

バイオインフォマティクス実習 体験実習

2019/04/11

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

体験実習の内容

- バイオインフォマティクス実習の説明
- PCの基本的操作方法

日程とタイトル

- 第1回 5月9日(木)
「RNA-seqデータ解析 シーケンスデータのマッピング、カウント、可視化」
- 第2回 7月4日(木)
「RNA-seqデータ解析 発現変動遺伝子同定、遺伝子の機能推定」
- 第3回 9月5日(木)
「scRNA-seqデータ解析 データ処理、細胞のクラスタ化」
- 第4回 11月14日(木)
「ATAC-seqデータ解析 マッピング、モチーフ解析」
- 第5回 2020年1月9日(木)
「Whole exome解析 マッピング、SNP解析」

第1回 「RNA-seqデータ解析 シーケンスデータのマッピング、カウント、可視化」

- 次世代シーケンスデータの基本的な操作方法
- マッピングソフトbowtieを使ってマッピング
- 配列のカウント
- Integrative Genomics Viewerを使って表示

第2回 「RNA-seqデータ解析 発現変動遺伝子同定、遺伝子の機能推定」

- 遺伝子発現の二群間比較、統計ソフトRを用いて発現変動遺伝子の抽出を行う
- グラフ描画ソフトcytoscapeのpluginを使って抽出された遺伝子のGO解析を行う

第3回 「scRNA-seqデータ解析 データ処理、細胞のクラスタ化」

- 統計解析ソフトRのSeuratパッケージを使ってscRNA-seqデータの解析を行う
- 細胞のクラスタ化

第4回 「ATAC-seqデータ解析 マッピング、モチーフ解析」

- bowtie2を使ってシーケンスデータをマッピング、オープンクロマチン領域の同定を行う
- オープンクロマチン領域の配列を取得し、モチーフ解析を行う

第5回 「Whole exome解析 マッピング、SNP解析」

- bowtie2を使ってマッピング、1塩基置換を検出します
- SNP領域のアノテーションを行う

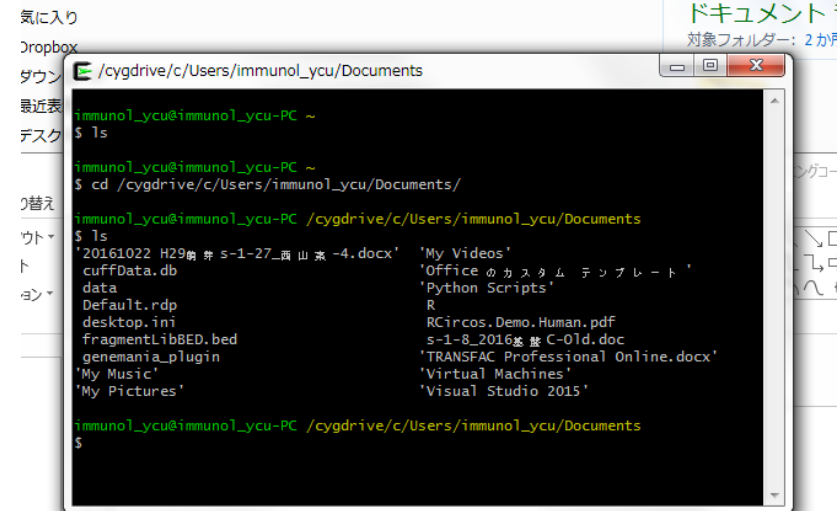
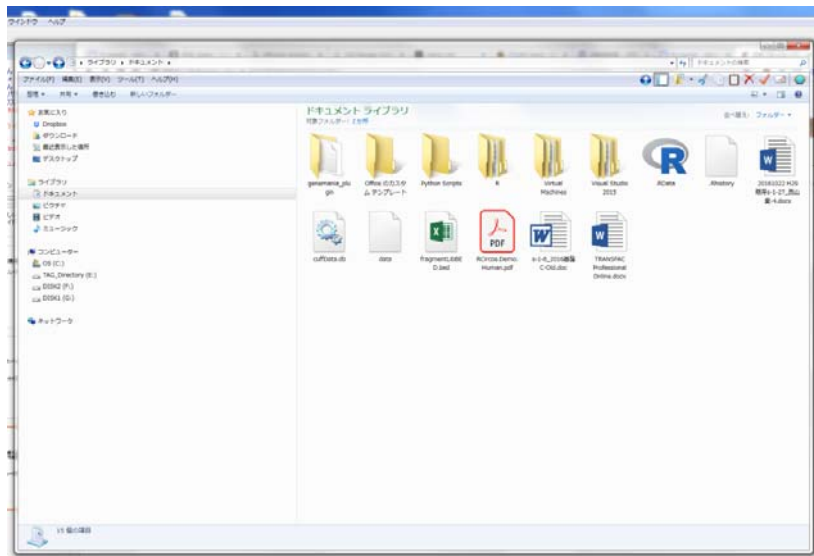
PCの基本的操作

- Graphical User Interface (GUI)

コンピュータのディスプレイ上で、アイコンや画像などを多用し、マウスなどのポインティングデバイスで直感的操作を可能とするユーザーインターフェース

- Character User Interface (CUI)

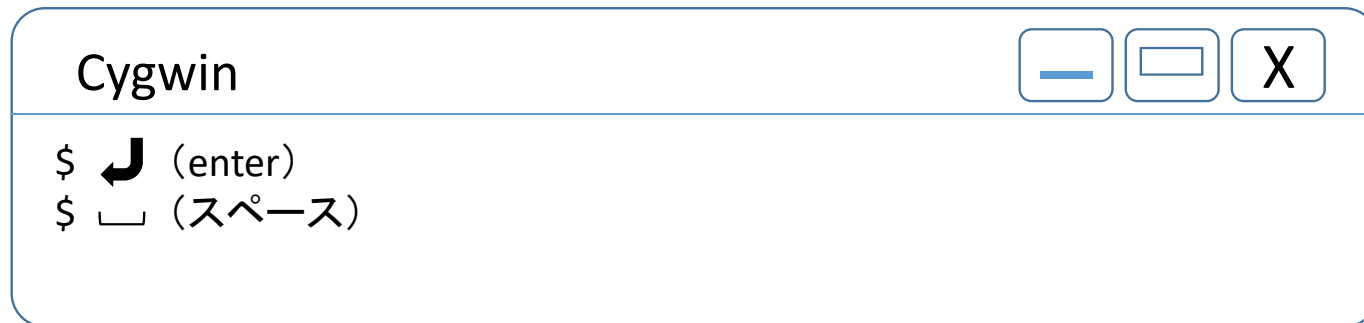
コマンドや情報を文字によって表示し、コンピュータの操作を行うユーザーインターフェース



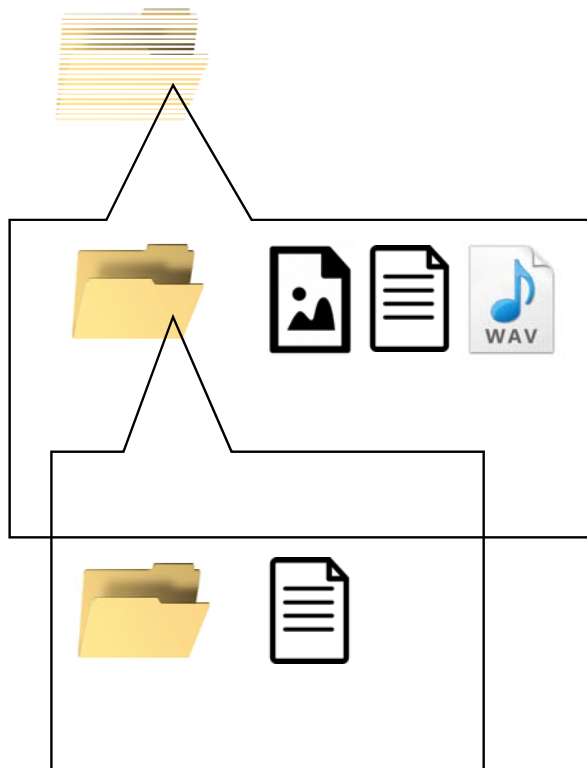
ターミナル(端末)

- CUI環境を提供するプログラム
- ターミナル上でコマンドを入力して、プログラムを実行する。
- 実行結果がターミナル上に文字で表示される。
- 全てのプログラム～ネットワークツール～仮想UNIX環境をクリックして実行

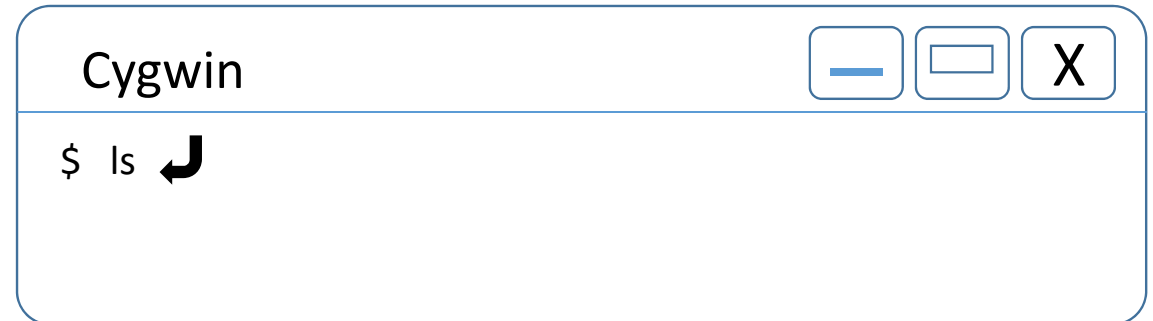
Cygwin terminal



フォルダの階層構造

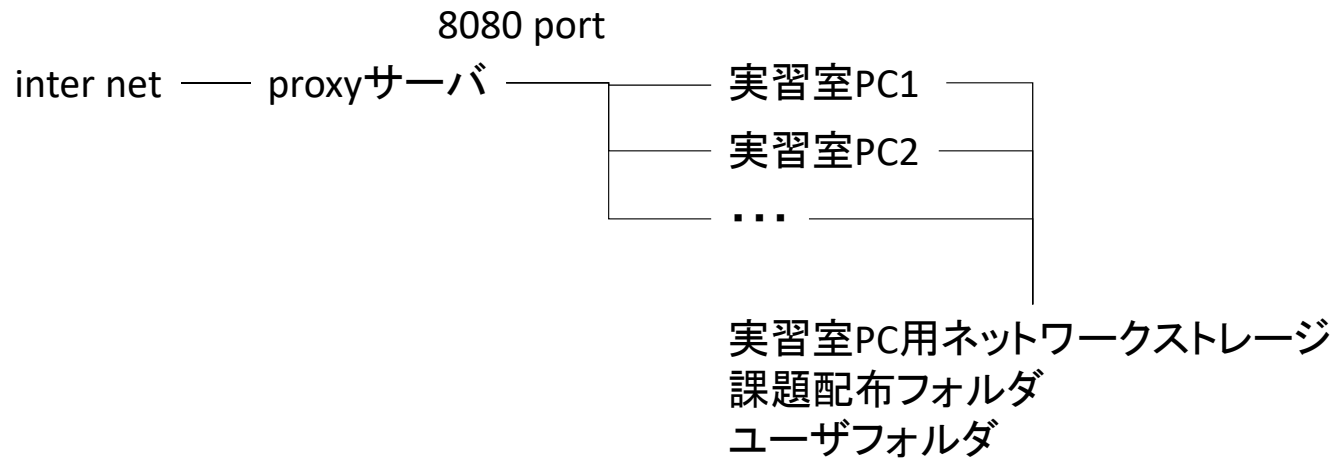


Z: Desktop
Document



ls : フォルダ内のファイル名を表示するコマンド

横浜市大学内LAN



```
Cygwin  
$ export http_proxy="http://proxy.med.yokohama-cu.ac.jp:8080" ↵
```

proxyサーバの設定

統計解析ソフトR

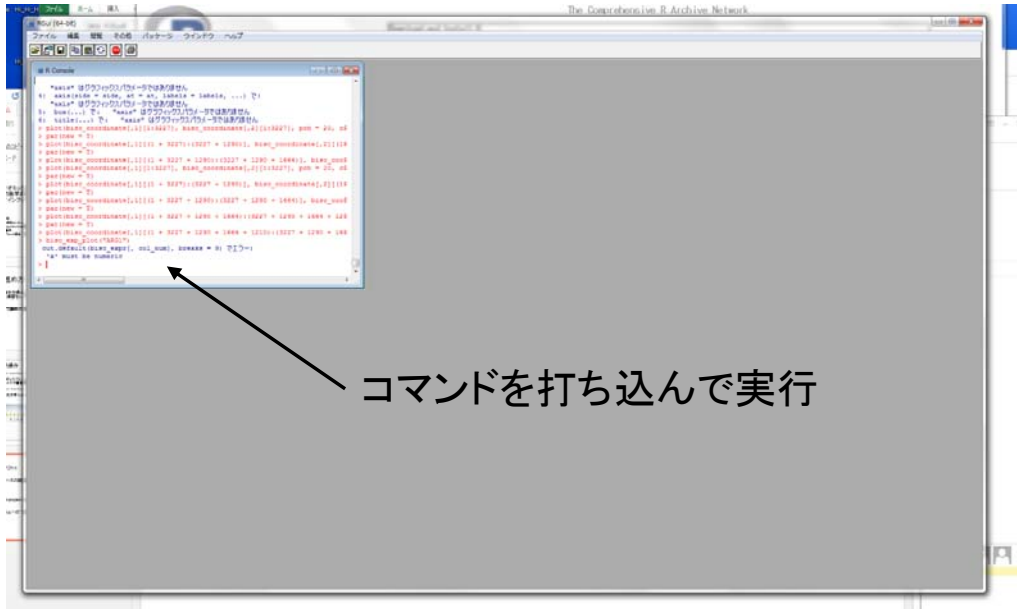
- オープンソースの統計解析ソフトウェア

- 配布元

<https://cran.r-project.org>

- スタートメニューからRをダブルクリックして起動

Rのコンソール



R console



```
> 13 + 15 ↵  
> x <- 13 ↵  
> y <- 15 ↵  
> x+y ↵
```

- アンケートにご協力ください。

PCから

<https://forms.office.com/Pages/ResponsePage.aspx?id=Zm1jvv7LuEGJXO5cvYvHVV75Gk9vxPxDqSC8UBYN8v1UNEJXTU1RWFVQWTM2RzJEWkRGTEVPR0o4RS4u>

スマートフォンから



- 既に手続き済みで、実習への参加を取りやめる方は事務局までご連絡ください
ycu_bi00@yokohama-cu.ac.jp