

事前準備

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

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ

各講義のページ

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス	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	生物記列統計学	システム生物学概論	知識情報処理	
	オーム情報解析	機能ゲノム学	ゲノムリンクと分子シミュレーション	
	フィールドインフォマティクス			
基礎	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	
	生物記列解析基礎		バイオスタティスティクス基礎論	

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

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ > フィールドインフォマティクス

フィールドインフォマティクス

授業の目標・概要

耕地や農業施設等のフィールドにおける植物生産の量と質は、作物のゲノム情報のみで一義的に決まるのではなく、時間的空間的に変化する環境条件、土壌条件、および微生物等との相互作用の結果として決定する。

作物形質の総体であるフェノームを捉えることが従来は難しかったが、現在ではドローンをはじめとする種々の観測装置が発達し、圃場全体からビッグデータを取得できる。

一方で分析機器の高度化により、植物のゲノム・トランスクリプトーム・メタボロームや、微生物等のメタゲノム、物理環境データなど膨大な情報が得られるようになっている。農業機械・施設のICT化も急速に進んできた。

これらを最大限に活用し、育種および生産の効率化・最適化を実現するために必要となる理論と技術を教授する。

担当教員

嶋田 透 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)
林澤 鏡 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)

事前準備

①「Rコードとサンプルデータ」のところで右クリックし、②デスクトップに保存。③RnData.zipがデスクトップにダウンロードされます

The screenshot shows a web browser window with the URL <http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/lectures/AG16/>. The page content includes a section titled "レポートについて" (About the Report) and a section titled "講義日程 (平成30年度)" (Lecture Schedule (Heisei 30th Year)).

レポートについて

- ▶ 課題：7回の講義全体を通して学んだフィールドインフォマティクスの現状と課題を総合的に述べなさい。
また、そのうち2つの講義（講師を特定しなさい）で紹介されたインフォマティクスの手法を、それぞれ1つ挙げて特徴などを説明し、それら2つの手法があなたの研究にどのように役立つか述べなさい。
自身の研究に直接役立たない場合は、当該手法を使った解析が行われている原著論文（著者名等の書誌情報）を紹介し、どのように活用されているかを説明しなさい。
以上2点を合わせて2000字以内で記述すること。
- ▶ 提出方法：メールの場合は、ユニットの事務まで'report@iu.a.u-tokyo.ac.jp' 電子メールで送ること。Microsoft Wordファイル (.doc、.docx)、rtfファイル、PDFファイル、またはテキストファイルとしてメールに添付してください。
- ▶ 注意：レポートには、氏名、(学生の場合は)学生証番号、遅んだ講義(日にち、講師名)を明記すること。
- ▶ 提出期限：2018年7月18日

講義日程 (平成30年度)

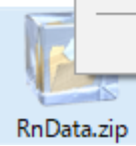
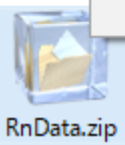
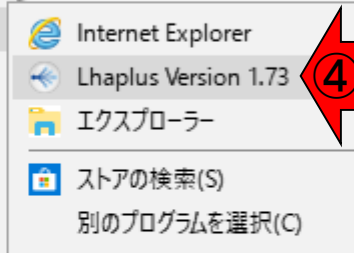
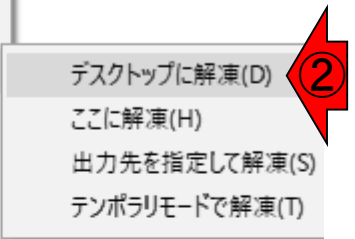
- 平成30年5月9日
講師：岩田洋佳
演題：ゲノムと表現型の解析を利用する～GWASとゲノミックプレディクション～
講義資料
Rコードとサンプルデータ
- 平成30年5月16日
講師：平藤雅之
演題：フィールドモニタ
- 平成30年5月23日
講師：藤本優
演題：ゲノム予測を基盤
- 平成30年5月30日
講師：井澤 毅
演題：野外栽培環境にお

A right-click context menu is open over the link "Rコードとサンプルデータ". The menu items are: 開く(O), 新しいタブで開く(W), 新しいウィンドウで開く(N), 対象をファイルに保存(A)... (highlighted with a blue arrow labeled ②), 対象を印刷(P), 切り取り, and コピー(C). A red arrow labeled ① points to the link itself.

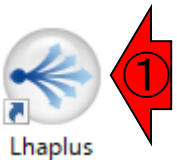


右クリックで、①解凍、②デスクトップに解凍
。もしくは③プログラムから開く、④Lhaplus

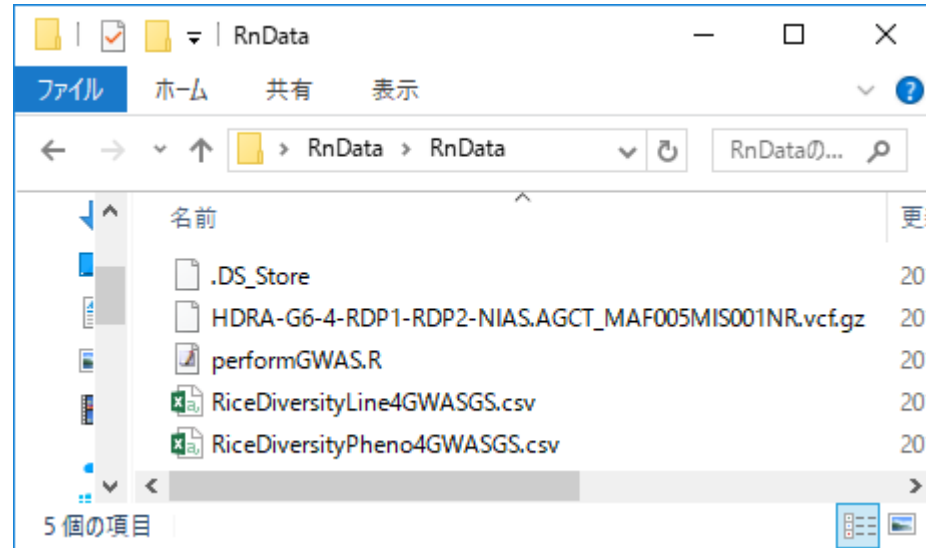
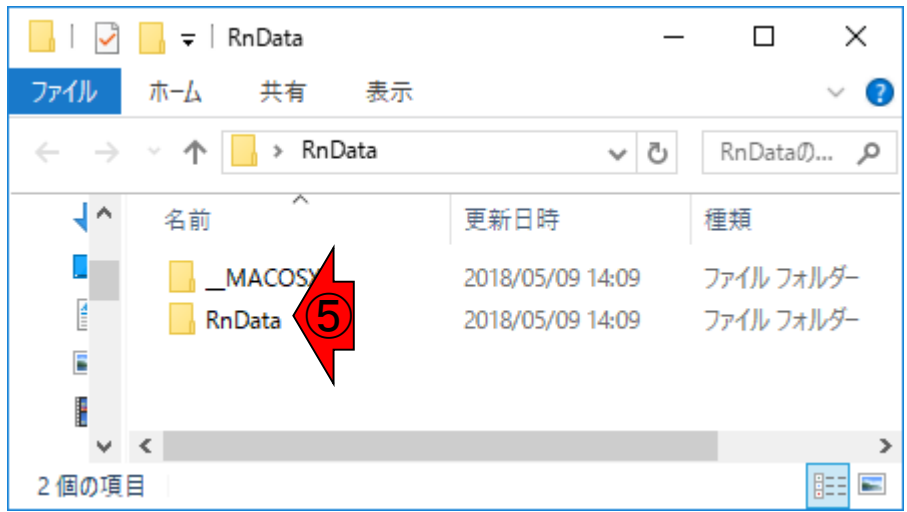
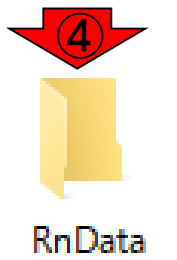
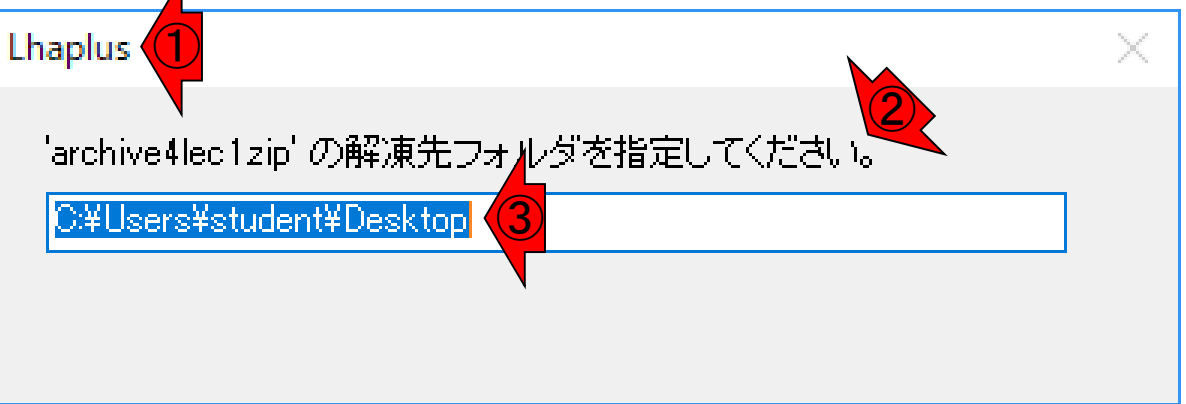
zipファイルを解凍



zipファイルを解凍

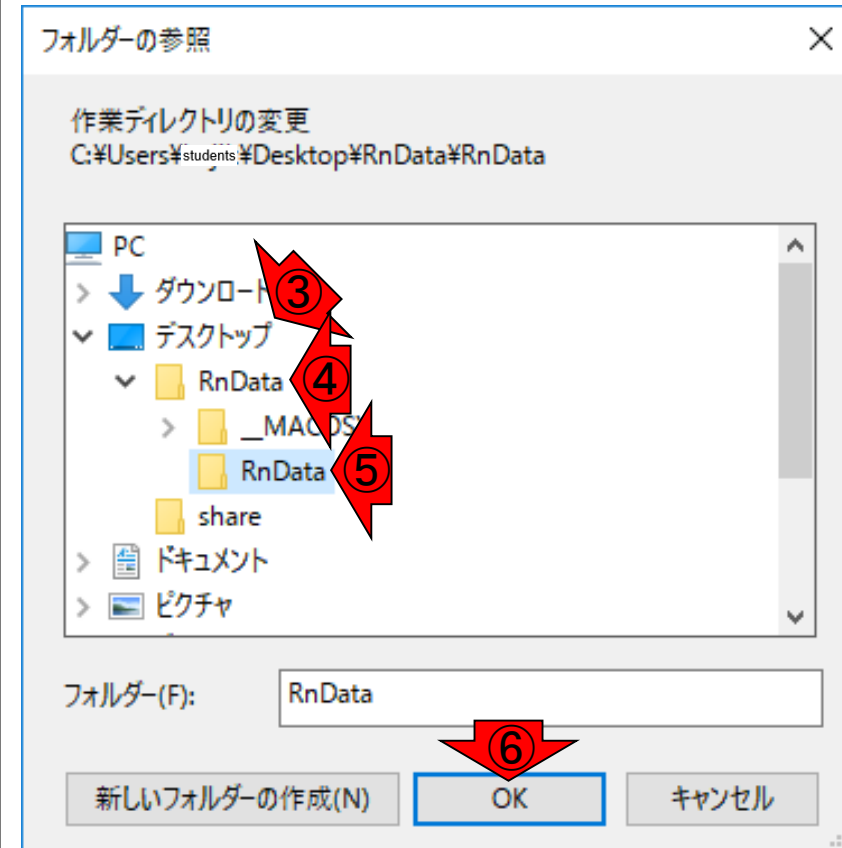
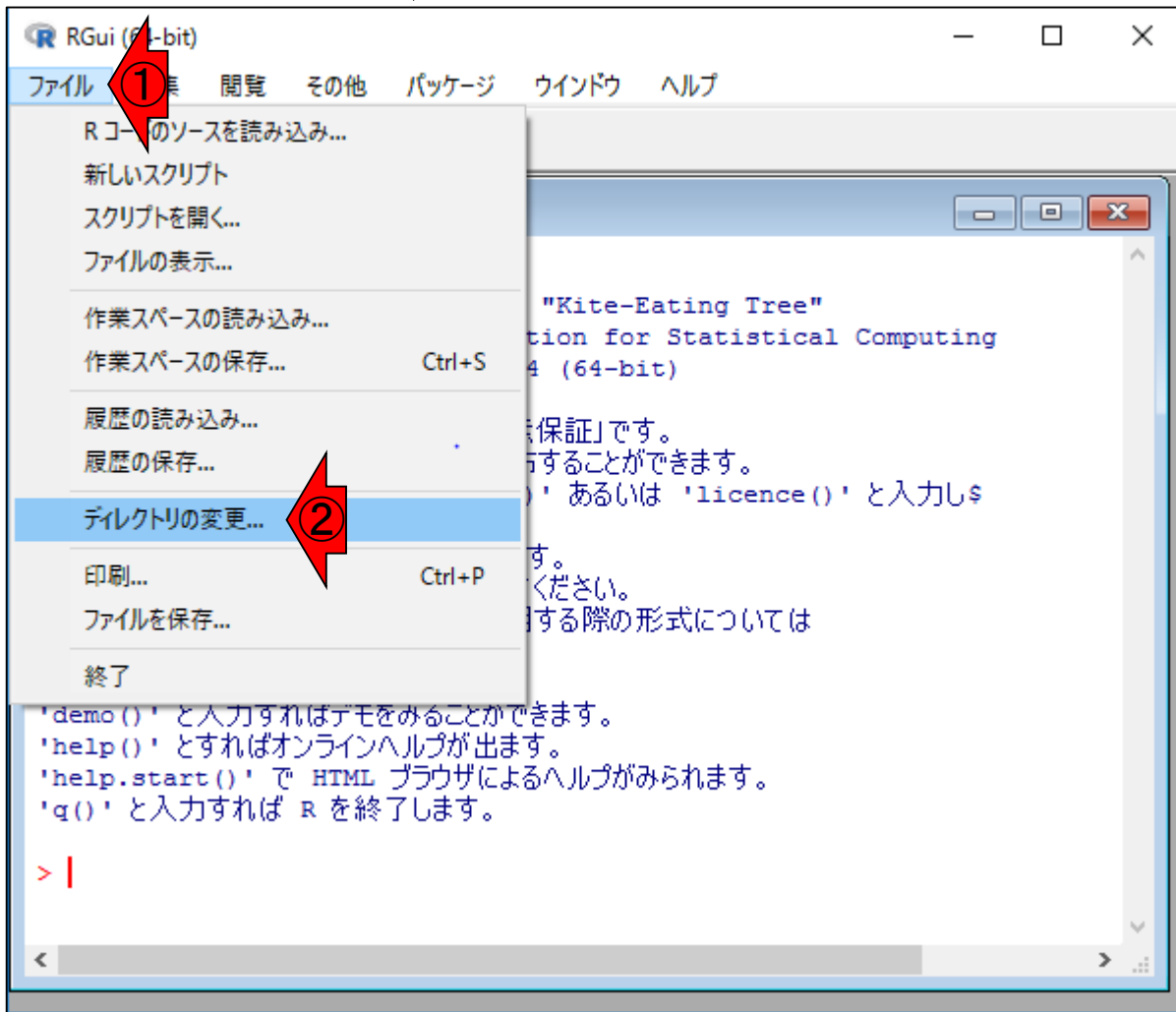


もし①Lhaplus実行時に、②のようなメッセージが出たら、③Desktopになっていること確認(なっていないかったらそうする)して、OKボタンを押す。デスクトップに④RnDataというフォルダが作成されます。これをダブルクリックすると、さらに⑤RnDataフォルダがあり、この中に⑥ファイルがあります



Rを起動して...

Rを起動して、①ファイル、②ディレクトリの変更。
③デスクトップ、④RnData、⑤RnDataで、⑥OK



作業ディレクトリの確認

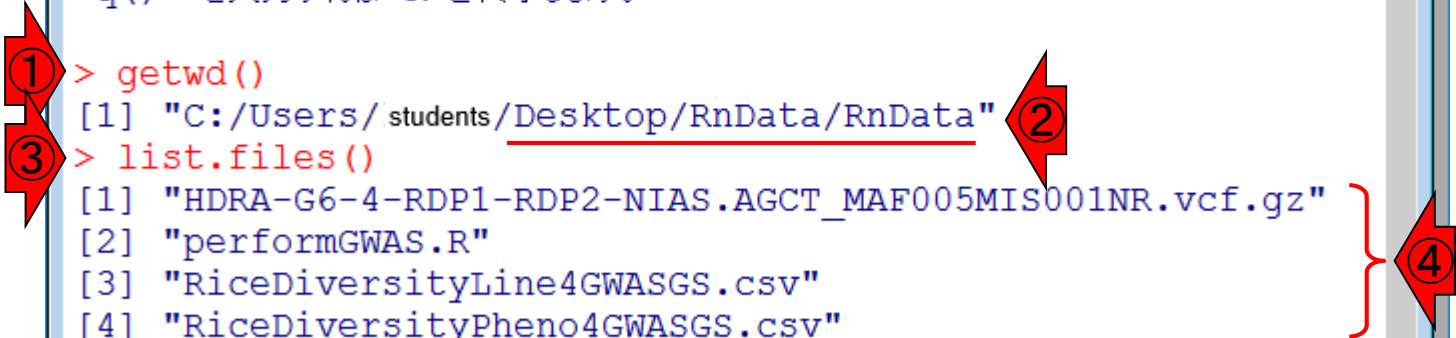
①getwd()と打ち込み、②の赤下線部分のように見えていれば基本的にOKです。念のため、③list.files()と打ち込んで、4つのファイルが見えていることを確認しておきましょう。「デスクトップ - RnData - RnData」フォルダ中に見えているファイルと同じになっているはず

```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console
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$
'citation()' と入力してください。

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

> getwd()
[1] "C:/Users/students/Desktop/RnData/RnData"
> list.files()
[1] "HDRA-G6-4-RDP1-RDP2-NIAS.AGCT_MAF005MIS001NR.vcf.gz"
[2] "performGWAS.R"
[3] "RiceDiversityLine4GWASGS.csv"
[4] "RiceDiversityPheno4GWASGS.csv"
> |
```



performGWAS.R

①performGWAS.Rを開く場合は、②ファイル、
③スクリプトを開く。④作業ディレクトリ内の⑤
performGWAS.Rファイルを選択して、⑥開く

The screenshot illustrates the process of opening a script file in RGui. The main window shows the R console with the following commands:

```
[1] "HDRA-G6-4-RDP1-RDP2-NIAS.AGCT_MA  
[2] "performGWAS.R"  
[3] "RiceDiversityLine4GWASGS.csv"  
[4] "RiceDiversityPheno4GWASGS.csv"  
> |
```

The 'File' menu is open, and the 'Script to Open...' option is selected. A file explorer window is overlaid, showing the directory 'RnData' with the file 'performGWAS.R' selected. The 'Open' button is highlighted.

Red arrows with circled numbers indicate the following steps:

- ①: The first line of the R console output is highlighted.
- ②: The 'File' menu is highlighted.
- ③: The 'Script to Open...' option in the File menu is highlighted.
- ④: The 'RnData' directory in the file explorer is highlighted.
- ⑤: The 'performGWAS.R' file in the file explorer is highlighted.
- ⑥: The '開く(O)' (Open) button in the file explorer is highlighted.

コードの実行手順

①Rエディタが開く。例えば②赤枠部分のコマンドを実行したい場合は、その部分を選択して(反転させて)、③をクリックすればよい

The screenshot shows the RGui (64-bit) interface with the R Console window open. The R Console displays the following text:

```
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  
'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を見ることができます。  
'q()' と入力すれば R を終了します。  
  
> getwd()  
[1] "C:/Users/kojik/Desktop/RnData/RnData/performGWAS.R"  
> list.files()  
[1] "HDRA-G6-4-RDP1-RDP2-NIAS.AGCT.vcf.gz"  
[2] "performGWAS.R"  
[3] "RiceDiversityLine4GWASGS.csv"  
[4] "RiceDiversityPheno4GWASGS.csv"  
> |
```

An inset window titled "C:\Users\kojik\Desktop\RnData\RnData\performGWAS.R - RIデータ" shows the following R code:

```
# the following libraries are necessary for this script  
require(vcfR)  
require(pcaMethods)  
require(rrBLUP)  
require(qqman)  
require(glmnet)  
  
# read compressed vcf file (*.vcf.gz)  
vcf <- read.vcfR("HDRA-G6-4-RDP1-RDP2-NIAS.AGCT.vcf.gz")  
  
# extract genotype data from vcf  
gt <- extract.gt(vcf)  
  
# get marker information (chromosome numbers and positions)  
chrom <- getCHROM(vcf)  
pos <- getPOS(vcf)  
  
# show the first 10 SNPs of the first 10 lines
```

Red arrows and numbers indicate the execution steps: ① points to the R editor window, ② points to the highlighted code block, and ③ points to the Run button in the RGui toolbar.