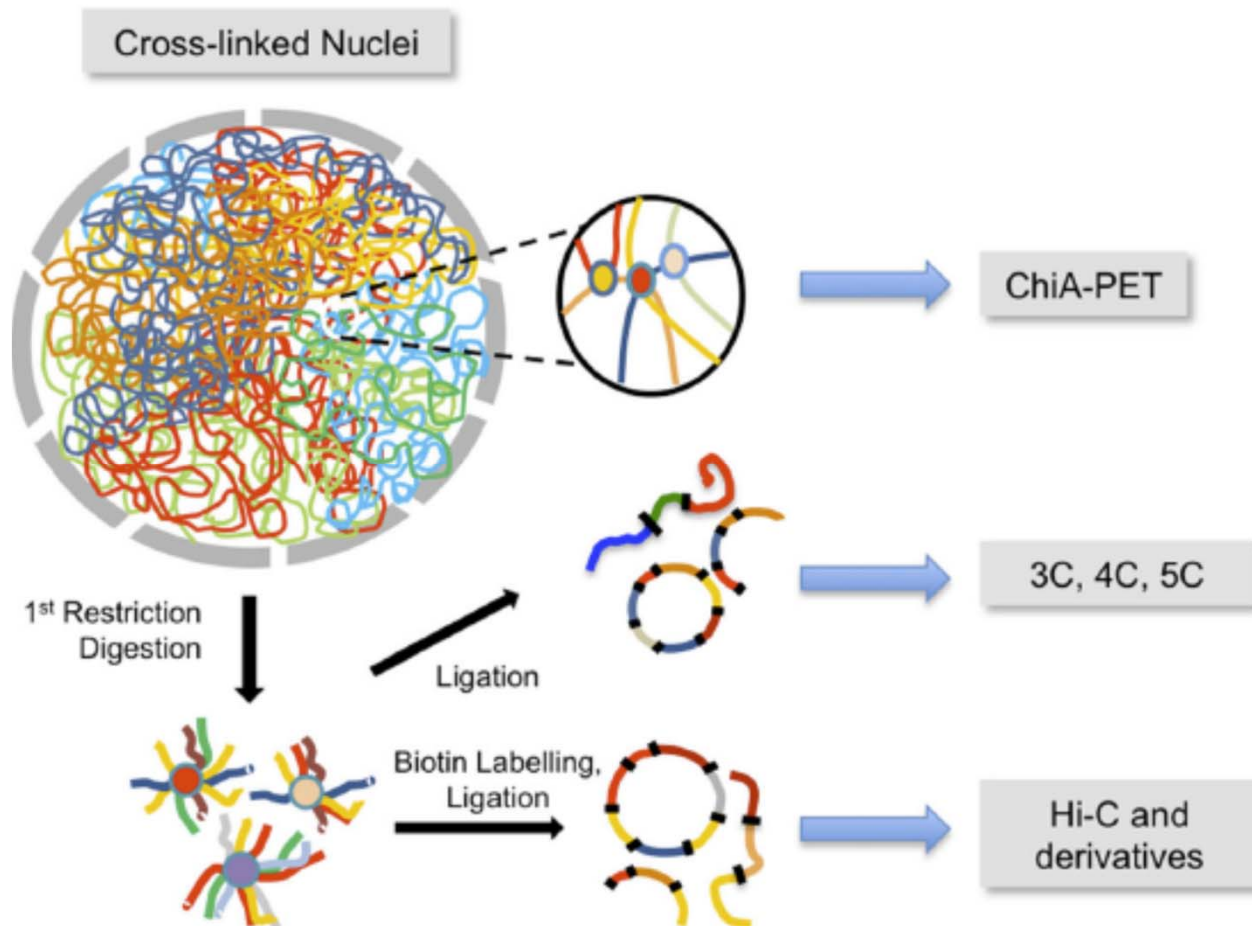




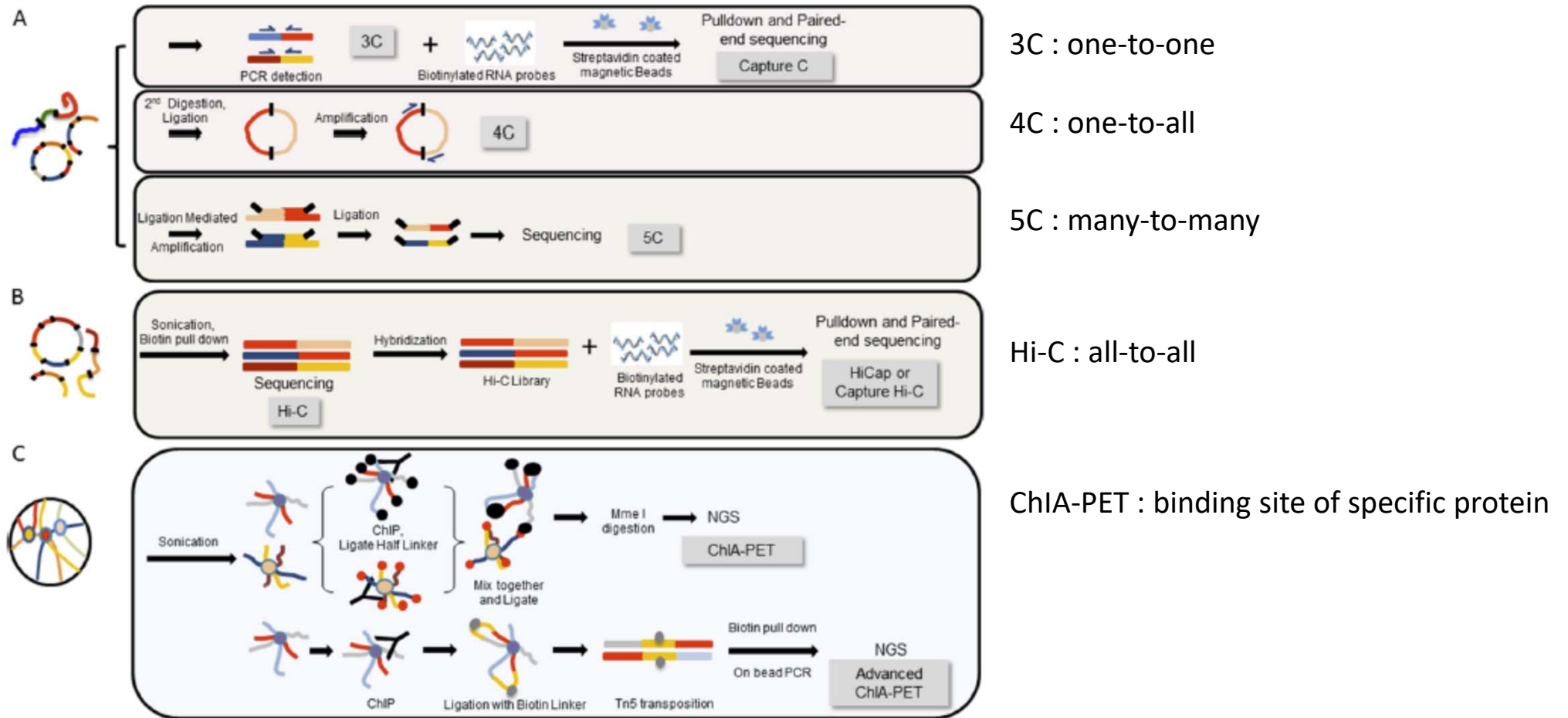
2018年 第四回バイオインフォマティクス実習

NGSデータ解析
先端医科学研究センター
バイオインフォマティクス解析室 中林潤

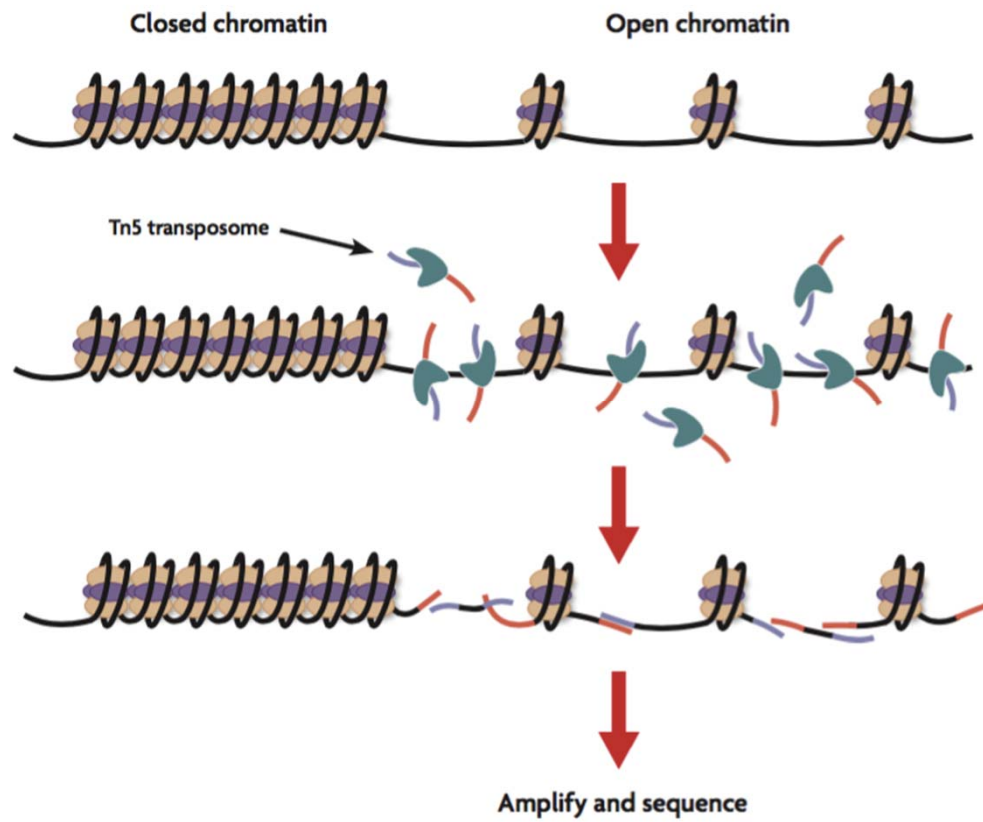
chromatin structure



3C based technologies



ATAC-seq



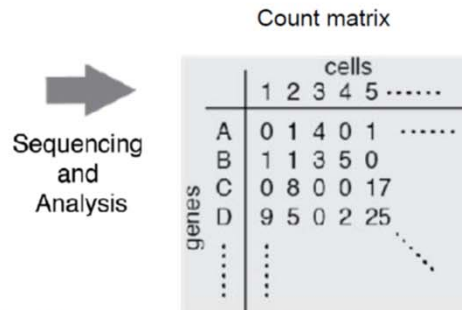
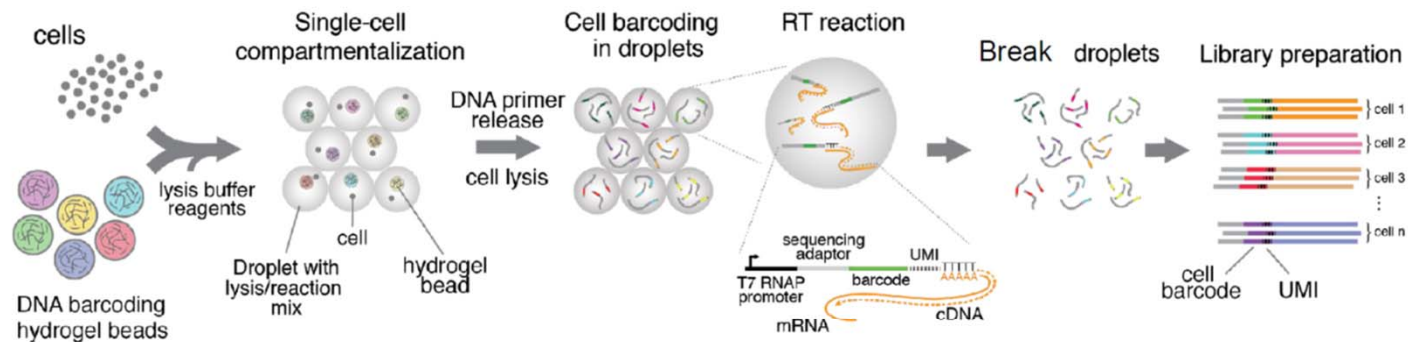
genome wide analysis of open chromatin region

<https://www.activemotif.jp/catalog/1233/atac-seq-service>

single cell RNA-seq (scRNA-seq)

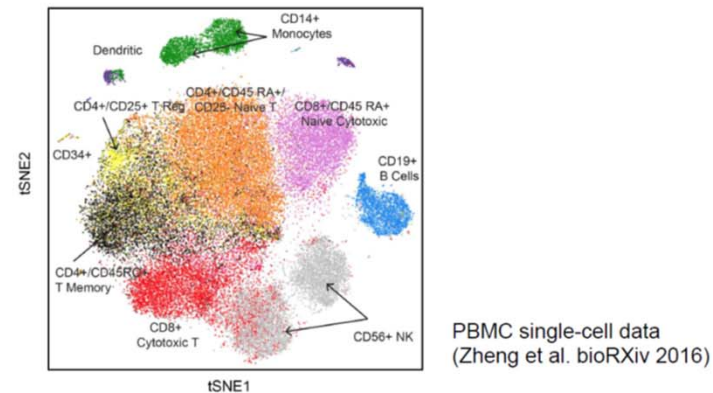
Single-cell RNA-seq reveals heterogeneity in expression

Measurement of gene expression at resolution of single cells



Sequencing and Analysis

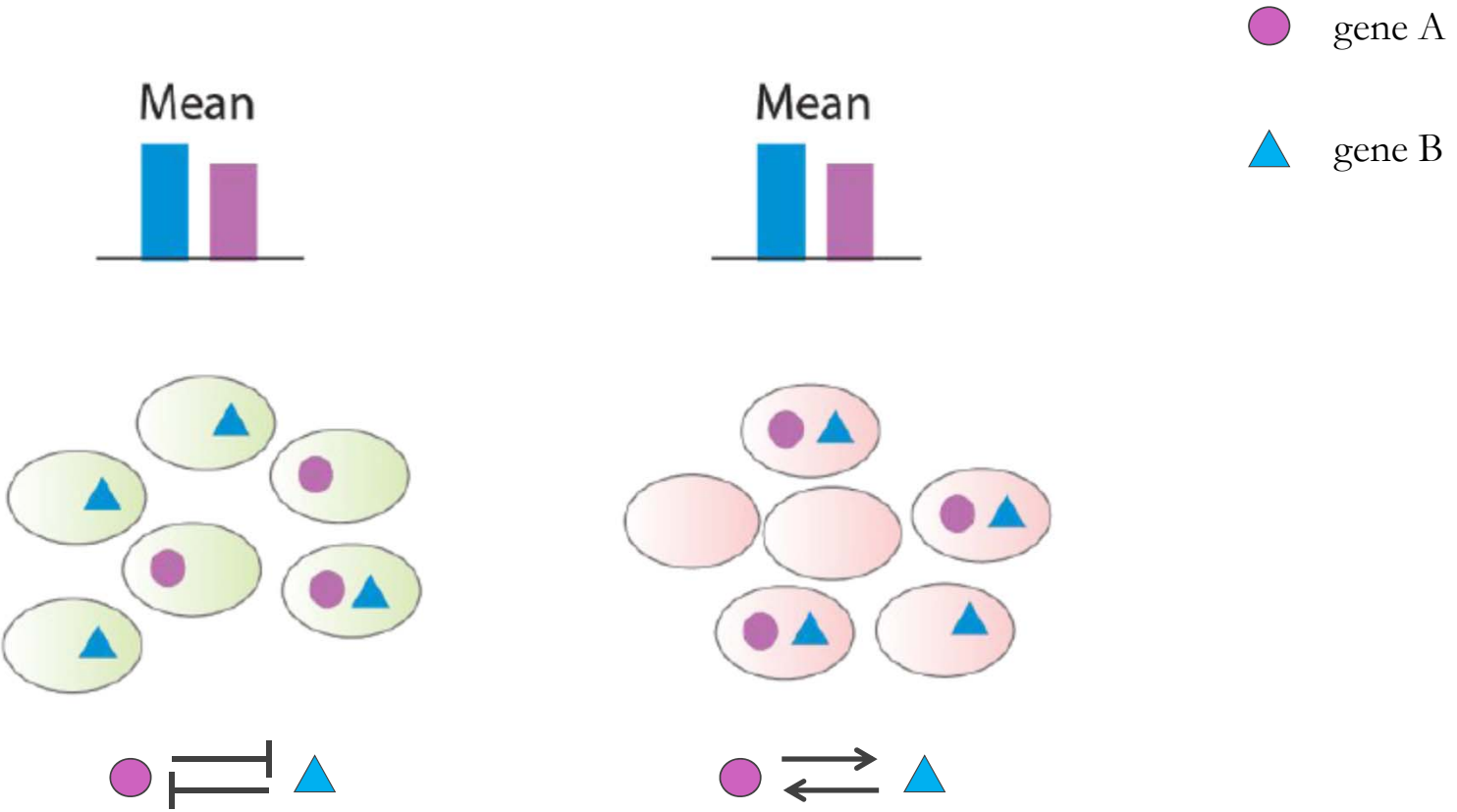
Allows characterizing novel cell types and functions based on heterogeneity



indrop (Klein et al *Cell* 2015)

scRNA-seq reveals heterogeneity of gene expression

A

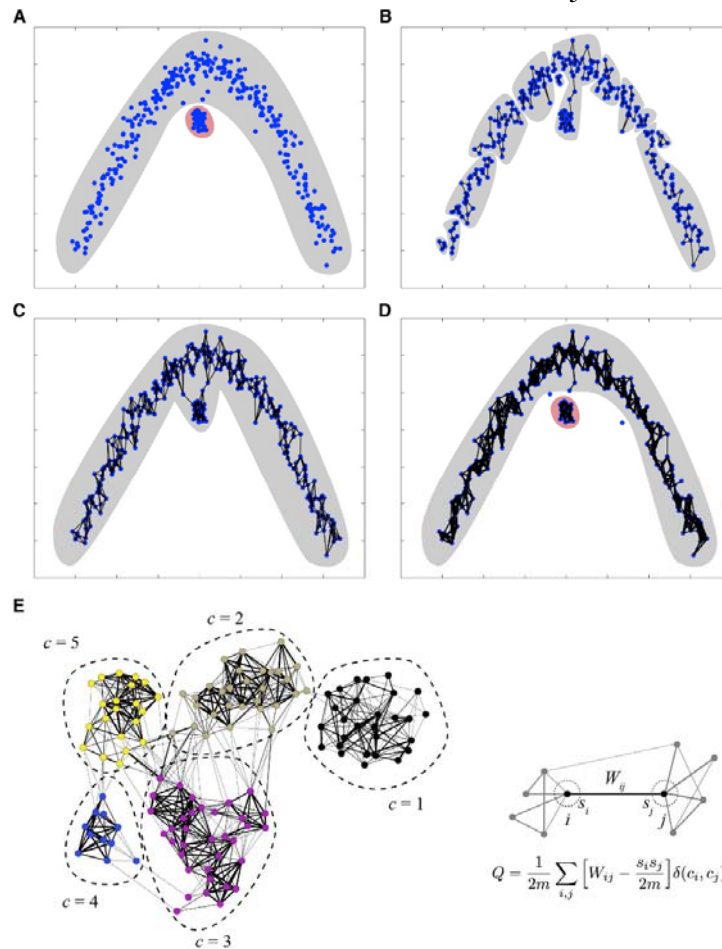


scRNA-seq data analysis

- Phenograph : グラフ理論に基づいて細胞を遺伝子発現プロファイルによってクラスタ化する
- 遺伝子発現データを二次元に次元縮約
- 二次元平面状でネットワークを構築
- 遺伝子発現プロファイルに似た細胞は近くに、似ていない細胞は遠くに配置される
- ネットワークの構造に基づいて細胞をクラスタ化する

Phenograph

Data driven phenotypic dissection of AML reveals progenitor like cells that correlate with prognosis.
Levine JH et al. *Cell* 2015;162:184–197.



dimensional reduction



construction of graph



clustering depending on graph structure

Rtoolsのインストール

<https://cran.r-project.org/bin/windows/Rtools/>
からRtoolsインストーラーをダウンロードし、実行する

Rphenograph packageのインストール

```
R
```

```
> Sys.setenv(http_proxy="http://proxy.med.yokohama-cu.ac.jp:8080")  
> install.packages("devtools")  
> library(devtools)  
> devtools::install_github("JinmiaoChenLab/Rphenograph")  
> library(Rphenograph)
```

データの読み込み

- 課題配布フォルダから遺伝子発現データ“expressionData.txt”を自分のデスクトップにドラッグアンドドロップしてコピーする
- マウス大脳皮質、500細胞

```
R _ □ X  
> x <- read.table("Z:/デスクトップ/expressionData.txt", header = T, sep = "¥t") ↵
```

phonographを実行

R



```
> x_out <- Rphenograph(t(x), k = 10) ↵  
> membership(x_out[[2]]) ↵
```

t-SNEで次元縮約

```
R
```

```
> install.packages("Rtsne") ↵  
> library(Rtsne) ↵  
> x_tsne <- Rtsne(t(x)) ↵
```

二次元平面にプロット

R



```
plot(x_tsne, col = x_out, pch = 20) ↵
```