample1.fasta"
>
```

③

コードの解説

一通り入出力の関係が分かったら、中でどのようなことが行われているのかが気になります。それを解説していきます。まず、①の行は、入力ファイルの名前をin_fという名前で取り扱うという宣言です。なので、②R Console画面上で、③in_fと打ち込んでリターンキーを押すと、①と同じ文字列が見られます。
ちなみに④は、コピペ実行後の⑤hogeフォルダの⑥中身を表示しているだけなので意味合いが異なります。

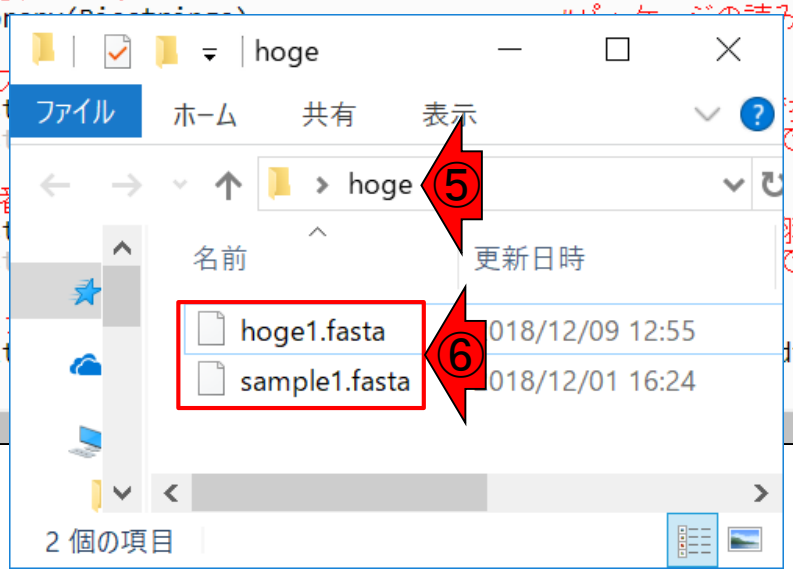
イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎)

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#必要なパッケージをロード
```




```
> 
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                #ア$
> fasta                                    #確$
  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="$
> list.files()
[1] "hoge1.fasta"   "sample1.fasta"
> in_f
[1] "sample1.fasta"
> 
```

④

コードの解説

①in_fと同じノリで、②の行は、出力ファイル名をout_fとして取り扱うという宣言です。③確かにhoge1.fastaが表示されていますね。ちなみに④二重クォーテーション(“”)は、中身が文字列という意味です。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎)

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

①FASTA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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

②

③

④

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
> fasta <- translate(fasta)                #ア$
> fasta                                    #確$
  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="$
> list.files()
[1] "hoge1.fasta"    "sample1.fasta"
> in_f
[1] "sample1.fasta"
> out_f
[1] "hoge1.fasta"
>
```

コードの解説

①は、Biostringsというパッケージを使うよ、という宣言です。「Biostringsパッケージのロード」とか、「パッケージの読み込み」などと表現します。
PowerPointを使うためにはソフトを起動しないといけないようなものだと思えばよいです。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎)

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

①

RGui (64-bit)

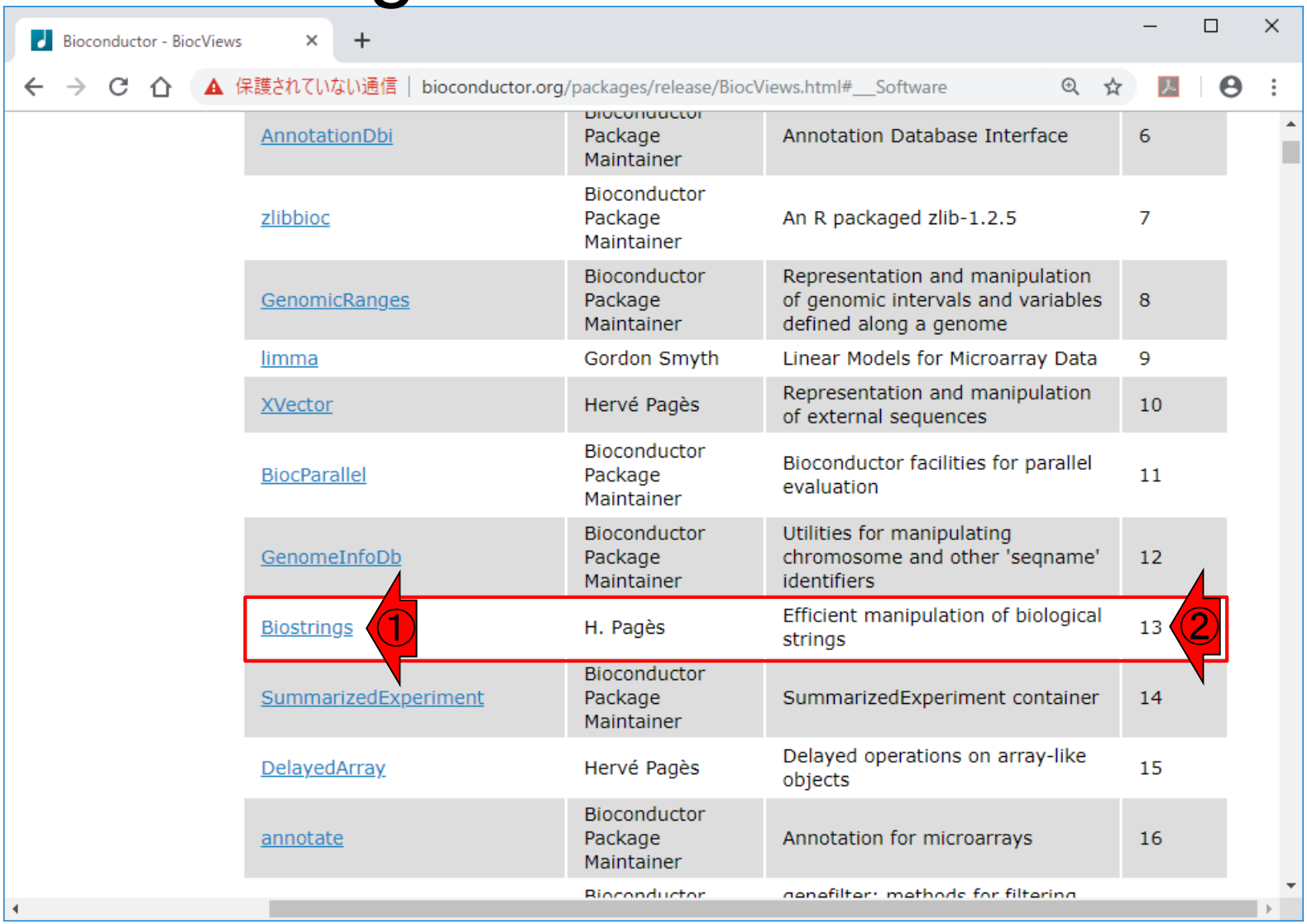
ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
> fasta <- translate(fasta)                #ア$
> fasta                                    #確$
  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="$
> list.files()
[1] "hoge1.fasta"   "sample1.fasta"
> in_f
[1] "sample1.fasta"
> out_f
[1] "hoge1.fasta"
>
```

Biostrings

おさらい。①Biostringsは、Bioconductorが提供する②13位のパッケージで、結構有名です。



コードの解説

①Biostringsパッケージをロードしたおかげで、②これらの関数が利用可能となるのです。

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

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ペ。

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ァイル名で保
```

コードの解説

①readDNAStringSetという名前の関数は、②の入力ファイル名に相当するin_fを、③の部分で利用しています。つまりreadDNAStringSetは、readという名前からイメージできるように、DNA塩基配列を読み込むときに用います。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得

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ペ。

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ァイル名で保存
```

コードの解説

④は、③の入力ファイルの中身がfasta形式だと明示的に指定していることに相当します。本当はfasta形式がデフォルトなので書かなくてもよいのですが、書いてもよいので書いています。②の中身が⑤であり、これがfasta形式（or FASTA形式）というものです。FASTQ形式というNGS生データファイルも、④の部分をformat="fastq"とすることで読み込むことができます。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)

Biostringsパッケージを用いて塩基配列を読み込んでアミノ酸
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうで
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondria
「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ペ。

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。

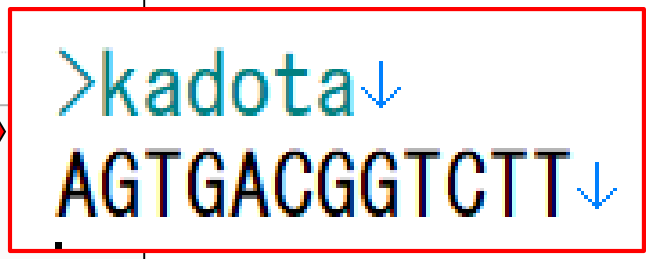
```
in_f <- "sample1.fasta"                 #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"                  #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#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ァイル名で保
```

②

③

④

⑤



コードの解説

①赤枠内をもう一度コピペ実行し、②readDNAStringSet関数を用いて読み込んだ結果を格納したfastaという名前のオブジェクトを表示させます。

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

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ペ。

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ァイル名で保
```

①

②

③

コードの解説

①赤枠内をもう一度コピペ実行し、②readDNAStringSet関数を用いて読み込んだ結果を格納したfastaという名前のオブジェクトを表示させます。表示結果。

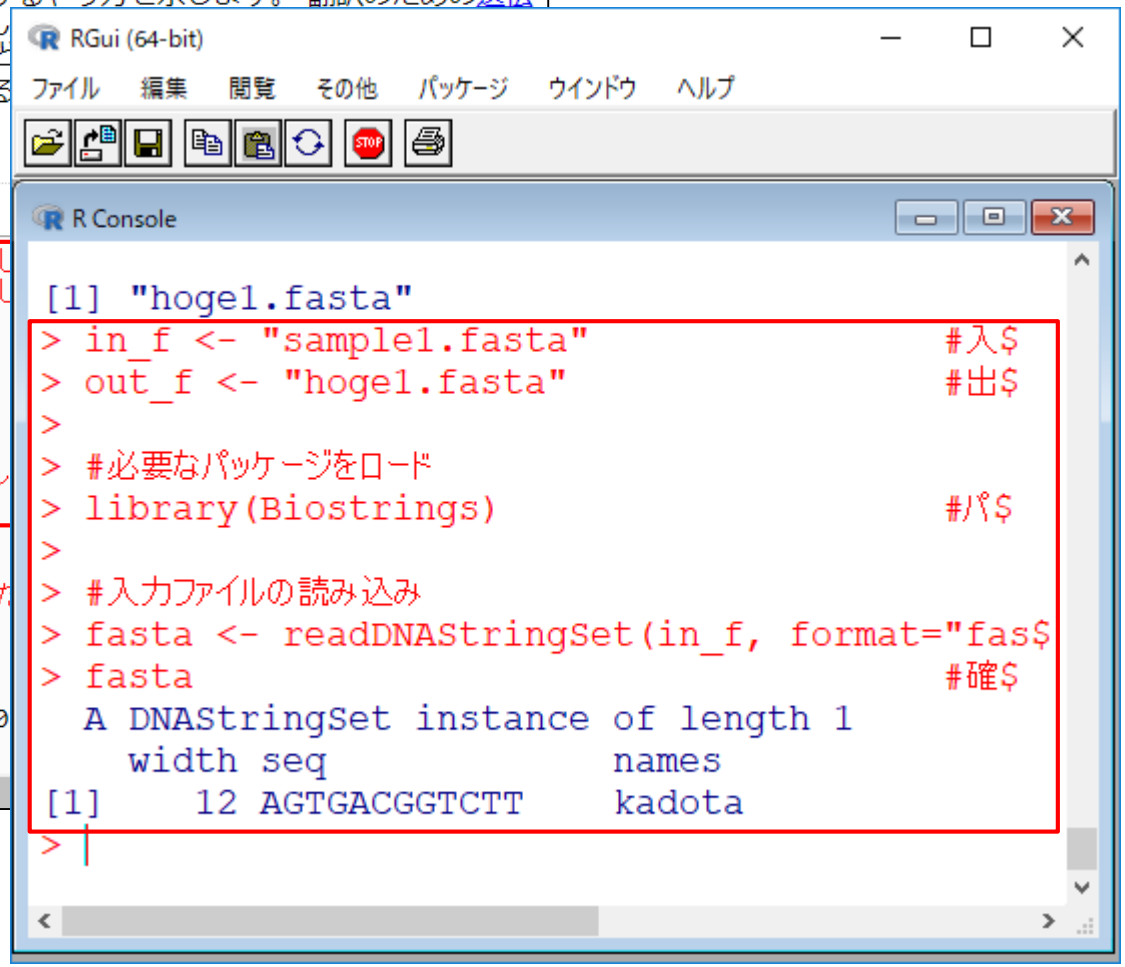
イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎) | Biostrings

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```



コードの解説

①fastaというオブジェクト（←「もの」という意味）の中身は、
②こんな感じ。

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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=
```

①

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

①

②

コードの解説

①fastaというオブジェクト(←「もの」という意味)の中身は、②こんな感じ。③入力ファイルの、④中身とよく対応しているのがわかりますね。

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

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。 もちろんるようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                  #出力ファイル名を指定し

#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
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
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=
```

③

①

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample
> 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, format="fas$
> fasta
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq               names
[1]    12 AGTGACGGTCTT      kadota
>
```

④

>kadota↓
AGTGACGGTCTT↓

①

②

コードの解説

①namesという列の情報が、②FASTA形式ファイル中の③description行部分（行頭が>で、その後にいろいろ書かれている部分；ここではkadotaに相当）の情報に相当します。

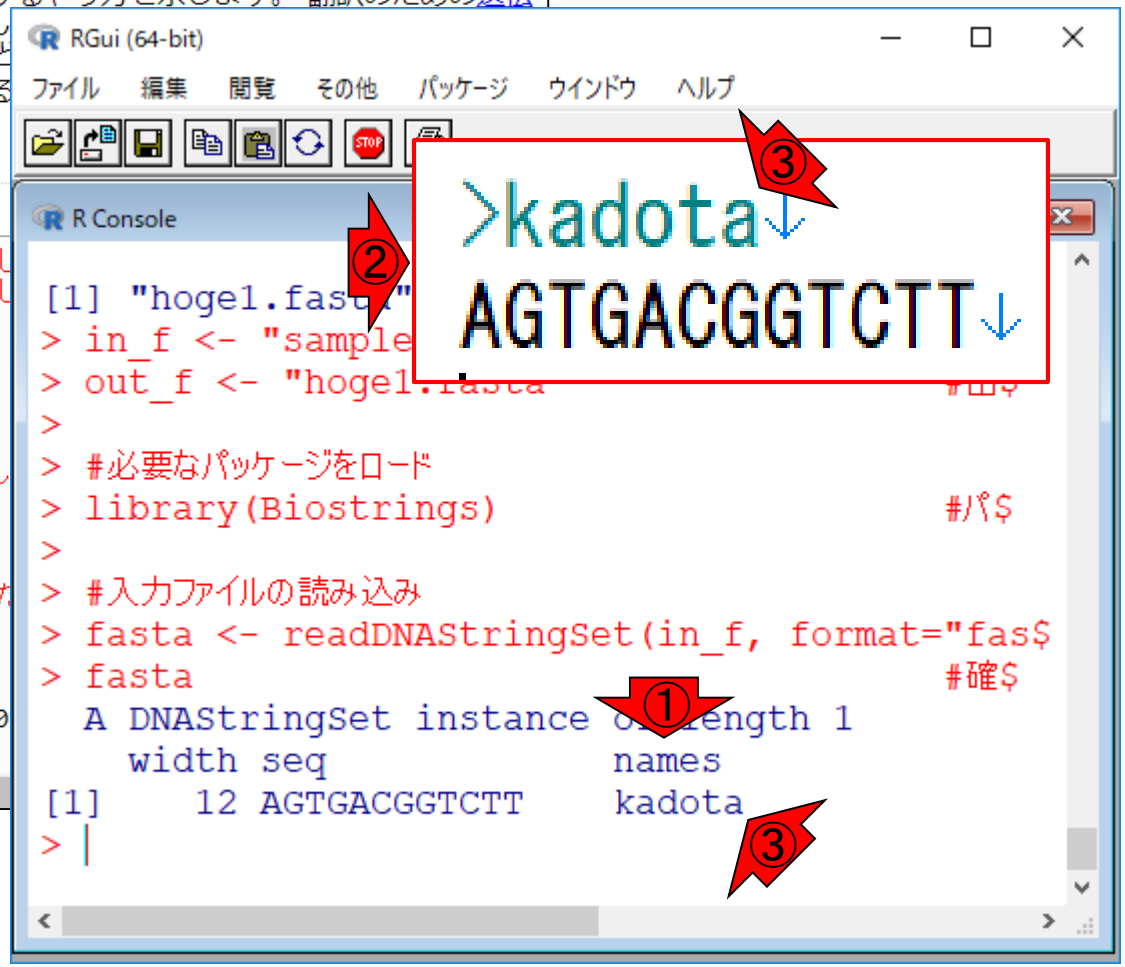
イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```



①seqという列の情報が、②塩基配列部分に相当します。

コードの解説

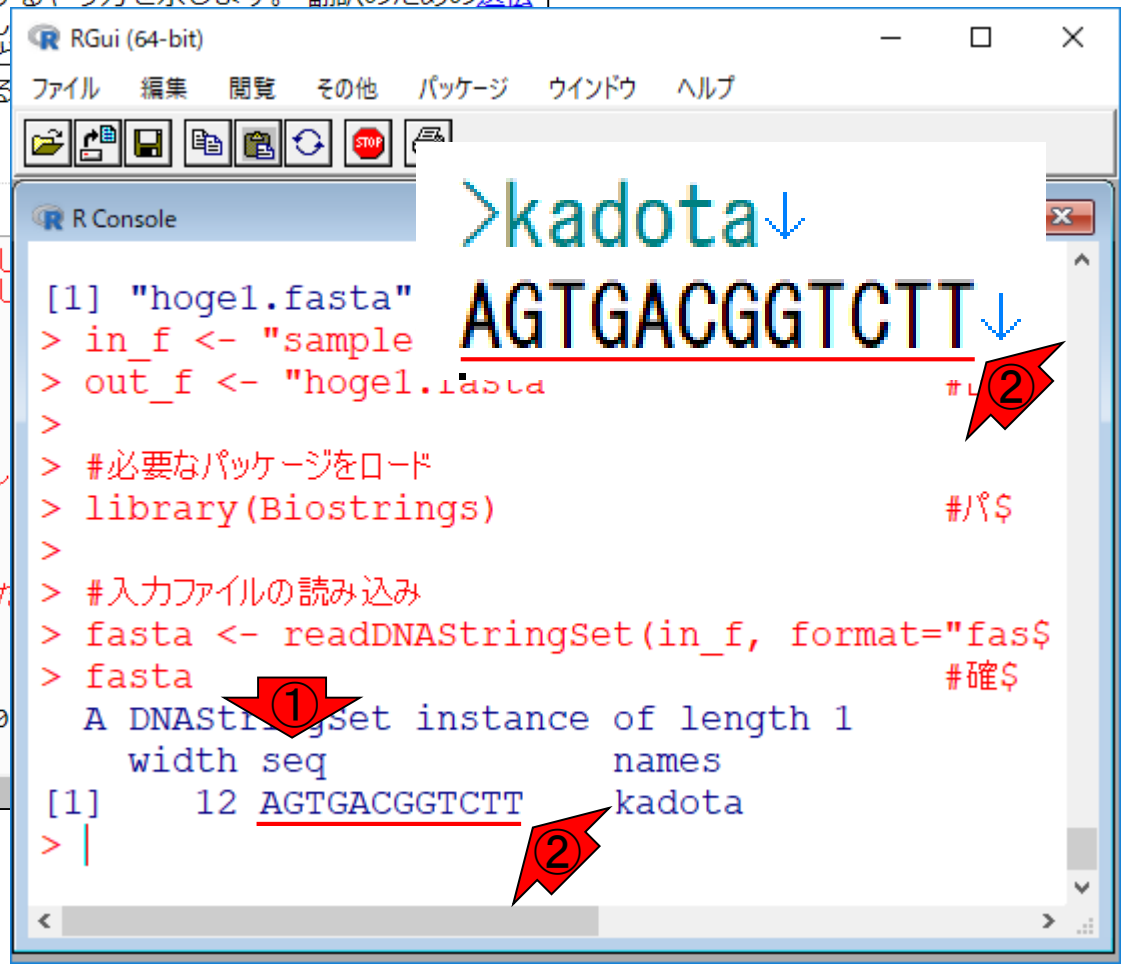
イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎) | Biostrings

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```



コードの解説

①seqという列の情報が、②塩基配列部分に相当します。
③widthという列の数値情報が、②の塩基配列の長さに相当します。

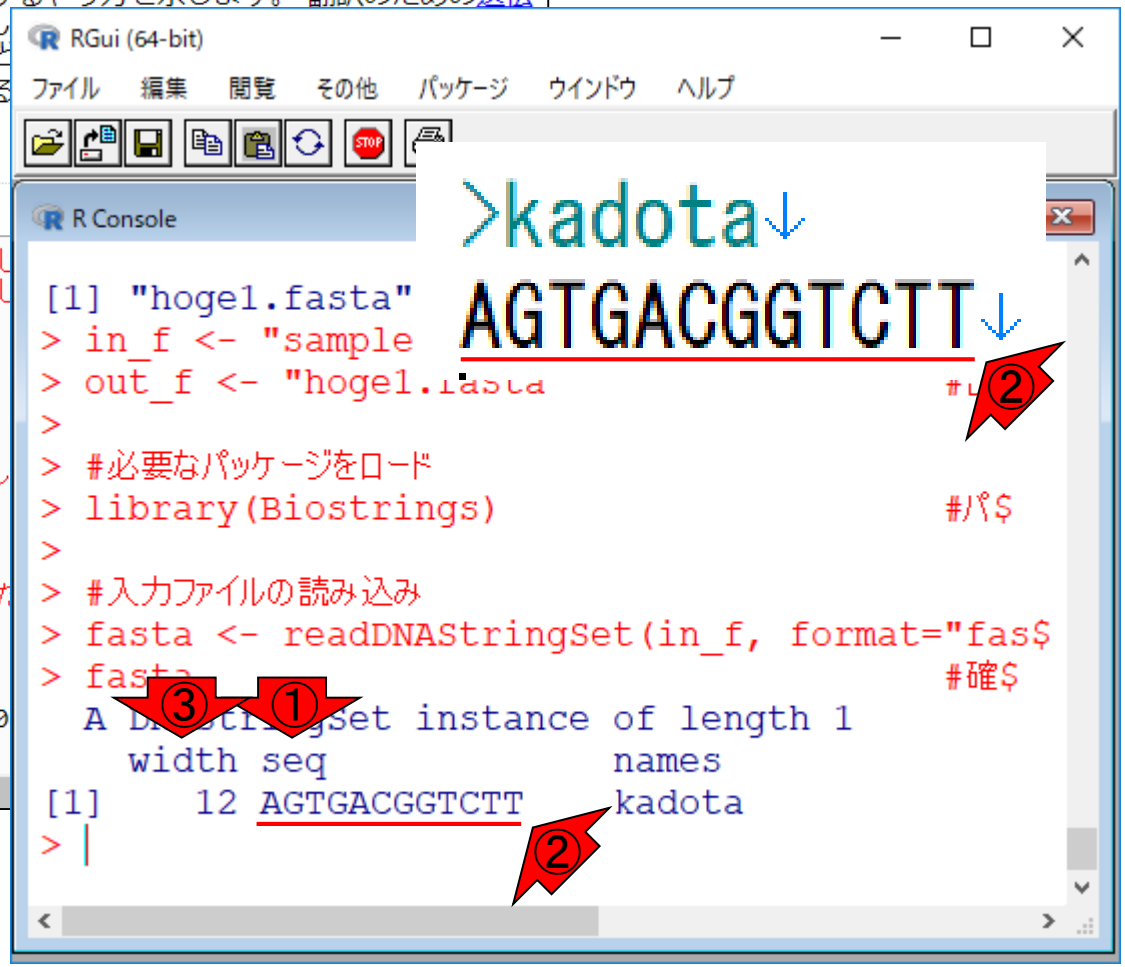
イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎) | Biostrings

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```



readDNAStringSet

①長ったらしい関数名ですが、意味が分かると納得できます、という話。

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

①

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

①

readDNAStringS

①長ったらしい関数名ですが、意味が分かると納得できます、という話。まず、②DNAStringは塩基配列という意味で、それを③読み込む（read）関数だということ。

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

③

②

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

③

②

readDNAStringS

①長ったらしい関数名ですが、意味が分かると納得できます、という話。まず、②DNAStringは塩基配列という意味で、それを③読み込む（read）関数だということ。④Setは、集合という意味。DNAStringSetで、塩基配列集合だと解釈すればよい。ヒトだって22本の染色体（塩基配列の集

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 も
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定

#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
fasta                                      #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配列に翻訳
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
```

③ ④ ②

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

③ ④ ②

DNAStringSet形式

この①readDNAStringSet関数を用いて読み込んだ②fastaオブジェクトは…

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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=
```

①

②

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

①

DNAStringSet形式

この①readDNAStringSet関数を用いて読み込んだ②fastaオブジェクトは、③DNAStringSetという形式で格納されています。実用上は、深く考える必要はなく、

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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=
```

②

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGAC...TCTT      kadota
>
```

③

DNAStringSet形式

この①readDNAStringSet関数を用いて読み込んだ②fastaオブジェクトは、③DNAStringSetという形式で格納されています。実用上は、深く考える必要はなく、④こんな感じの見え方なら、「DNAStringSet形式」だと判断できればそれで十分です。ちなみに⑤は配列

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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
```

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq               names
[1]    12 AGTGACGGTCTT      kadota
>
```

⑤

④

次の①translate関数は、

translate関数

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

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ペ。

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ァイル名で保
```

①

translate関数

次の①translate関数は、②さきほどのDNAStringSet形式のfastaオブジェクトを、③入力としています。

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
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
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=
```

②　③　①

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[1] "hoge1.fasta"
> in_f <- "sample1.fasta"                  #入$
> out_f <- "hoge1.fasta"                   #出$
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings)                      #パ$
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                    #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
```

②

translate関数

次の①translate関数は、②さきほどのDNAStringSet形式のfastaオブジェクトを、③入力としています。赤枠内コピペ実行。④出力情報も同じfastaというオブジェクト名にしています。別の名前（例：hoge）とかでもいいのですが、特に以前のDNAStringSet形式の情報を残しておく必要もないのでそうしています。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

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

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

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

①

②

③

④

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
> #翻訳
> fasta <- translate(fasta)                  #ア$
> fasta                                      #確$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]     4 SDGL               kadota
>
```

④

①translate関数実行②前と④後のfastaオブジェクト。

translate関数

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

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

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

②

④ ①

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                  #ア$
> fasta                                      #確$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]     4 SDGL               kadota
>
```

translate関数

①translate関数実行②前と④後のfastaオブジェクト。違いは赤枠部分。DNA配列を入力として、アミノ酸配列（Amino Acids）を出力としているので妥当ですね。

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

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
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

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

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

②

④ ①

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウインドウ ヘルプ

R Console

```
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                  #ア$
> fasta                                      #確$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]     4 SDGL               kadota
>
```

translate関数

①translate関数実行②前と④後のfastaオブジェクト。違いは赤枠部分。DNA配列を入力として、アミノ酸配列（Amino Acids）を出力としているので妥当ですね。
このことから、Biostringsパッケージが提供するtranslateという関数は、入力がDNAStringSet形式で、出力がAAStringSet形式なのだということを学ぶ。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

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

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

②

④ ①

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]    12 AGTGACGGTCTT       kadota
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)                  #ア$
> fasta                                      #確$
  A AAStringSet instance of length 1
    width seq                names
[1]     4 SDGL               kadota
>
```

writeXStringSet

最後の①writeXStringSet関数は、DNA塩基配列のDNAStringSet形式のオブジェクトや、アミノ酸（Amino Acids）配列のAAStringSet形式のオブジェクトを、②formatオプションで指定して形式（デフォルトはfasta）で、③fileオプションで指定したファイル名で出力してくれます。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん生
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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ペ。

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ァイル名で保
```

① ③ ②

writeXStringSet

最後の①writeXStringSet関数は、DNA塩基配列のDNAStringSet形式のオブジェクトや、アミノ酸（Amino Acids）配列のAAStringSet形式のオブジェクトを、②formatオプションで指定して形式（デフォルトはfasta）で、③fileオプションで指定したファイル名で出力してくれます。④DNA or AAどちらでもよいので、writeXStringSetという名前なのだと理解すればよい。

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん生
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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ァイル名で保
```

④

① ③ ②

writeXStringSet

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎

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
コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。 もちろん生
るようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"など
「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

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
out_f <- "hoge1.fasta"                     #出力ファイル名を指定し

#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
```

⑤ ⑤ ④ ① ③ ②

最後の①writeXStringSet関数は、DNA塩基配列のDNAStringSet形式のオブジェクトや、アミノ酸（Amino Acids）配列のAAStringSet形式のオブジェクトを、②formatオプションで指定して形式（デフォルトはfasta）で、③fileオプションで指定したファイル名で出力してくれます。④DNA or AAどちらでもよいので、writeXStringSetという名前なのだと理解すればよい。⑤の出力ファイル名情報を格納したout_fは、①writeXStringSet関数の③fileオプション部分で利用されています。

Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める

複数の例題

おさらい。これまではずっと、①(Rで)塩基配列解析の、②の、③例題1の解説を行ってきました。しかし、例題が1つだけだと自分のデータを実行する際に、どこをどう変更すればよいのか理解しづらいのが現実。それゆえ、一般に1つの項目内に複数の例題を提供しています。

(Rで)塩基配列解析 ①

(last modified 2019/02/10, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、インストール | についての推奨手順 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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(Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。 **2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部（講習会・書籍・学会誌など）を切り分けてサブページに移行**

What's new? (過

- 「生命科学データ

- イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 (last modified 2015/04/06)
- 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 ② (last modified 2015/09/12)
- イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(応用) | seqinr(Charif 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 (last modified 2013/06/14)
- イントロ | 一般 | 逆鎖(
- イントロ | 一般 | k-me
- イントロ | 一般 | k-me

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

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ペ。

③ **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
```

①の項目の場合も、②例題2が提供されています。

複数の例題

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(基礎) | Biostrings ①

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ペ。

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ァイル名で保
```

②

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合：

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。 4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```
in_f <- "sample4.fasta"                 #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge2.fasta"                  #出力ファイル名を指定してout_fに格納
```

例題2

①の項目の場合も、②例題2が提供されています。
②例題2は、③入力ファイルが、④のような中身となっています。計5個の塩基配列ですので、DNAStringSetの意味が実感できます。

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合：

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。 4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```
in_f <- "sample4.fasta"                  #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge2.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
```

```
>gene_1
CGACAGCTCCTCGGCATCCGA
>gene_2
GTCTGCCTCAAGCGCCCCAAGTGGGTT
>gene_3
TGTAGGAGAAGGGCGTAATCT
>gene_4
CGTGCTGATTCCACACNGCAGTAAACGCGG
>gene_5
CGTGCTGATTCCACACAGCAGTAAACGCGG
```

例題2

①の項目の場合も、②例題2が提供されています。
②例題2は、③入力ファイルが、④のような中身となっています。計5個の塩基配列ですので、DNAStringSetの意味が実感できます。赤枠の結果。

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合：

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。 4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```
in_f <- "sample4.fasta"                    #入力ファイル名を指
out_f <- "hoge2.fasta"                     #出力ファイル名を指

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

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

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配列に翻訳
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=
```

④

```
>gene_1
CGACAGCTCCTCGGCATCCGA
>gene_2
GTCTGCCTCAAGCGCCCCAAGTGGGTT
>gene_3
TGTAGGAGAAGGGCGTAATCT
>gene_4
CGTGCTGATTCCACACNGCAGTAAACGCGG
>gene_5
CGTGCTGATTCCACACAGCAGTAAACGCGG
```

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他

R Console

```
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostring
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 5
    width seq                names
[1]    21 CGACAG...ATCCGA gene_1
[2]    27 GTCTGC...TGGGTT gene_2
[3]    21 TGTAGG...TAATCT gene_3
[4]    30 CGTGCT...ACGCGG gene_4
[5]    30 CGTGCT...ACGCGG gene_5
>
```

例題2

①入力ファイル読み込み後のfastaオブジェクトの中身。配列長が一定以上の長さになると、②R Console画面上で1配列1行分で表示しきれなくなるため、③「…」で表現される。④5配列なので、5になります。

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合：

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。 4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```
in_f <- "sample4.fasta"                    #入力ファイル名を指
out_f <- "hoge2.fasta"                     #出力ファイル名を指

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

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

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配列に翻訳
fasta                                      #確認してるだけです

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

①

```
>gene_1↓
CGACAGCTCCTCGGCATCCGA↓
>gene_2↓
GTCTGCCTCAAGCGCCCCAAGTGGGTT↓
>gene_3↓
TGTAGGAGAAGGGCGTAATCT↓
>gene_4↓
CGTGCTGATTCCACACNGCAGTAAACGCGG↓
>gene_5↓
CGTGCTGATTCCACACAGCAGTAAACGCGG↓
```

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他

②

R Console

```
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostring
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fas$
> fasta                                      #確$
  A DNAStringSet instance of length 5
    width seq                names
[1]    21 CGACAG...ATCCGA gene_1
[2]    27 GTCTGC...TGGGTT gene_2
[3]    21 TGTAGG...TAATCT gene_3
[4]    30 CGTGCT...ACGCGG gene_4
[5]    30 CGTGCT...ACGCGG gene_5
>
```

①

③

④

Tips（小ネタ）

①や②のようにすれば、任意の配列を抽出することができます（例えばヒトのChr19とChr21の配列のみ抽出するなど）。他にも一定の長さ以上のものを抽出することなどもできます。

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合：

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。 4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```
in_f <- "sample4.fasta"                    #入力ファイル名を指
out_f <- "hoge2.fasta"                     #出力ファイル名を指

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

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

#本番
fasta <- translate(fasta)                  #アミノ酸配列に翻訳
fasta                                      #確認してるだけで

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

RGui (64-bit)

ファイル　編集　閲覧　その他　パッケージ　ウインドウ　ヘルプ

R Console

```
[2]     27 GTCTGC...TGGGTT gene_2
[3]     21 TGTAGG...TAATCT gene_3
[4]     30 CGTGCT...ACGCGG gene_4
[5]     30 CGTGCT...ACGCGG gene_5
> fasta[4]                                  ①
  A DNAStringSet instance of length 1
    width seq                 names
[1]     30 CGTGCT...ACGCGG gene_4
> fasta[2:3]                                ②
  A DNAStringSet instance of length 2
    width seq                 names
[1]     27 GTCTGC...TGGGTT gene_2
[2]     21 TGTAGG...TAATCT gene_3
>
```

Contents

- R本体とRパッケージの関係
- Rパッケージ：BioconductorとCRAN
- Rの基本的な利用法のおさらい：Biostringsを用いた翻訳配列の取得
  - 入力ファイルのダウンロード、Rの起動を作業ディレクトリの変更
  - コピペ実行、コードの解説
- 複数の例題を実行して理解を深める
- 「（Rで）塩基配列解析」の興味ある項目の例題をこなす

Biostrings

①(Rで)塩基配列解析において、Biostringsが提供する関数を利用した項目としては、例えば②などもあります。もちろんBiostringsパッケージが提供する全ての関数について紹介しているわけではありません。

(Rで)塩基配列解析 ①

(last modified 2019/02/10, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、インストール | についての推奨手順 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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(Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。 **2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部（講習会・書籍・学会誌など）を切り分けてサブページに移行**

What's new? (過

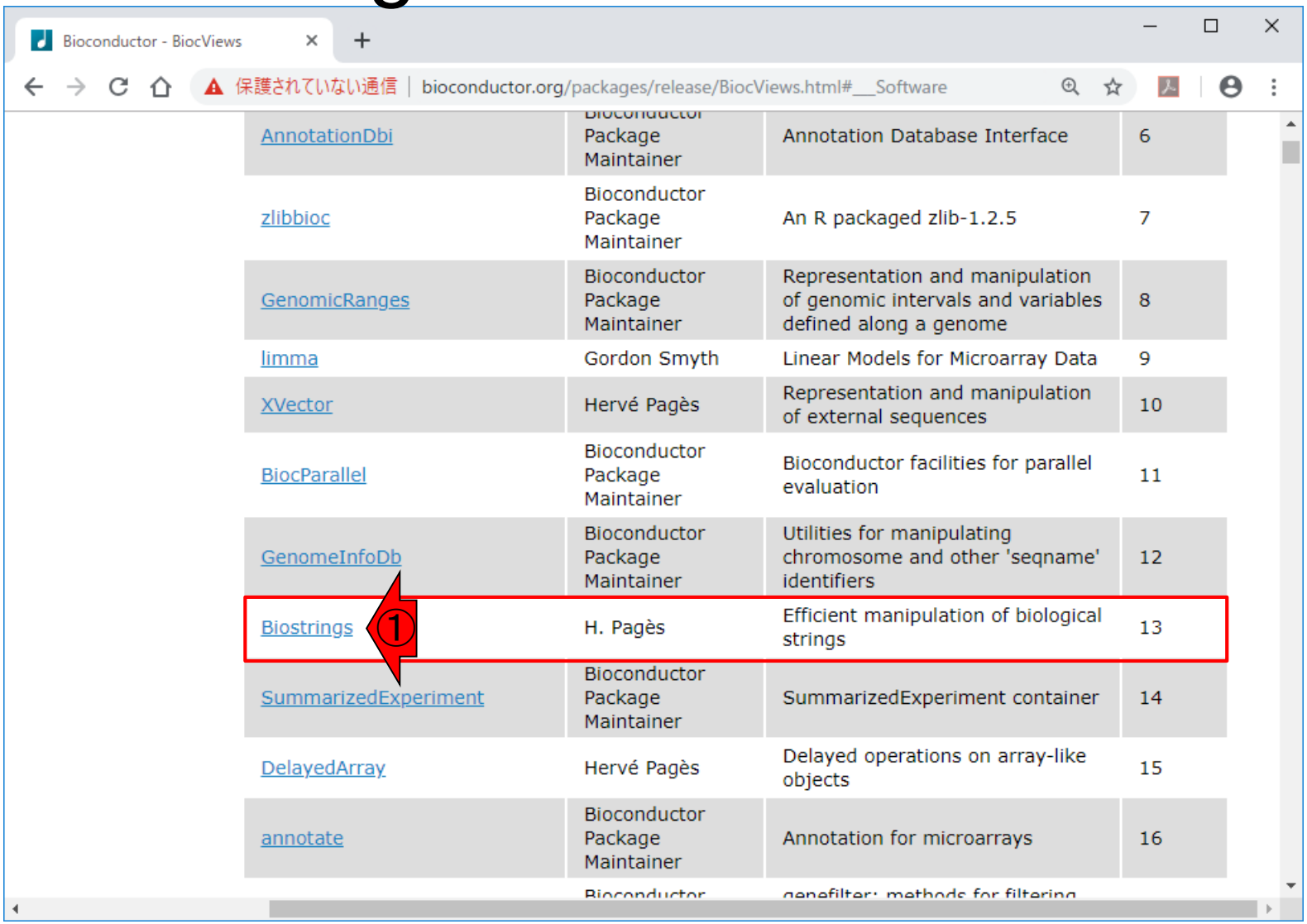
- 「生命科学データ

- イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 (last modified 2015/04/06)
- 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 2015/09/12)
- イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(応用) | seqinr(Charif 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 (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 | k-mer解析 | k=1(塩基ごとの出現頻度解析) | Biostrings (last modified 2016/04/27)
- イントロ | 一般 | k-mer解析 | k=2(2連続塩基の出現頻度解析) | Biostrings (last modified 2016/01/28)

②

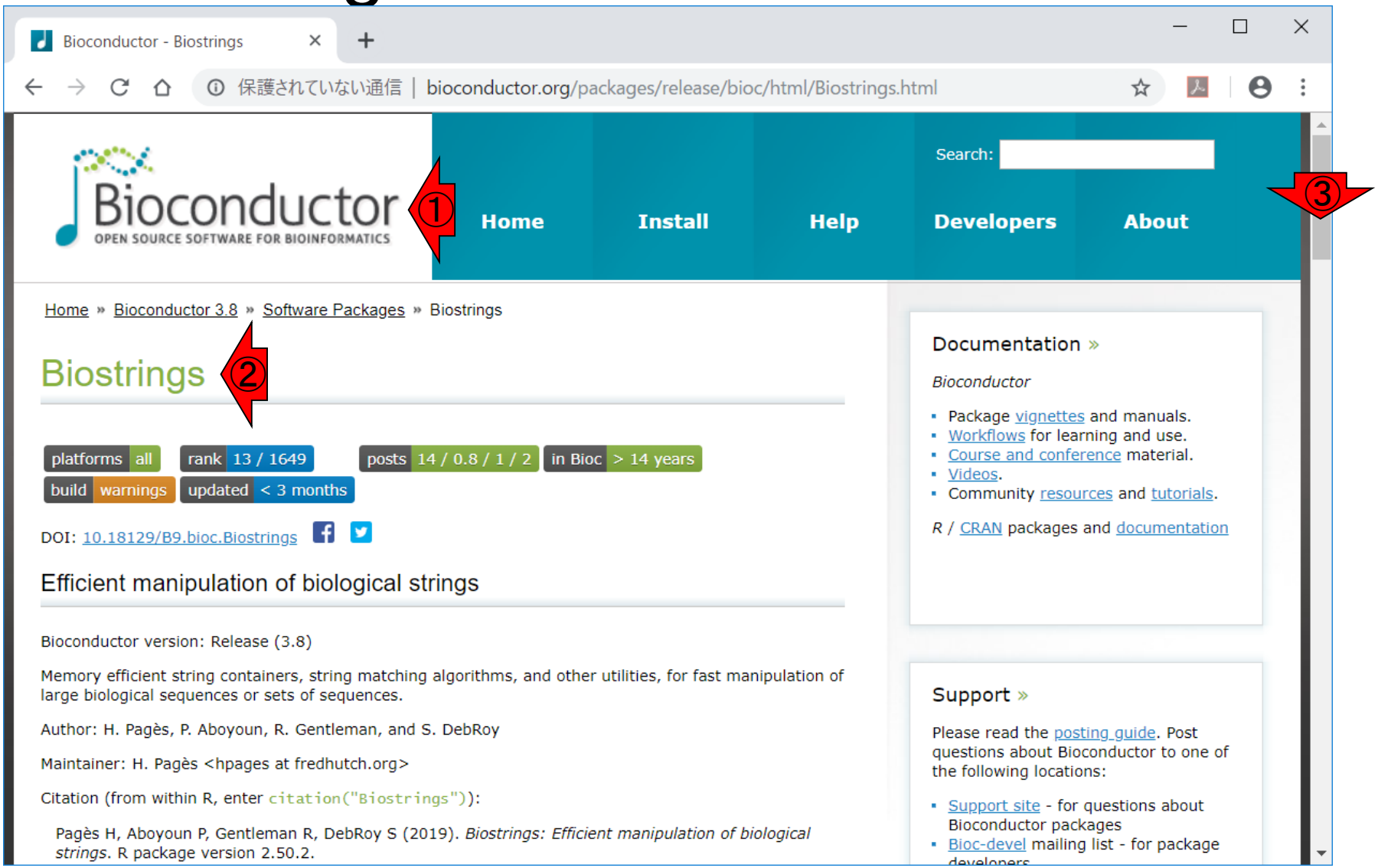
Biostrings

Biostringsが他にどのような関数を提供しているかは、①のリンク先（単純にBiostringsでググっても辿れます。）でも見られます。



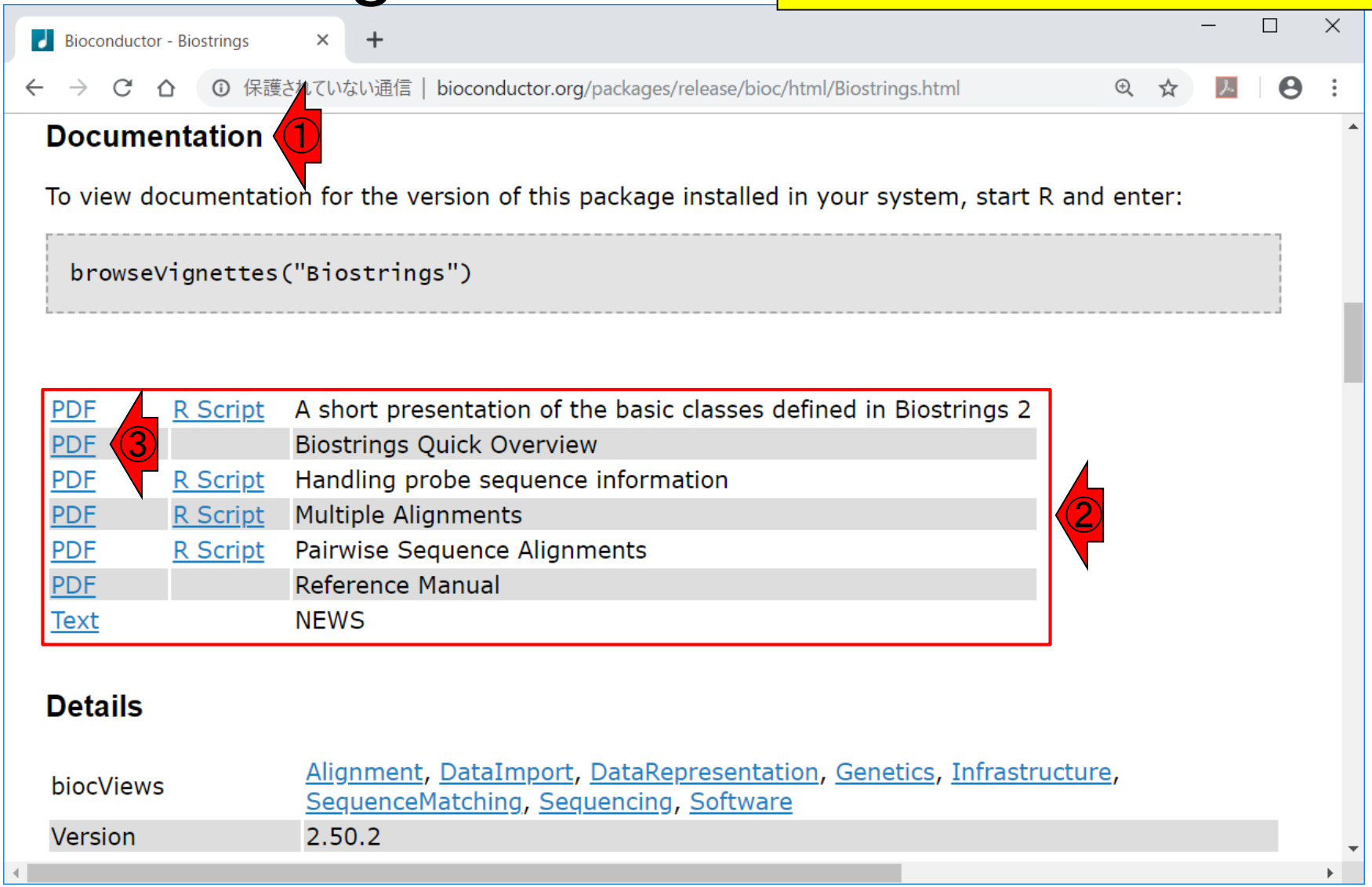
Biostrings

ここがパッケージ提供サイト①Bioconductor内の、②Biostringsのページ。③少しページ下部に移動。



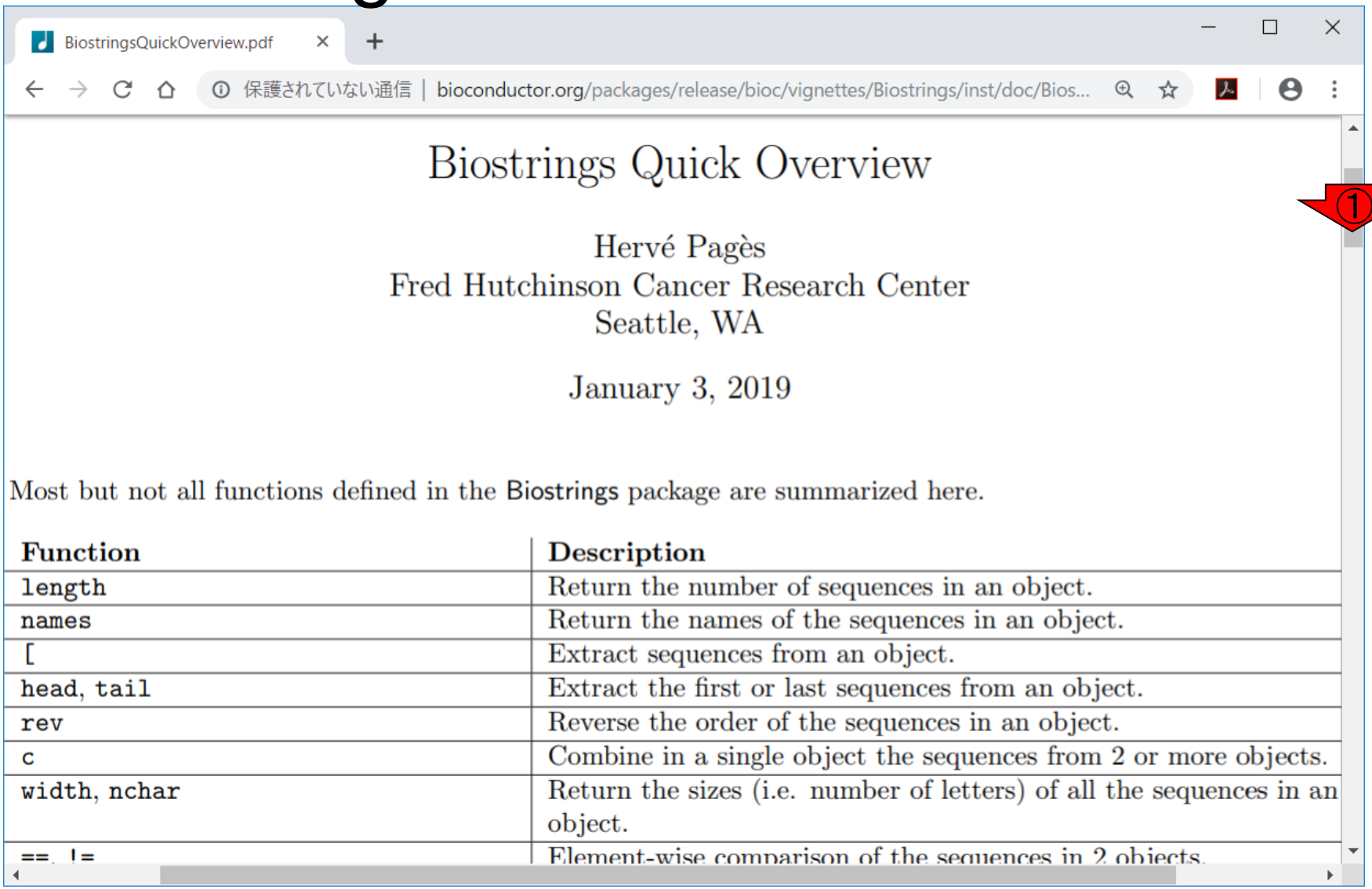
Biostrings

①Documentationのあたりまでくると、②赤枠内にPDFファイルのリンク先が見られます。例えば③Biostrings Quick OverviewのPDFをクリックすると…



Biostrings

こんな感じになります。①ページ下部に移動しながら、記述内容をみていくと…



Biostrings

①Table 3で、さきほど利用した②translate関数を発見しました。③それがどういう役割を果たすものかに関する記述。こんな感じで挙動が分かっているものを眺めて、少しづつ使える関数を増やしていくとよい。

BiostringsQuickOverview.pdf

保護されていない通信 | bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/Biostrings/inst/doc/Bios...

Function	Description

`reverse`
`complement`
`reverseComplement`
	Compute the reverse, complement, or reverse-complement, of a set of DNA sequences.

`translate` ②	③ Translate a set of DNA sequences into a set of Amino Acid sequences.
`chartr` `replaceAmbiguities`	Replace letters in a sequence or set of sequences.
`subseq`, `subseq<-` `extractAt`, `replaceAt`	Extract/replace arbitrary substrings from/in a string or set of strings.
`replaceLetterAt`	Replace the letters specified by a set of positions by new letters.
`padAndClip`, `stackStrings`	Pad and clip strings.
`strsplit`, `unstrsplit`	`strsplit` splits the sequences in a set of sequences according to a pattern. `unstrsplit` is the reverse operation i.e. a fast implementation of `sapply(x, paste0, collapse=sep)` for collapsing the list elements of a *DNAStringSetList* or *AAStringSetList* object.

① Table 3: **Sequence transformation and editing.**

例えば、①これらの関数は…

Biostrings

BiostringsQuickOverview.pdf

保護されていない通信 | bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/Biostrings/inst/doc/Bios...

Function	Description

`reverse`
`complement`
`reverseComplement`
	Compute the reverse, complement, or reverse-complement, of a set of DNA sequences.

`translate`	Translate a set of DNA sequences into a set of Amino Acid sequences.
`chartr` `replaceAmbiguities`	Replace letters in a sequence or set of sequences.
`subseq`, `subseq<-` `extractAt`, `replaceAt`	Extract/replace arbitrary substrings from/in a string or set of strings.
`replaceLetterAt`	Replace the letters specified by a set of positions by new letters.
`padAndClip`, `stackStrings`	Pad and clip strings.
`strsplit`, `unstrsplit`	`strsplit` splits the sequences in a set of sequences according to a pattern. `unstrsplit` is the reverse operation i.e. a fast implementation of `sapply(x, paste0, collapse=sep)` for collapsing the list elements of a *DNAStringSetList* or *AAStringSetList* object.

Table 3: **Sequence transformation and editing.**

Biostrings

①ここでも示しています。②のウェブページだけでも相当な項目数がありますので、まずはBioconductorのパッケージリストなどを眺めずに、②の様々な興味ある項目の例題をやって慣れていくとよいと思います。

(Rで)塩基配列解析 ②

(last modified 2019/02/10, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、インストール | についての推奨手順 (Windows2018.11.15版と Macintosh2018.11.27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(Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。 **2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部（講習会・書籍・学会誌など）を切り分けてサブページに移行**

What's new? (過

- 「生命科学データ

- イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 (last modified 2015/04/06)
- 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 2015/09/12)
- イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得(応用) | seqinr(Charif 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 (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 | k-mer解析 | k=1(塩基ごとの出現頻度解析) | Biostrings (last modified 2016/04/27)
- イントロ | 一般 | k-mer解析 | k=2(2連続塩基の出現頻度解析) | Biostrings (last modified 2016/01/28)

①