

CYTOSCAPEを使った データの可視化

統合データベース講習会：AJACS富山

2013年8月30日

(独) 科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター
櫛田達矢

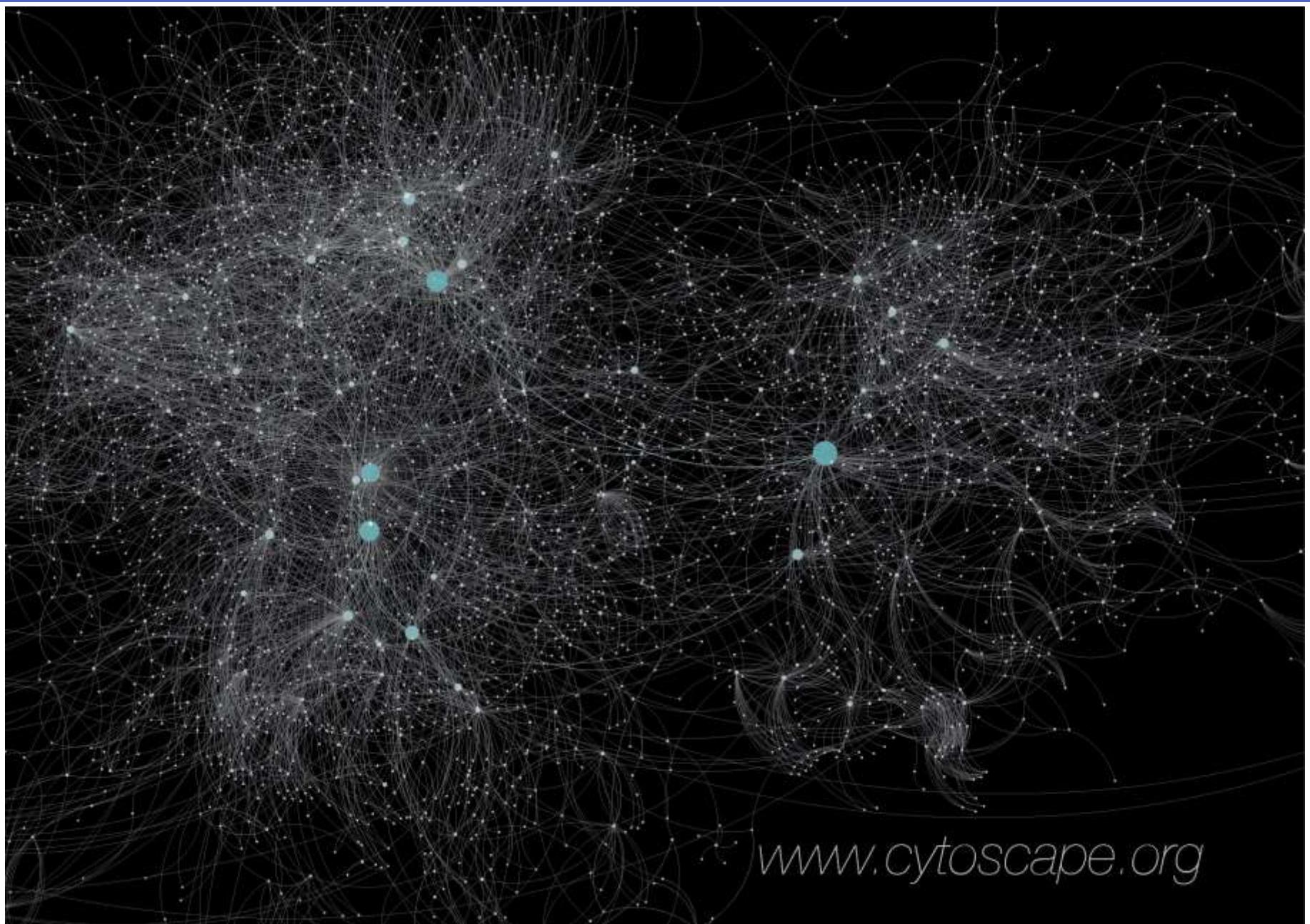
ライフサイエンスデータの可視化

- ゲノムの位置情報（ゲノムブラウザ）
- 発現部位表示
- 系統樹
- ヒートマップ
- パスウェイ、ネットワーク
 - 代謝マップ
 - シグナル伝達マップ
 - 遺伝学的相互作用
 - タンパク質-タンパク質相互作用
 - 転写制御ネットワーク
 - ...
- ...

可視化とは？
人間が直接「見る」ことのできない現象・事象・関係性、機能などを画像、グラフ、図などで表現すること

Cytoscapeが
取り扱う領域

「モノ」と「モノ」、
「コト」と「コト」、「モ
ノ」と「コト」の関係を表す。



この資料の概略

- **Cytoscapeについて（スライド1～16）**

- 特徴、機能

- **基本操作（スライド17～30）**

- ファイルを開く、ノード、エッジの書式編集

- **パスウェイの描き方（スライド31～44）**

- 既存パスウェイデータの活用
 - テキストエディタやExcelを使ったパスウェイデータ作成

- **レイアウト機能（スライド45～50）**

- **データ解析の例（スライド51～61）**

- **プラグイン紹介（スライド62～68）**

- **TIPS（スライド69, 70）**

- **参考資料（スライド71～73）**

Cytoscapeについて

Cytoscapeとは？

- Cytoscape: An Open Source Platform for Complex Network Analysis and Visualization
- 開発者
 - http://www.cytoscape.org/development_team.html
- マニュアル
 - http://cytoscape.org/manual/Cytoscape_2_8Manual.html
 - http://wiki.cytoscape.org/Cytoscape_3/UserManual
- 最新版（2013年8月20日現在）
 - 3.0.2
 - <http://www.cytoscape.org/download.html>

Cytoscapeの特徴と機能

- 様々な標準化データ（フォーマット）に対応
- ウェブサービスへの技術提供
- セッションファイルの取扱
- データの相互運用
- ✓ • 柔軟なデータ可視化機能（VizMapper™）
- 画像データ出力
- ✓ • 豊富なグラフの自動レイアウト
- パスウェイ検索機能
- ブラウジング機能
- フィルタリング機能
- 部分パスウェイ、モジュール構造の発見
- ✓ • Apps（プラグイン）による機能追加（データ分析機能など）
- 多言語対応

様々な標準化データ（フォーマット）に対応

Open Biological Ontology

- SIF, XGMML, GML, SBML, PSI-MI, BioPAX, Excel, OBO, etc.

グラフ表記のフォーマット

Systems Biology Markup Language

Biological Pathway Exchange

Proteomics Standard initiative
Molecular Interaction



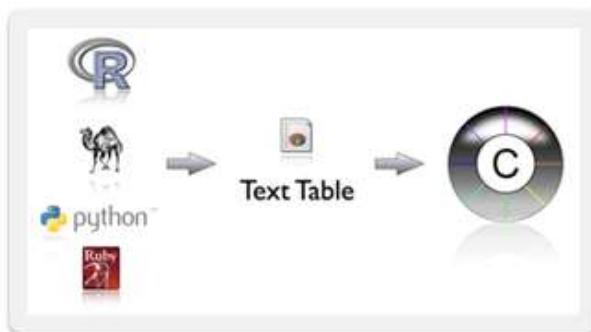
各種データの再利用を容易にする

ウェブサービスへの技術提供



データの相互運用

- 使用例（Rのigraphパッケージを利用した複雑ネットワーク解析の紹介）
 - <http://cytoscape.seesaa.net/article/47154734.html>

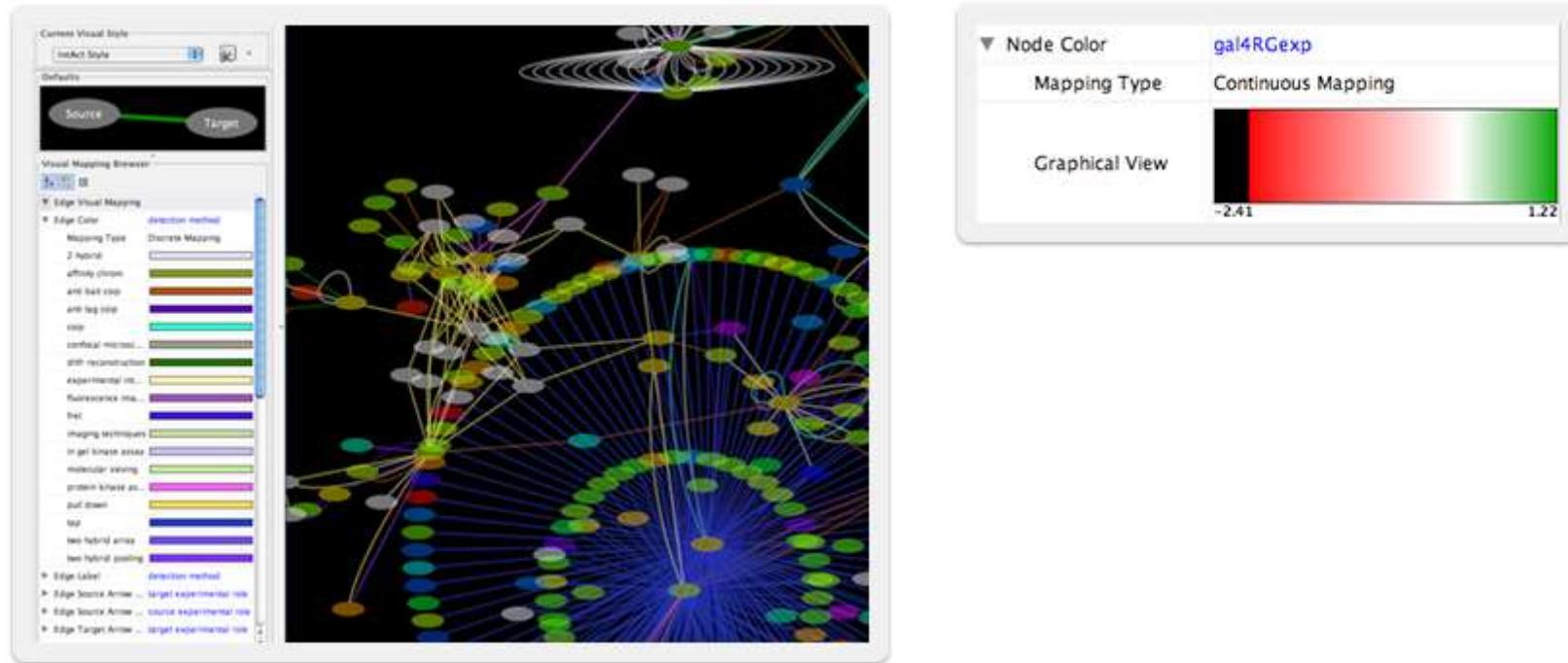


セッションファイルの取扱

グラフ（パスウェイ、ネットワーク）のノード、エッジの属性、画面サイズ、解析結果を一括保存



柔軟なデータ可視化機能 (VizMapper™)

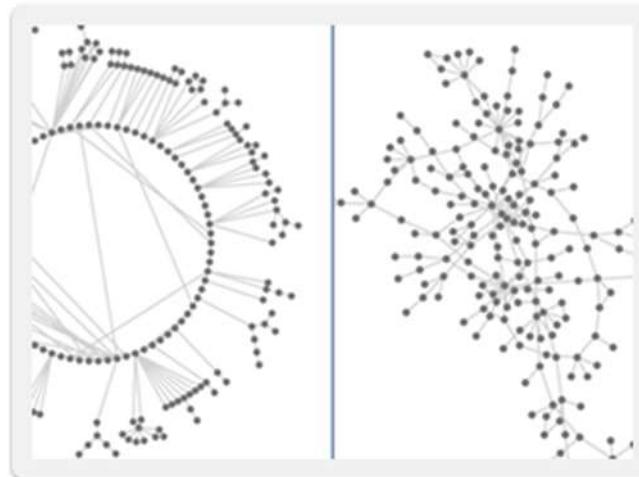


- Visual Style : 名前、タイプ、度数、頻度、発現量などの属性データを、ノードやエッジの色、大きさ、形、フォントタイプで表現。
- VizMapper™はそのインターフェイス。

画像データ出力

- PDF, EPS, SVG, PNG, JPEG, BMP の各種画像フォーマットで出力可能

豊富なグラフの自動レイアウト



Circular

Organic

- Cytoscapeオリジナル、yfilesなどのレイアウトを実装

パスウェイ検索機能

The screenshot shows a software interface for searching pathways. At the top, there is a search bar with the text "Search: cell wall (sensu thi...)" and an "ESP:" dropdown menu. Below the search bar is a list of search results:

- carbamoyl-phosphate synt... 2 hits
- ccaaat-binding factor complex 3 hits
- cellular_component 9 hits
- cell wall (sensu the fungi re... 2 hits
- central plaque of spindle pol... 1 hit

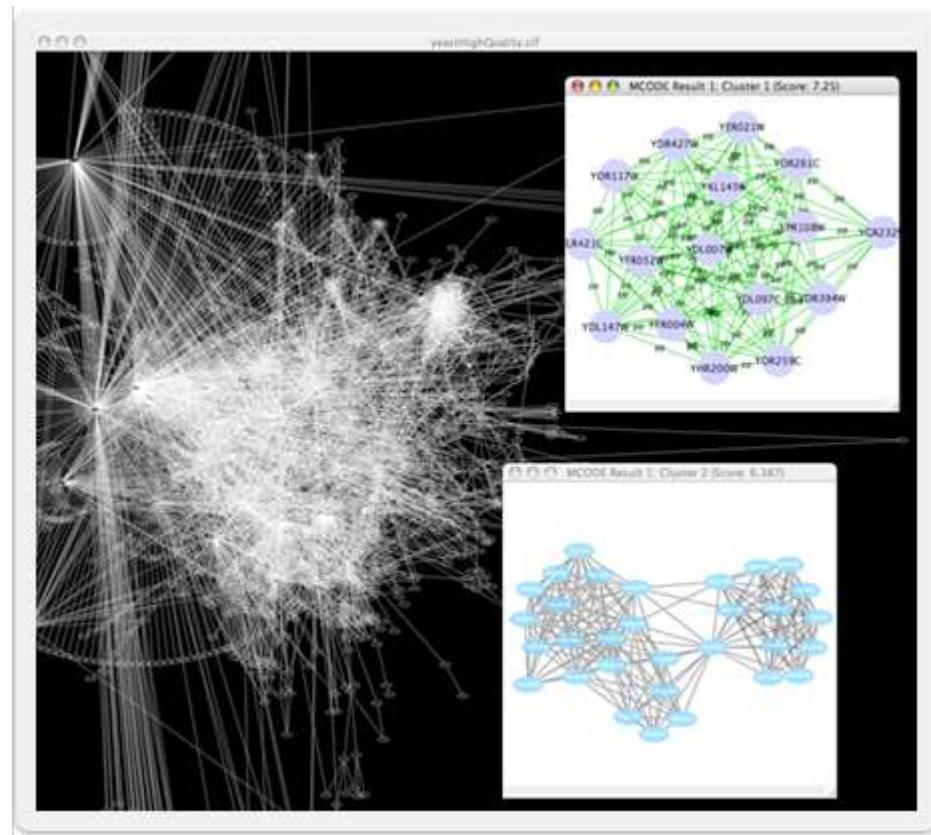
Below this is another search bar with the text "ESP: (KEGG AND mapk*) AND nucleus". The main area is titled "Data Panel" and contains a table with the following data:

ID	annotation.GO_CELLULAR_COMPONENT	Pathway
YHR030C	[cellular bud tip, cytoplasm, nucleus]	[KEGG pathway: MAPK signaling pathway]
YHR084W	[nucleus]	[KEGG pathway: MAPK signaling pathway]
YPL089C	[nucleus]	[KEGG pathway: MAPK signaling pathway]
YMR043W	[nuclear chromatin, nucleus]	[KEGG pathway: MAPK signaling pathway]
YDR103W	[cytoplasm, mating projection tip, ...]	[KEGG pathway: MAPK signaling pathway]
YJL157C	[cytoplasm, mating projection tip, ...]	[KEGG pathway: Cell cycle - yeast, KEGG pathw...]
YER111C	[nucleus]	[KEGG pathway: Cell cycle - yeast, KEGG pathw...]

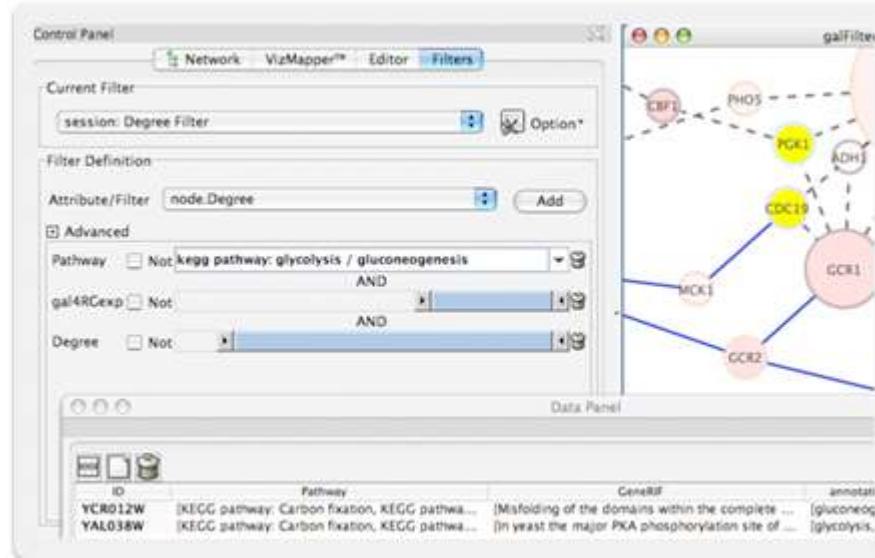
- ノードやエッジ（の属性）に対するキーワード検索を実装
- And/or検索、前方一致、後方一致などにも対応

ブラウジング機能

- ・パスウェイ上の任意の箇所のズームイン/アウト、ピックアップ。
- ・パスウェイの統合。
- ・100,000以上のノードとエッジからなるパスウェイに対するスムーズなナビゲート。

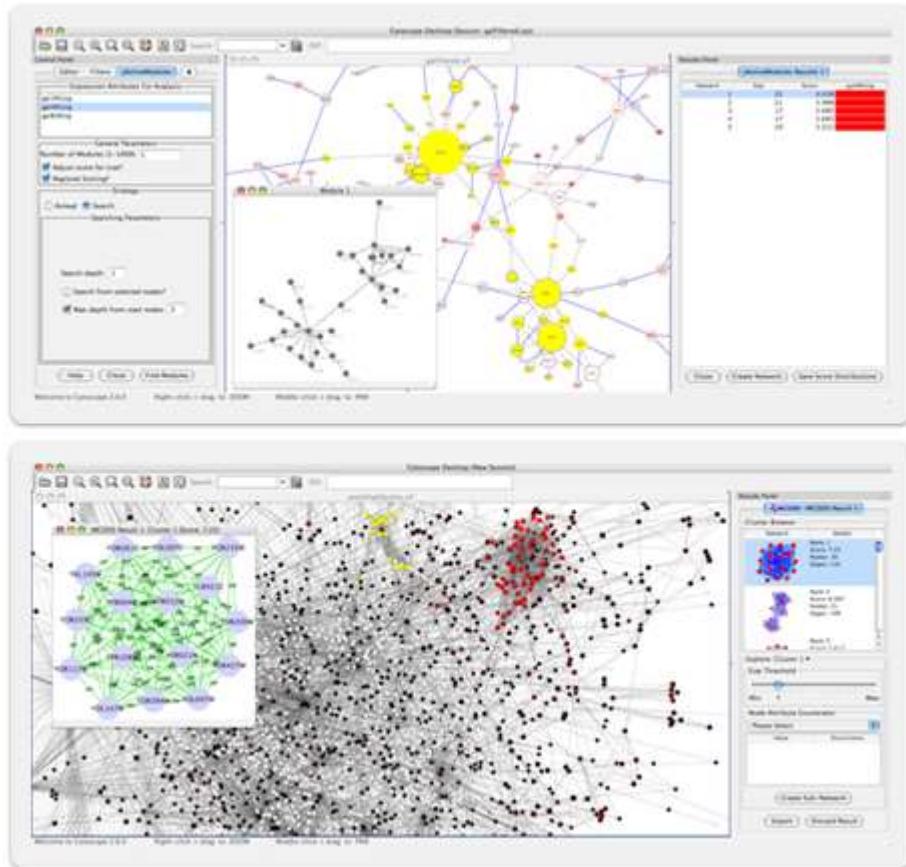


フィルタリング機能



- ノードやエッジの属性情報に対して、データの閾値（発現量、p値など）に基づくノードやエッジの抜出し（新規ネットワークの作成）が可能

部分パスウェイ、モジュール構造の発見

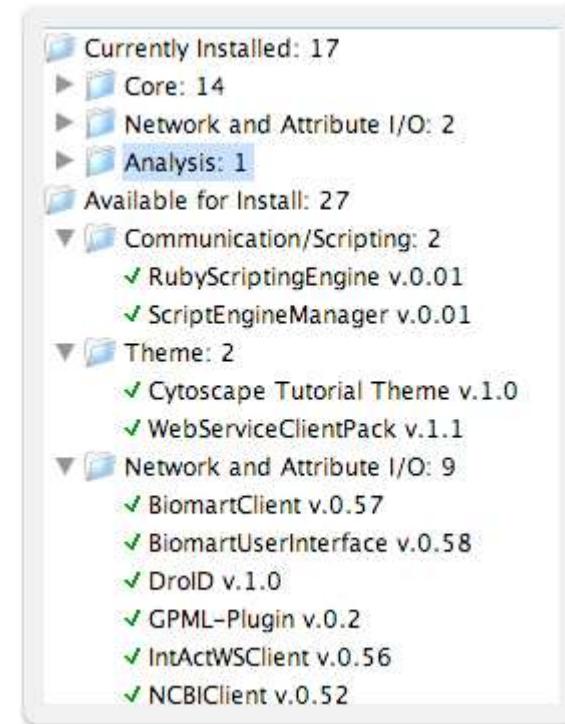
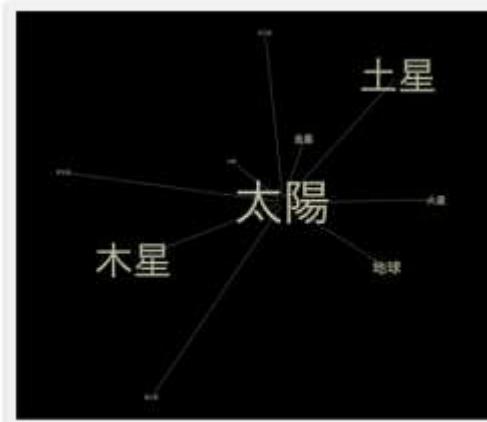


- (特定のプラグインを用いることで、) 遺伝子ネットワーク内で特徴的に発現しているパスウェイの部分構造（サブパスウェイ）や、PPIにおける複合体、およびProtein similarity networkにおけるプロテインファミリーのクラスター発見を可能にする。

Apps (プラグイン) による機能追加 (データ分析機能など)

- ・多数のデータ解析、インポート、可視化のプラグインが利用可能。
- ・プラグインマネージャーにより簡単に導入可能。
- ・最新の解析アルゴリズムがプラグインとして活用できることも！

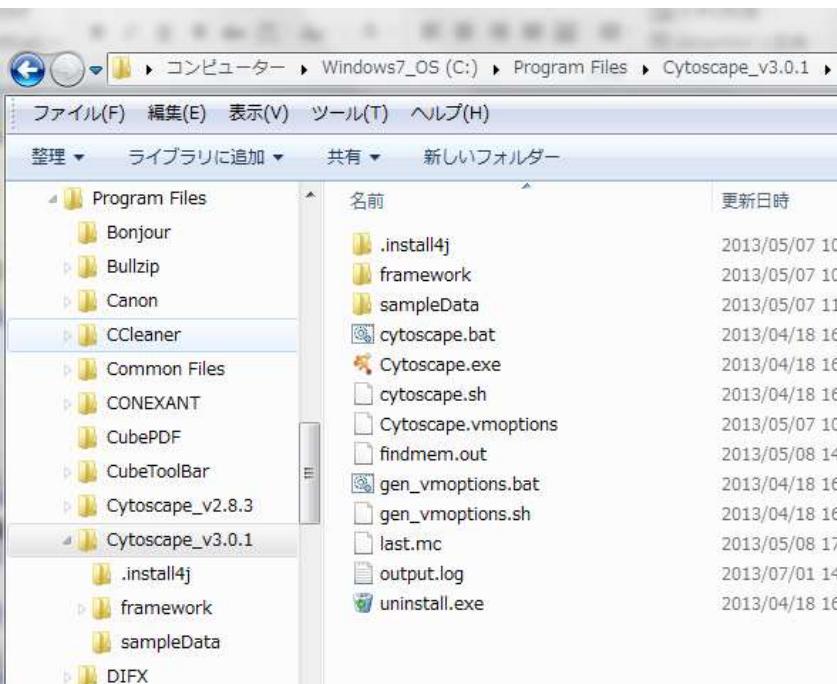
多言語対応



基本操作

使用メモリー量の設定 1 of 2

- 取り扱うネットワークの大きさ（ノード数+エッジ数）によってメモリーの設定を調整したほうがよい。
- ファイルCytoscape.vmoptions（例、C:¥Program Files¥Cytoscape_v3.0.1にある）をテキストエディタで開き、例えば、「Xmx***」を「Xmx1G」に修正する。



-Xmx1G

http://www.cytoscape.org/manual/Cytoscape3_0_1Manual.pdf

の6ページ参照

追加実習1. Cytoscape.vmoptionsの中身を確認してみましょう。

使用メモリー量の設定 2 of 2

ネットワークの大きさと推奨されるメモリーサイズ (Xmx) の目安

オブジェクト数 (ノード数+エッジ数)	推奨される メモリーサイズ (Xmx)
0 - 20,000	512M
20,000 - 70,000	800M
70,000 - 150,000	1G

レイアウト機能を使った際に「メモリーエラー」が起こる場合は、 Cytoscape.vmoptionsで、ヒープサイズ (Xss) を指定する。



-Xmx1GB -Xss10M

Macの場合の対応は、以下を参照

- http://wiki.cytoscape.org/How_to_increase_memory_for_Cytoscape#

起動

実習1. Cytoscape.exe (例、C:\Program Files\¥Program Files¥Cytoscape_v3.0.1) を選択 (ダブルクリック) して起動してみましょう。

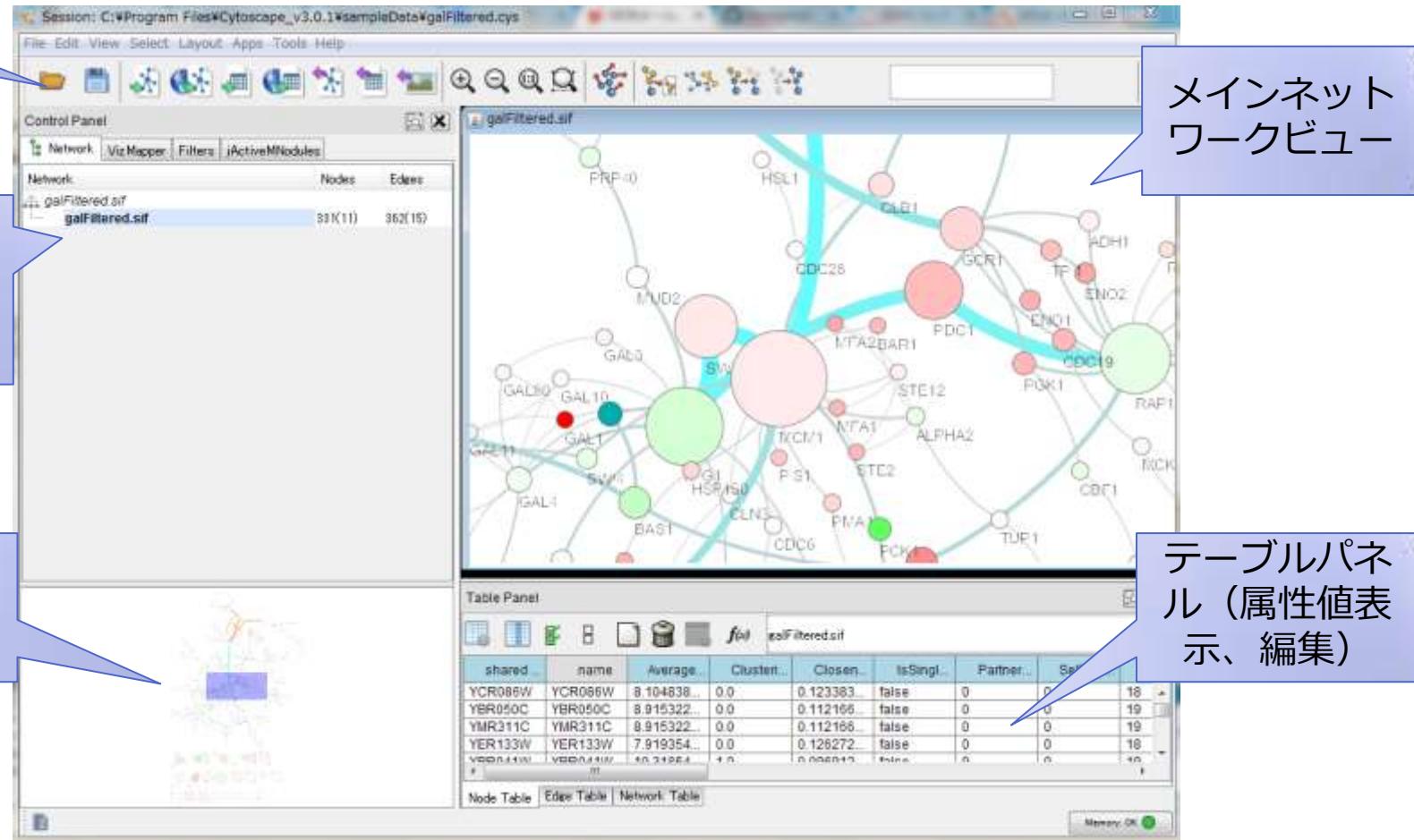
メニュー

メインネットワークビュー

コントロールパネル (ノードやエッジのグラフィック編集など)

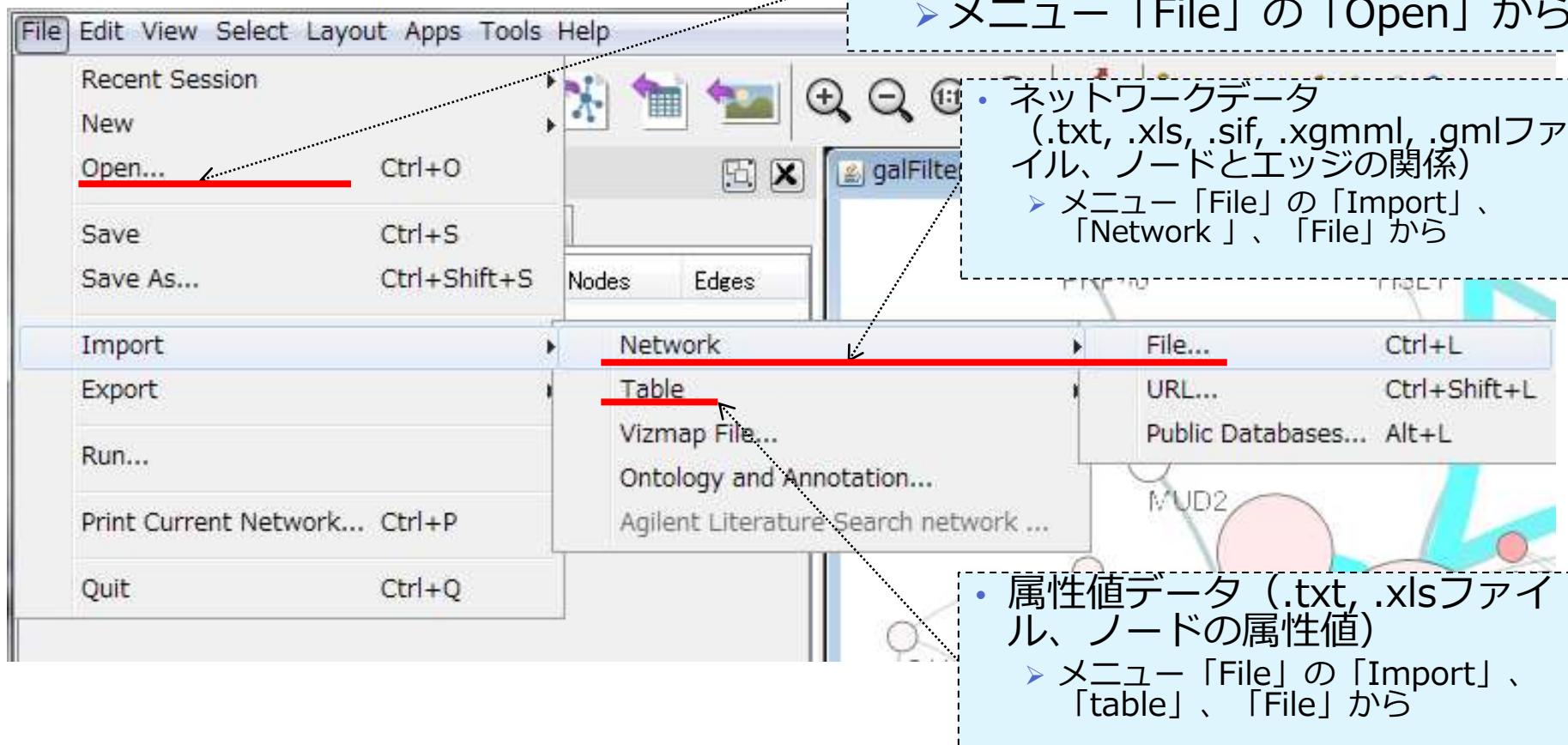
ネットワークの全体表示

テーブルパネル (属性値表示、編集)



*図はファイルを開いた後の表示。

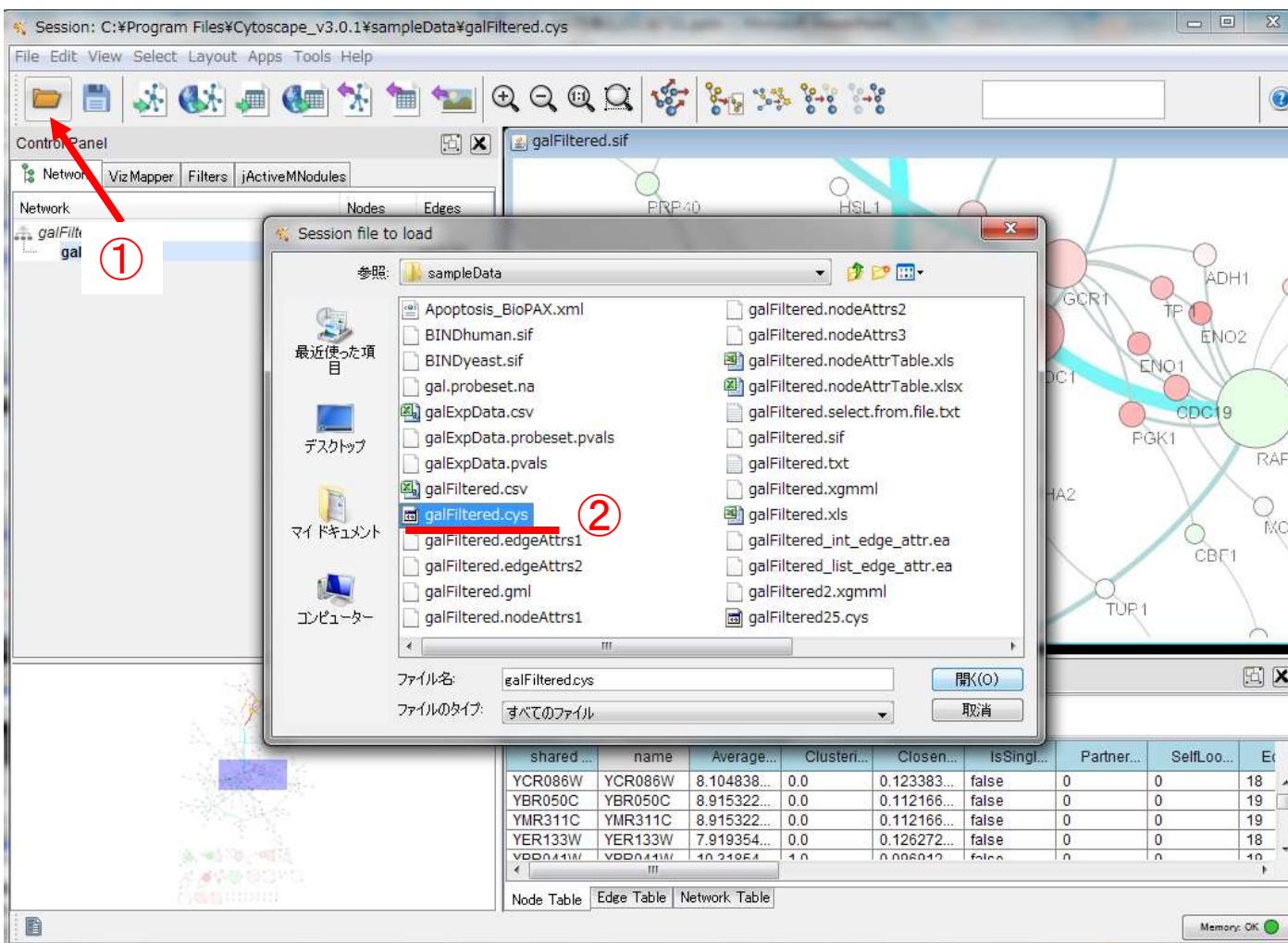
ファイル別のデータの読み込み



実習2. Cytoscapeフォルダにあるサンプルデータのフォルダ（例、 C:\Program Files\Cytoscape_v3.0.1\sampleData）の「galFiltered.cys」、「galFiltered.sif」、「galFiltered.txt」、「galFiltered.xls」をテキストエディタで開いて中身を確認してみましょう。

.cysファイルを開く

ここから実習 3



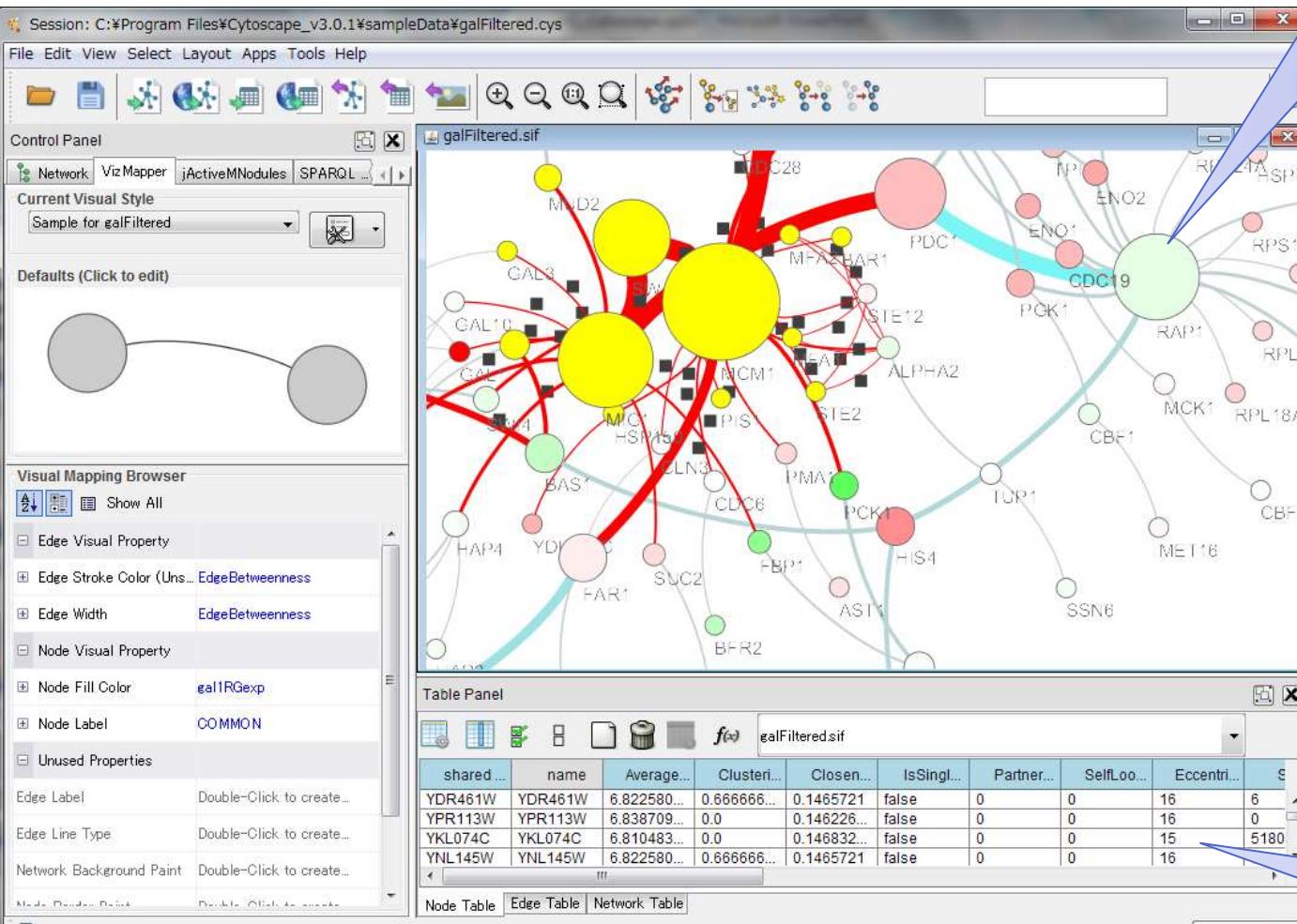
- ①メニュー「File」、「Open」を選択。
もしくは、フォルダアイコンを選択。
- ②Open a Session Fileのウィンドウから
「galFiletered.cys」を選択。

サンプルデータ（galFiltered.cys）の概要

- 生物種は出芽酵母
- 転写因子 Gal1, Gal4, Gal80などを遺伝子ノックアウトした株（遺伝子摂動株）を対象にマイクロアレイ遺伝子発現量解析をおこなった。
- 各遺伝子の遺伝子発現量を、既知のタンパク質-タンパク質相互作用および、DNA-タンパク質相互作用のネットワークに反映。
- 注目する遺伝子の発現がどのような制御を受けているかネットワーク上で確認する。
- ノード（接点）は遺伝子、ノードの色は遺伝子発現量、エッジ（接線）はタンパク質-タンパク質相互作用（pp）、もしくはタンパク質-DNA相互作用（pd）の関係を表している。

ノード（遺伝子）の情報を確認する

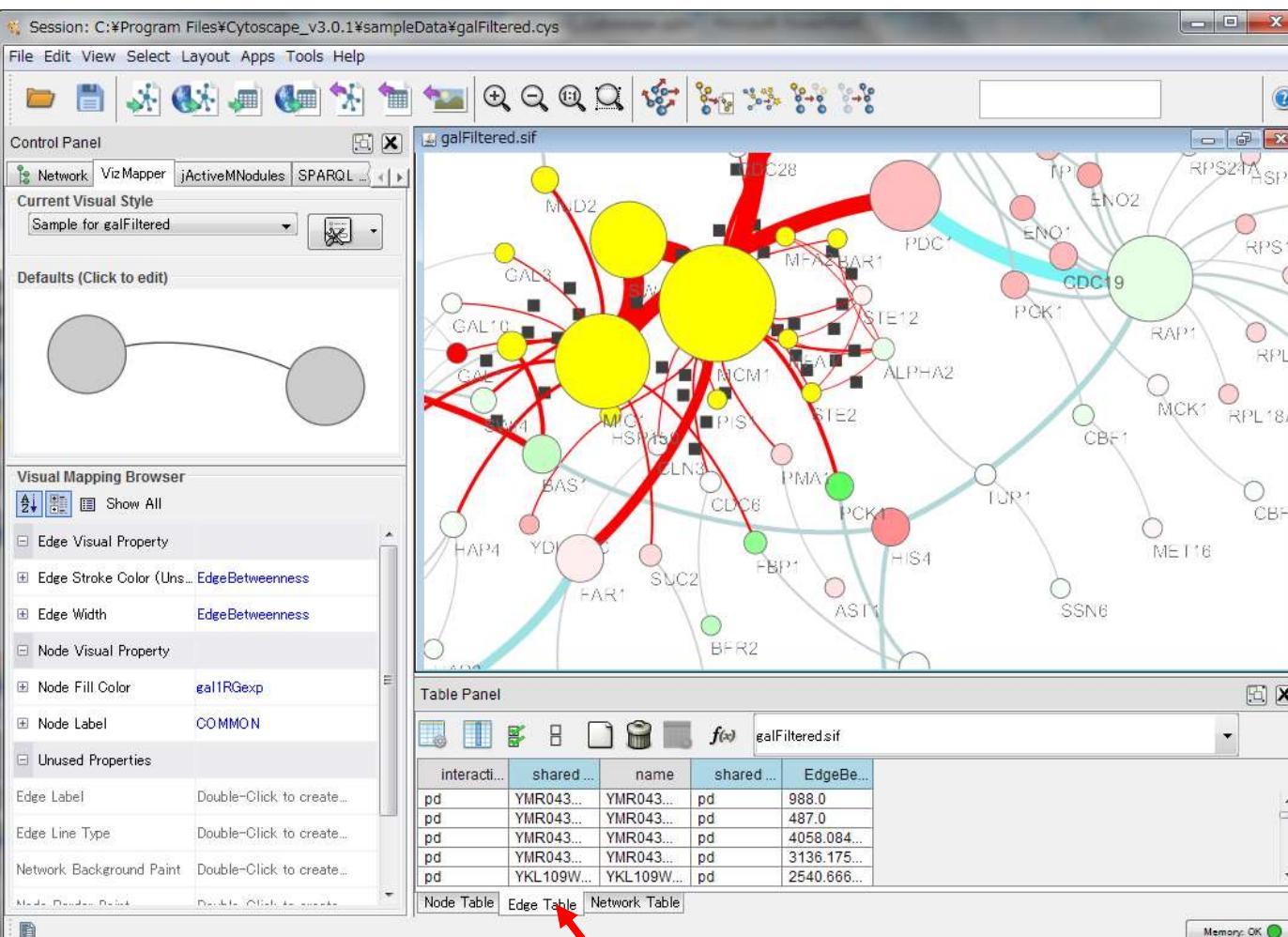
メインネット
ワークビュー



- ① メインネットワー
クビュー上で、
Shiftキーを押しな
がら、複数のノード
(接点) を選択。も
しくはマウスで範囲
指定して選択。
 - ② テーブルパネルで
ノード(遺伝子)の
属性情報を確認

テーブルパネル（属性値表示、編集）

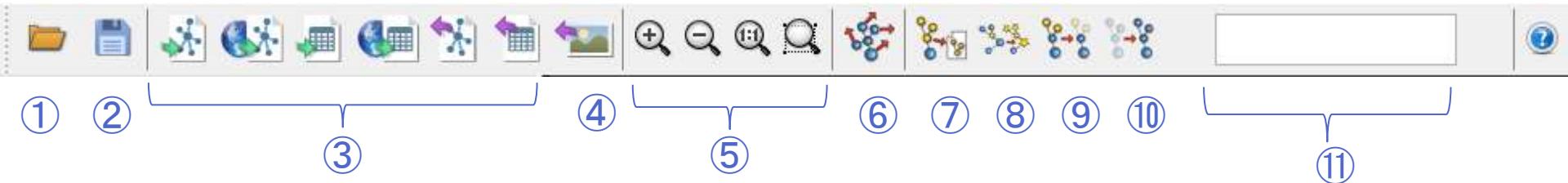
エッジ（相互作用）の情報を確認する



②

- ① メインネットワークビュー上で、Shiftキーを押しながら、複数のエッジ（接線）を選択。もしくはマウスで範囲指定して選択。
- ② テーブルパネルの「Edge Attribute Browser」を選択。
- ③ エッジ（相互作用）の属性情報を確認

メニューアイコンを使った簡単操作



- ① ファイルを開く (.cysファイル)
- ② ファイルを保存する (.cysファイル)
- ③ ネットワーク、テーブルをインポート、エクスポートする
- ④ ネットワークをJPG, JPEG, PDF, PNG, PS, SVGで保存
- ⑤ ネットワークを拡大、縮小する
- ⑥ ネットワークを力学モデルレイアウトにする (スライド49参照)
- ⑦ 部分ネットワーク (サブネットワーク) を抽出する (スライド54～61参照)
- ⑧ 選択したノードと (エッジを介して) 直結するノードを見つける (スライド59参照)
- ⑨ 選択したノード、エッジを非表示にする
- ⑩ すべてのノード、エッジを表示する
- ⑪ ノード、エッジの属性値を対象としたキーワード検索を行う
- ⑫ ヘルプファイル (マニュアル) を開く

VizMapper™を使ったノード色の編集 1 of 3

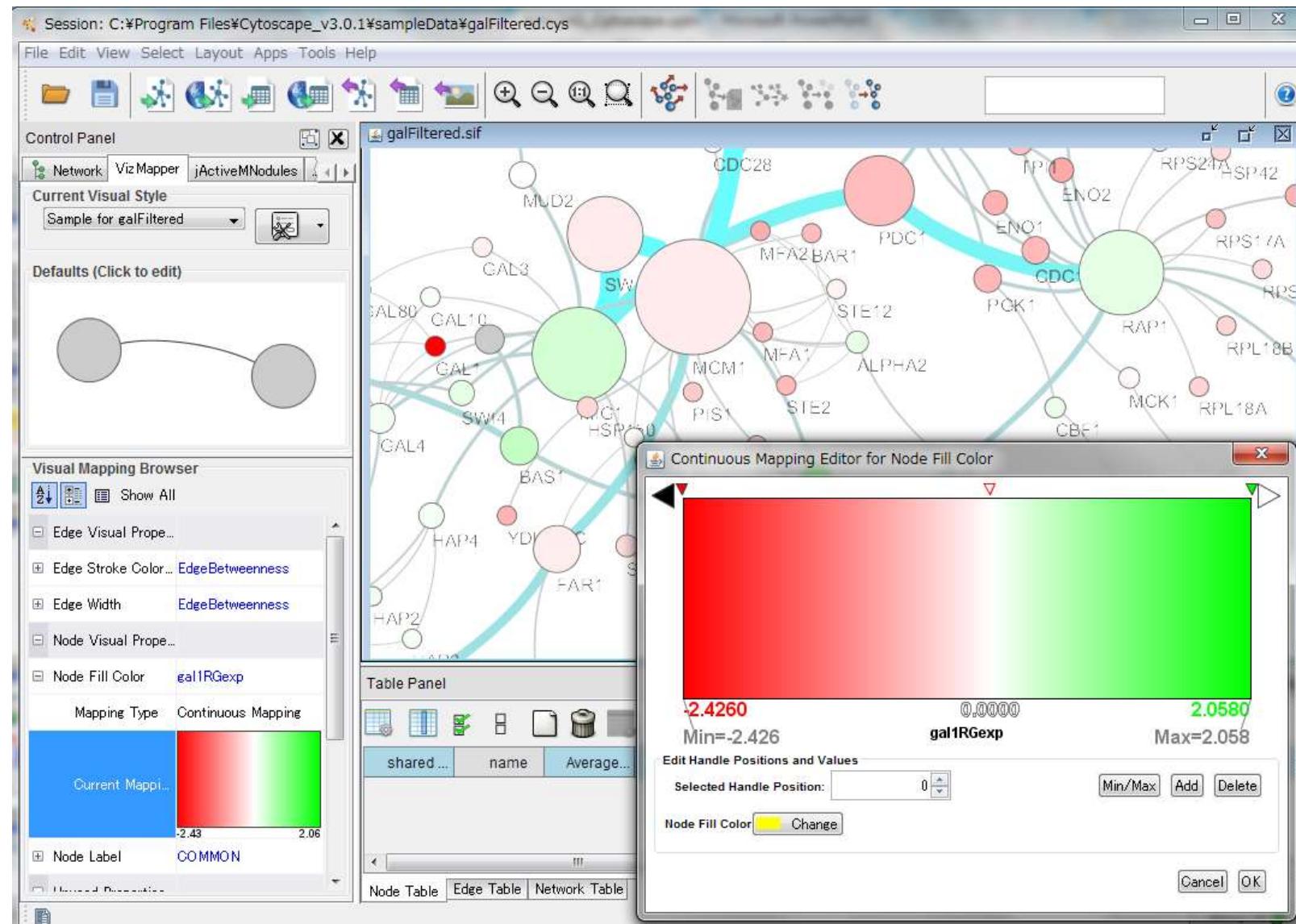
The screenshot shows the Cytoscape application window with the following components:

- Control Panel:** Shows the current session as "Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.0.1\sampleData\galFiltered.cys". It has tabs for Network, Viz Mapper (highlighted with a red arrow), jActiveMNodes, and SPARQL.
- Visual Mapping Browser:** A panel on the left with tabs for Edge Visual Property, Node Visual Property, and Node Fill Color. The Node Fill Color tab is selected, showing "gal1RGexp" as the current mapping. It includes controls for Mapping Type (set to Continuous Mapping) and a color bar ranging from red (-2.43) to green (2.06).
- Table Panel:** Displays a table titled "galFiltered.sif" with columns for interact..., shared..., name, shared..., and EdgeBe... (with data rows for pd, YMR043..., YMR043..., pd, 988.0; pd, YMR043..., YMR043..., pd, 487.0; pd, YMR043..., YMR043..., pd, 4058.084...; pd, YMR043..., YMR043..., pd, 3136.175...).
- Graph View:** The main area displays a network graph where nodes are colored according to their value in the "gal1RGexp" mapping. Nodes like PDC1, ENO1, and RPL18A are pink/red, while others like CDC19 and RAP1 are green. Edges also have varying colors and thicknesses.

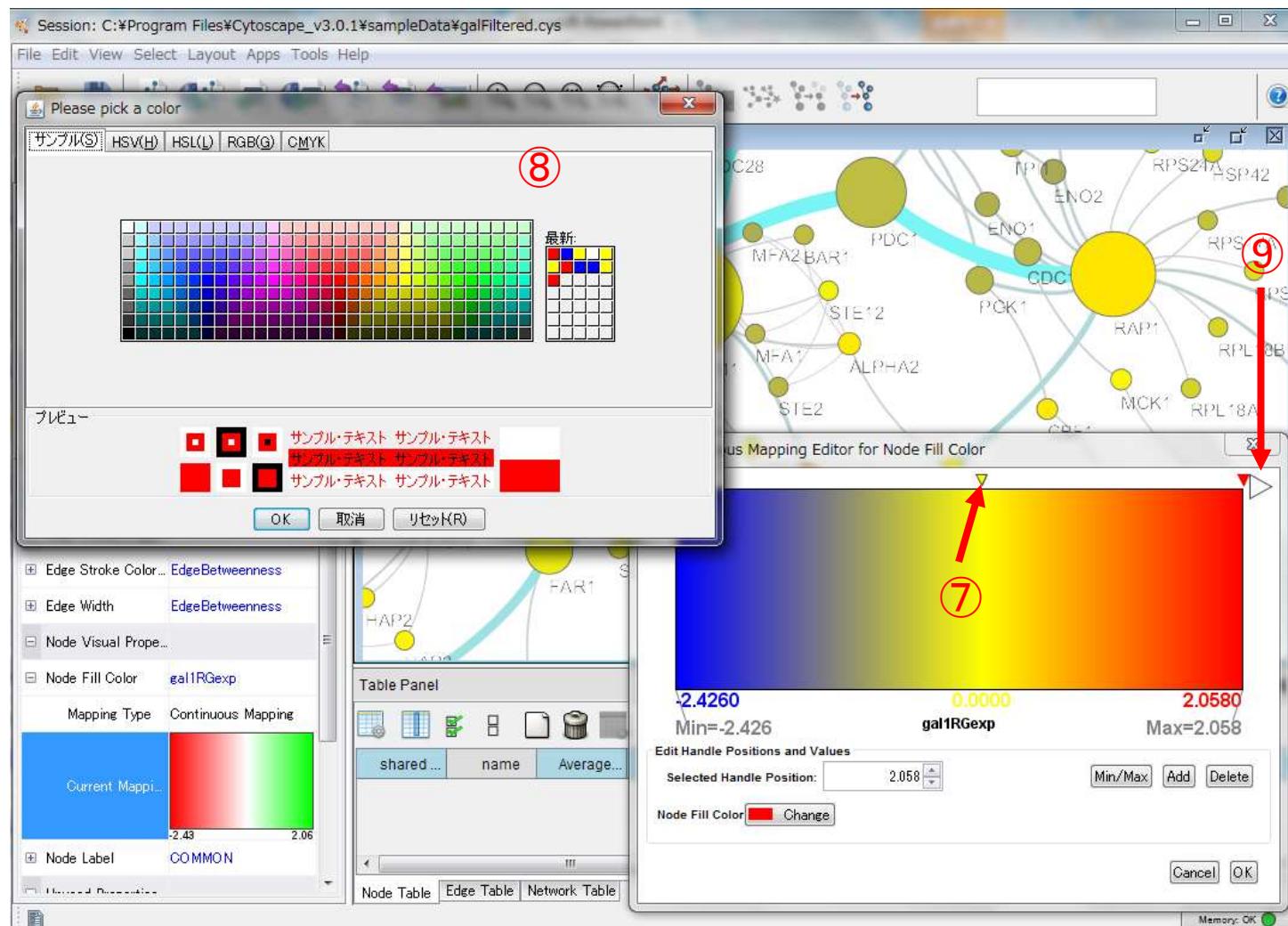
VizMapper™では、ノード、エッジの色、形、大きさ、フォント、背景色など多彩に設定が可能

- ① Control Panelで「VizMapper」を選択
- ② Visual Mapping Browserの「Node Fill Color」で「gal1RGexp」を選択
- ③ 「Mapping Type」から、「Continuous Mapping」を選択
- ④ 「Graphical View」を選択、色帯をクリック。「Continuous Mapping Editor」のウィンドウが表示される

VizMapper™を使ったノード色の編集 2 of 3



VizMapper™を使ったノード色の編集 3 of 3

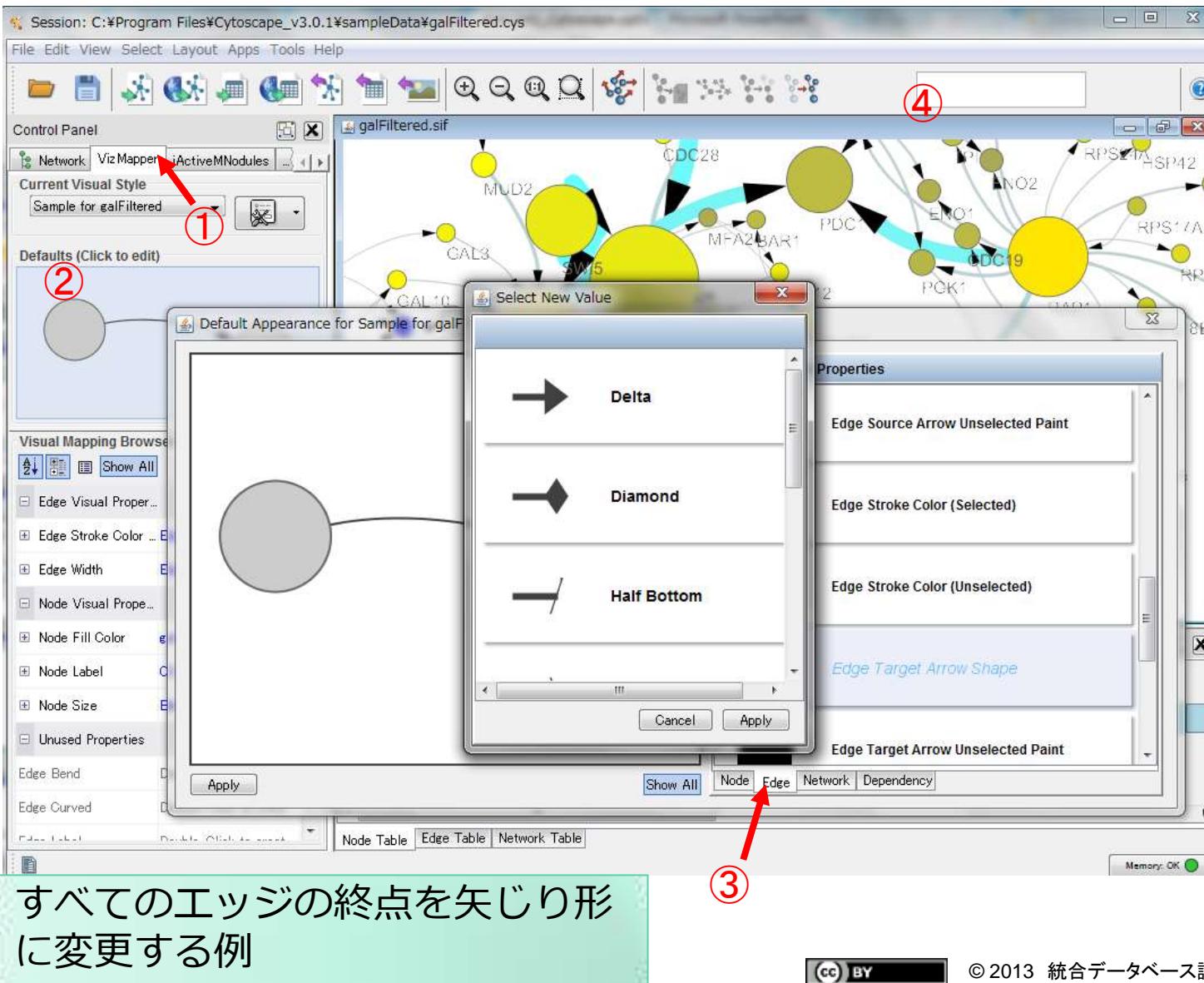


⑦ 「Continuous Mapping Edit」で発現量に応じた色の指定を行う。色帯の上部の三角形を選択し、スライドさせ適当な位置でダブルクリックして、色選択のウィンドウを表示。

⑧ 色を指定。この例では、発現量の差が最小の場合を青、最大の場合を赤、発現量に差が見られなかった場合（発現量0）を黄色に指定。

⑨ 最大値以上、最小値以下の色も、赤、青に指定。

VizMapper™を使ったデフォルト値の編集



- ① Control Panelで「VizMapper」を選択。
- ② Defaultsの図をクリック。
- ③ Default Appearance for defaultの「Edge」タブを選択。
- ④ Default visual Propertiesの「Edge Target Arrow a shape」を選択。
- ⑤ Select New Valueの「Delta」を選択。

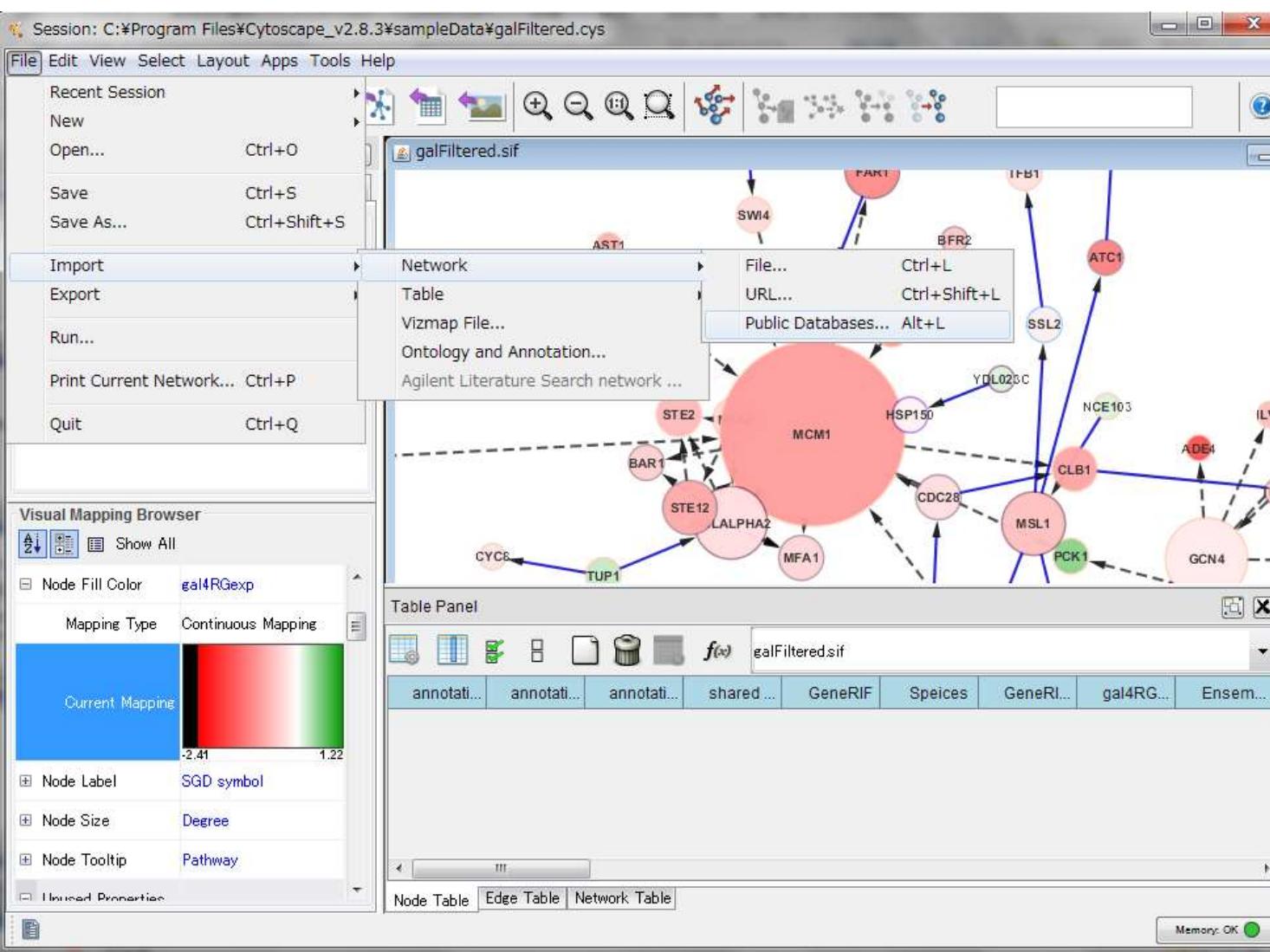
パスウェイの描き方

1. 既存のパスウェイデータを活用(例)

- Cytoscapeのインポート機能を使って公的データベースに収録されているパスウェイデータをダウンロードする。
- Pathguide (<http://www.pathguide.org/>)で探す。
 - メモ: BioPAX, SBML(L2V1), PSI-MI(2.5.3)は可。
- WikiPathway (<http://www.wikipathways.org>)で探す。
 - WkiPathways アプリをダウンロードすることでgpmiファイルがインポート可能
 - もしくはBioPAX level3 (owl)形式のデータを利用する(ただし、ノードの配置は崩れる)。

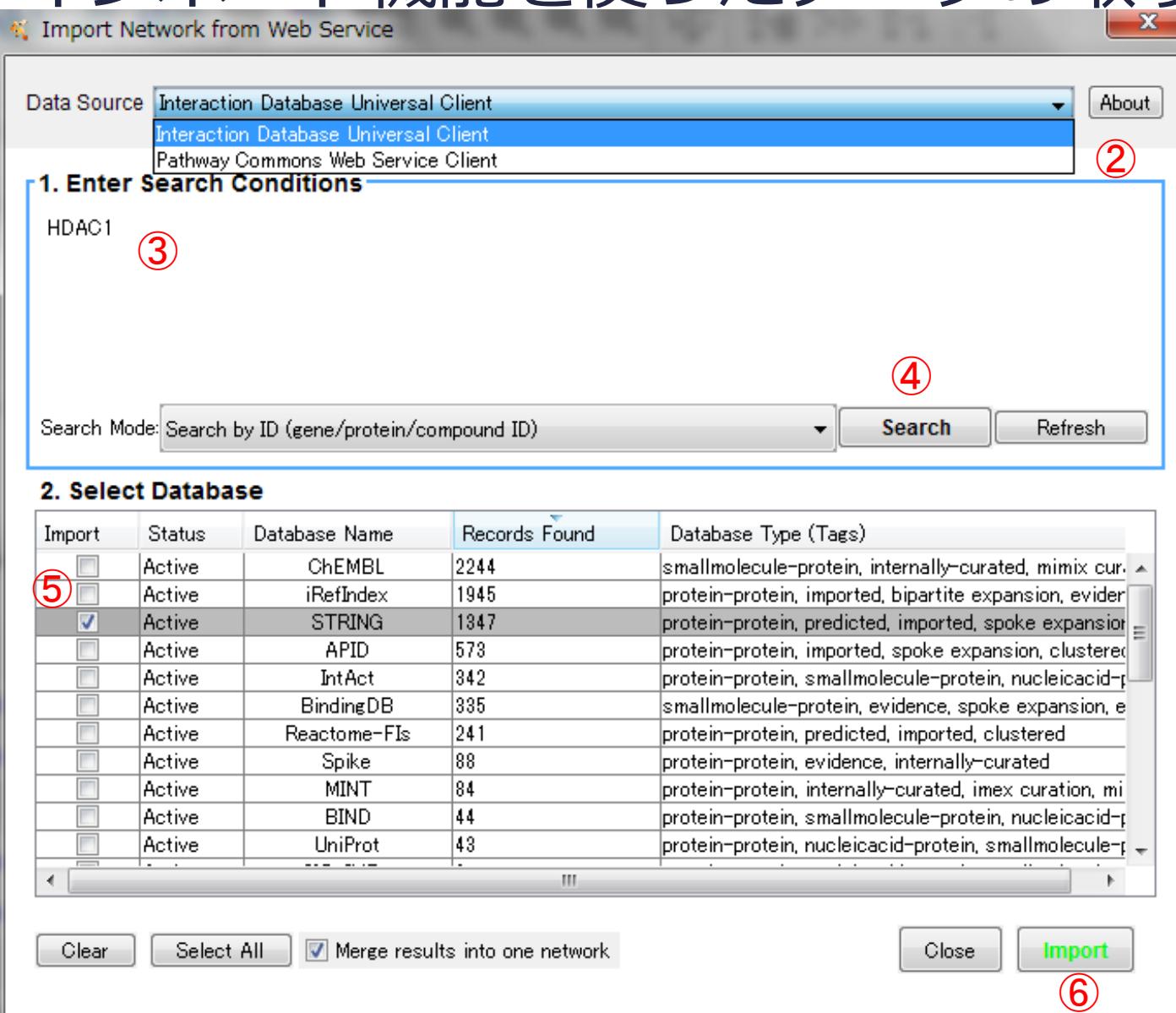
2. テキストエディタやExcelを使ってパスウェイデータを作成する。
3. メインネットワークビューにお絵描きする。

インポート機能を使ったデータの取り込み1/3



①メインメニュー
 「File」、
 「Import」、
 「Network」、
 「Public Databases」
 を選択

インポート機能を使ったデータの取り込み2/3



- ② Import Networkのウィンドウで「Data Source」を選択。
- ③ 遺伝子名 (ID) 等を入力。
- ④ 「Search」ボタンを押す。
- ⑤ データベースを選択して、
- ⑥ 「Import」ボタンを押す

インポート機能を使ったデータの取り込み3/3

The screenshot shows the Cytoscape interface with the following components:

- Top Bar:** Session: C:\Program Files\Cytoscape\2.8.3\sampleData\galFiltered.cys
- Menu Bar:** File, Edit, View, Select, Layout, Apps, Tools, Help
- Toolbar:** Includes icons for file operations, zoom, and search.
- Control Panel:** Network, Viz Mapper, Filters, jActiveMNodes
- Network List:**
 - galFiltered.sif (381(0) Nodes, 362(0) Edges)
 - Merged Network (2013/07/02 3:08:16 午後, JS)
 - Merged Network (2013/07/02 3:08:16 午後, JS) (242(1) Nodes, 241(0) Edges)
 - Merged Network (2013/07/02 3:19:51 午後, JS) (242(0) Nodes, 241(0) Edges)
 - Merged Network (2013/07/02 3:22:30 午後, JS) (787(0) Nodes, 785(0) Edges)
 - Merged Network (2013/07/02 3:26:52 午後, JS) (787(2) Nodes, 735(4) Edges)
- Main View:** Merged Network (2013/07/02 3:26:52 午後, JST) showing two clusters of nodes (orange and blue) connected by edges.
- Table Panel:** Merged Network (2013/07/02 3:26:52 午後, JST) showing a table with columns: shared..., uniprot, refseq, Human Rea..., string, taxono..., name. Data rows include Q93068, Q86VB3, etc.
- Bottom Left:** A small preview window showing a network visualization.

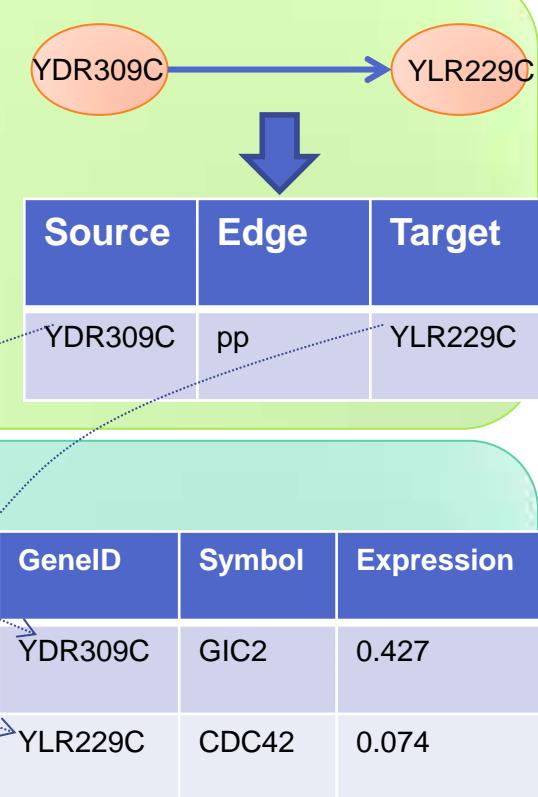
A red arrow points from the number ⑦ to the 'Layout' item in the menu bar.

⑦ メニューアイコンもしくは、メインメニュー「Layout」から適当なものを選択。

⑧ 代表的なレイアウトをスライド42~46で紹介。

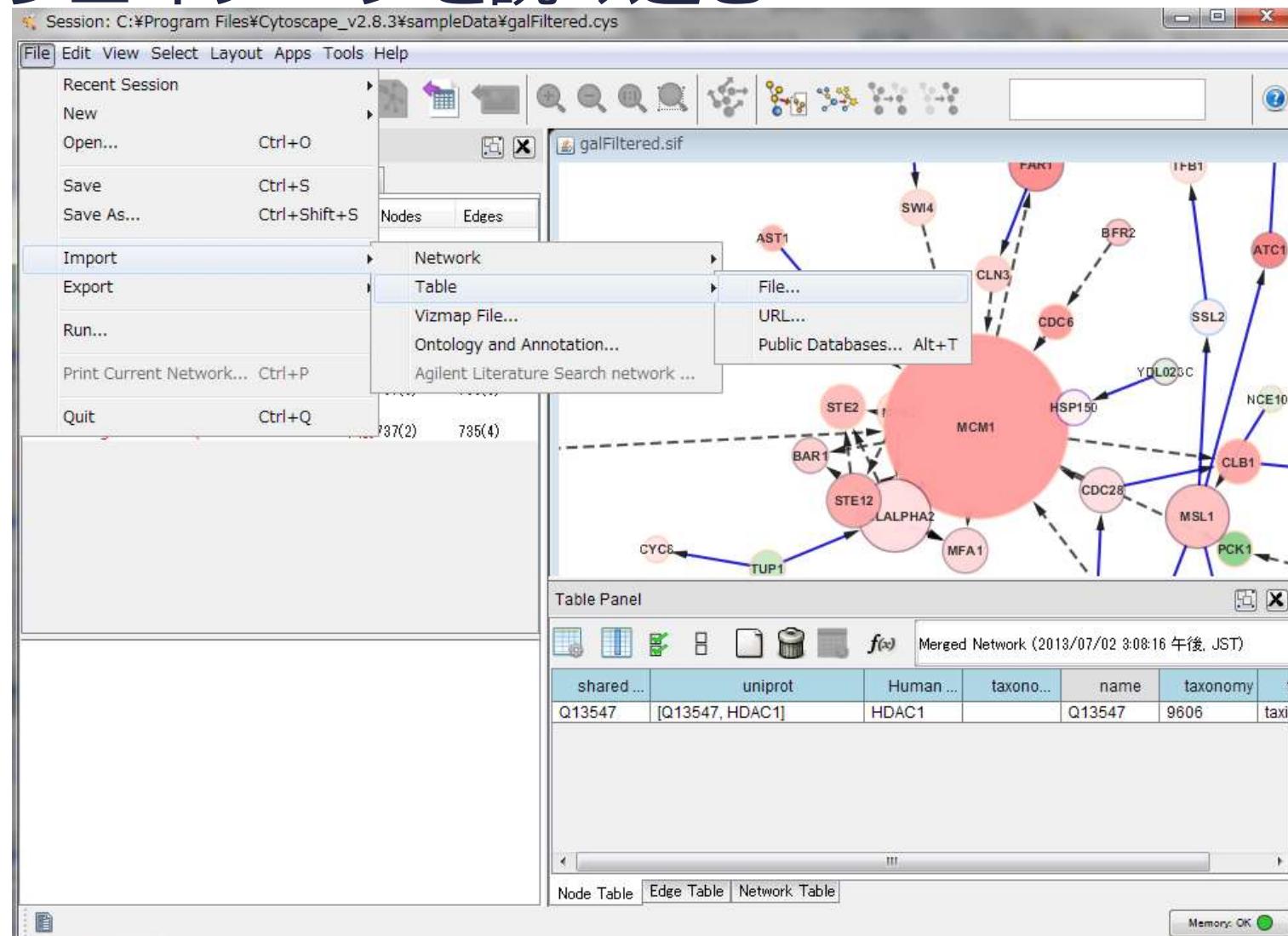
テキストエディタ、Excelを使ってパスウェイデータを作成する

- ステップ 1
 - ノードとエッジのつながりを三項関係で記述する。
 - エッジの属性値を記述する。
 - 例、エッジの種類（例、pp, pd、phosphorylate）、PubmedID
 - 例、 galFiltered.csv



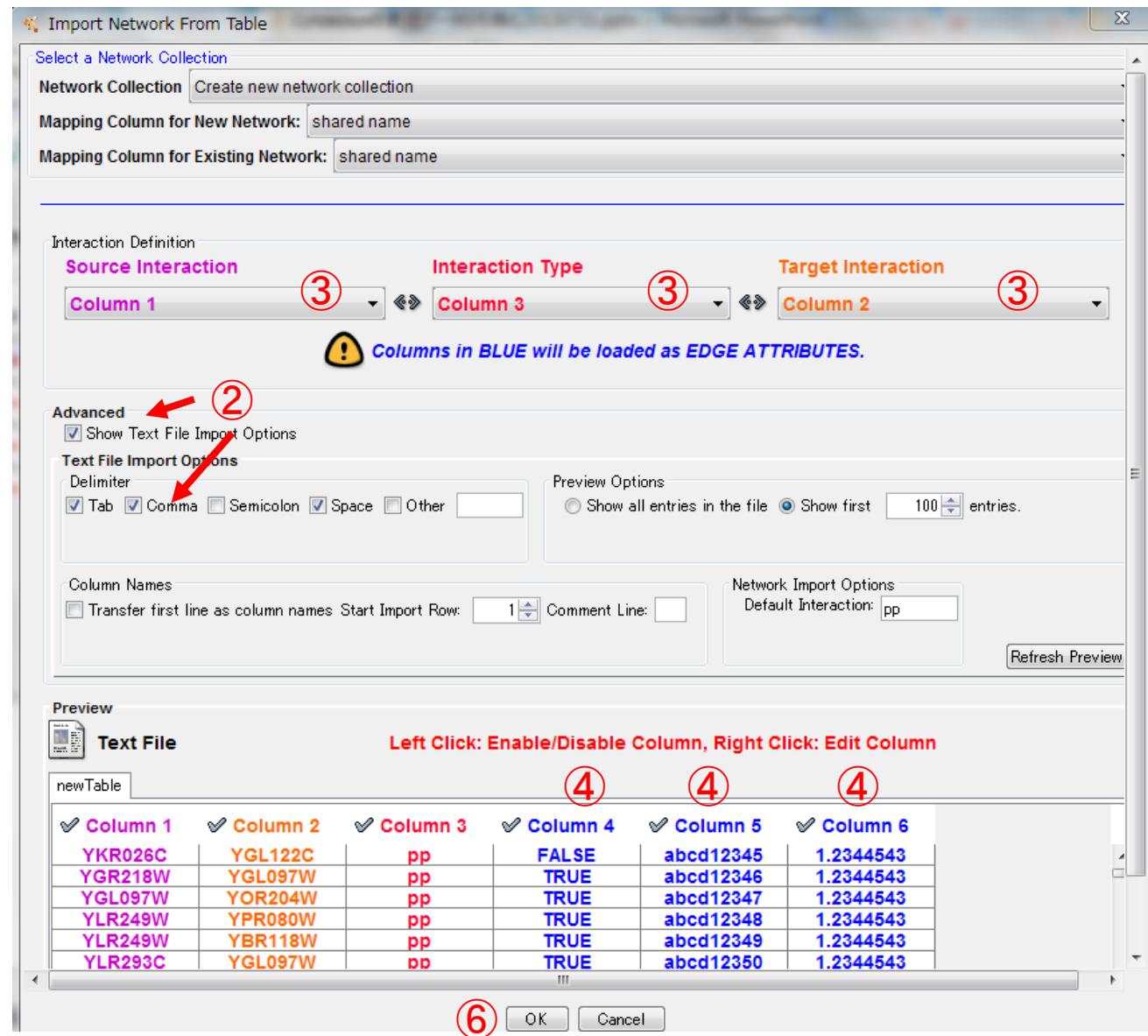
- ステップ 2
 - 別ファイルに、ノードの属性値を記述する。
 - 例、Symbol名, GeneID, 実験データ（例、発現値、統計値）
 - 例、 galExpData.csv

テキストエディタ、Excelを使って作成したパスウェイデータを読み込む

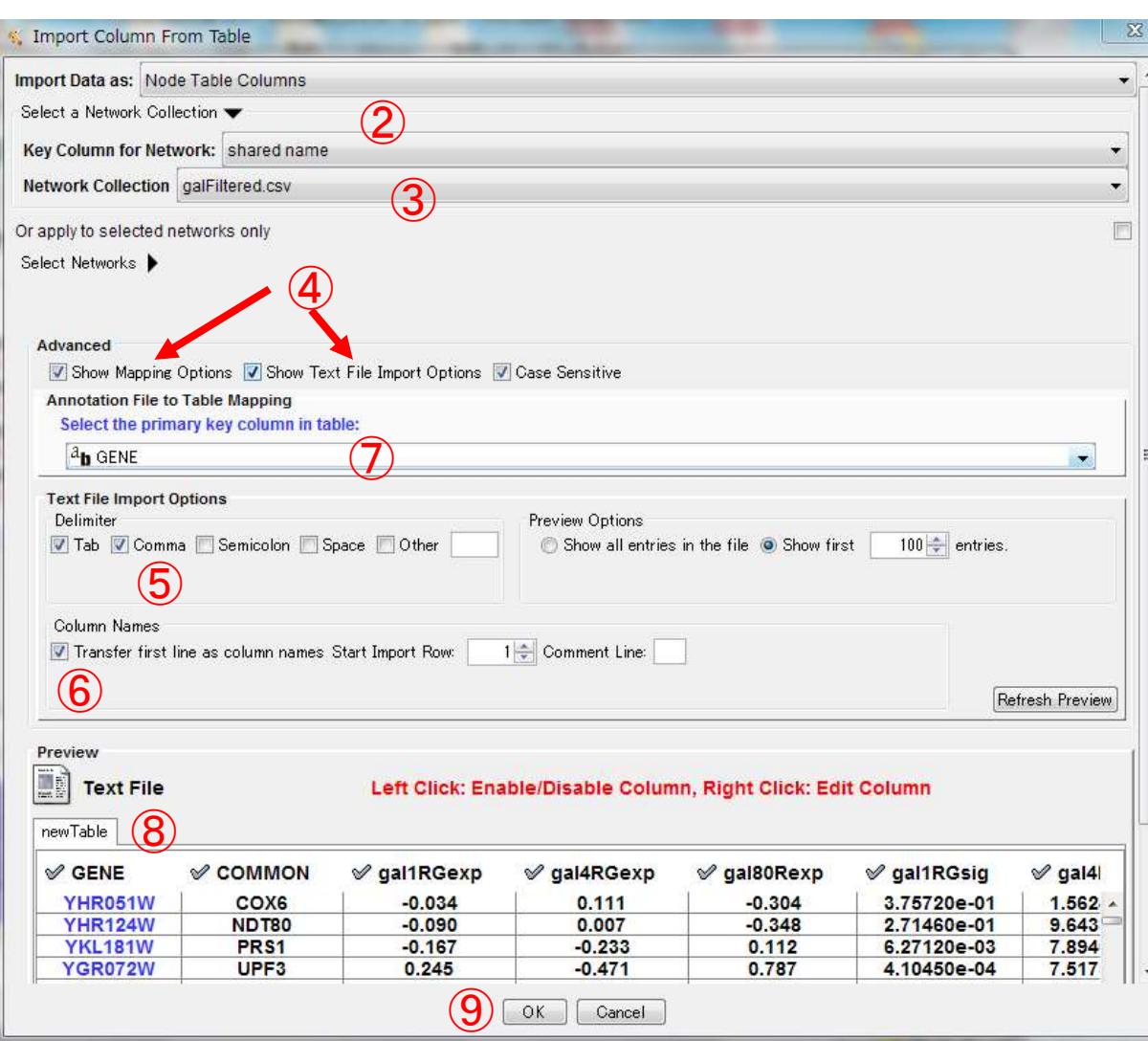


ノードとエッジの繋がり（ネットワークデータ）を読み込む

- ① メインメニュー「File」「Import」「Network」 「File…」から「galFiltered.csv」を選択
- ② 「Show Text File Import Options」に✓。 「Comma」に✓
- ③ Sourceを「Column1」、 Targetを「Column3」、 Typeを「Column2」
- ④ 「Column4,5,6」を選択
- ⑤ 「OK」をクリック



ステップ2：属性値を読み込む

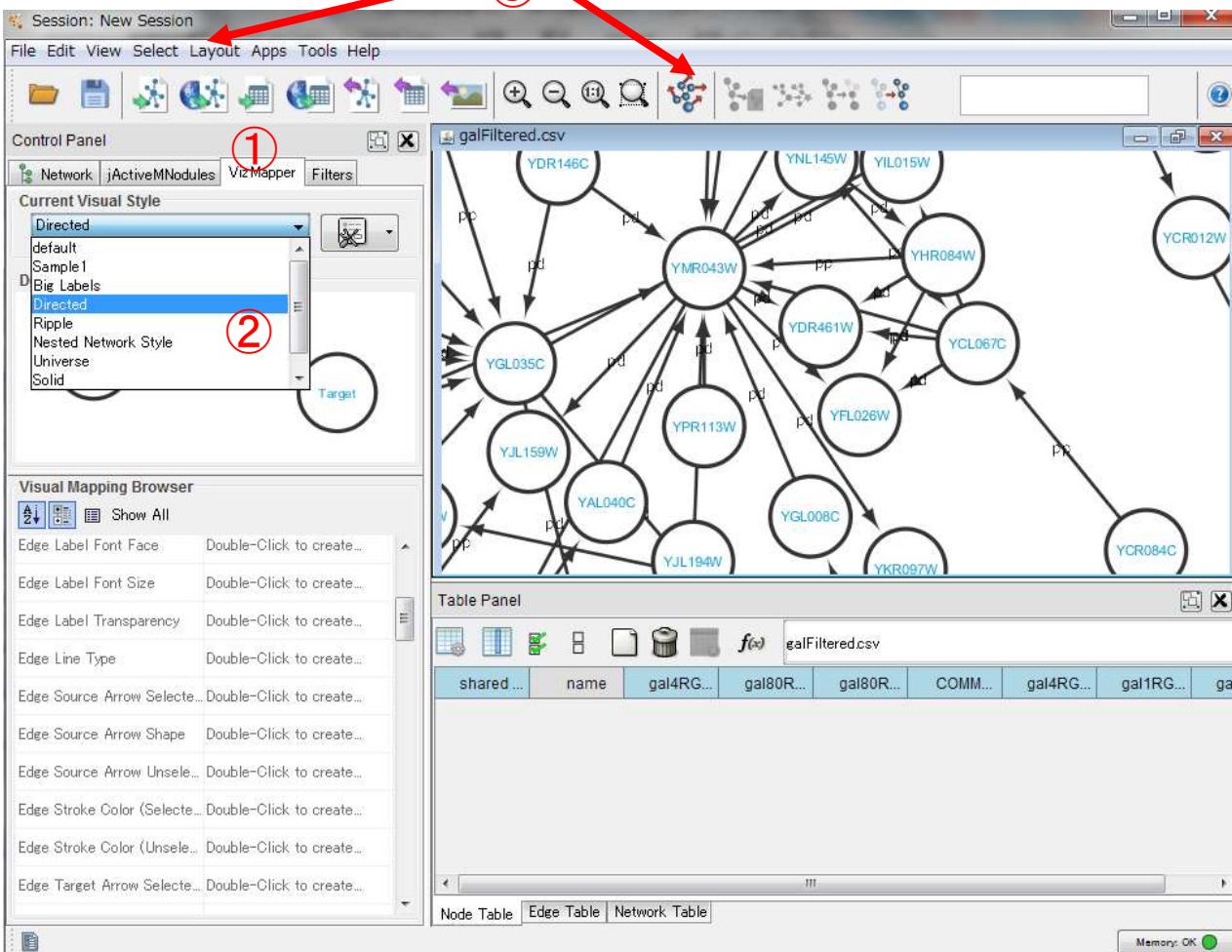


- ① メインメニュー「File」「Import」「Table」「File…」から「galExpData.csv」を選択
- ② Key Column for networkで「shared name」を選択
- ③ Network Collectionで「galFiltered.csv」を選択
- ④ Advancedの「Show Mapping Options」、「Show Text Import Options」に✓を入れる
- ⑤ Text File Import Optionsの Delimiterで「Comma」に✓
- ⑥ Column Namesの「Transfer first line as attribute names Star Import Row」に✓
- ⑦ Select the primary key column in table:で「GENE」を選択
- ⑧ Previewでカラム「GENE」が青色（プライマリーキー）になっていることを確認
- ⑨ 「OK」をクリック

追加実習3. Cytoscapeフォルダにあるサンプルデータ

「galFiltered.*」や、自分で作成したテキスト、Excelファイルを使ってCytoscapeでパスウェイを表示、編集してみましょう。

作成したネットワークを見やすくする



1. Visual Styleの変更

①Control Panelの VizMapperタブを選択

②Current Visual Styleから適当なものを選択

2. Layoutの変更

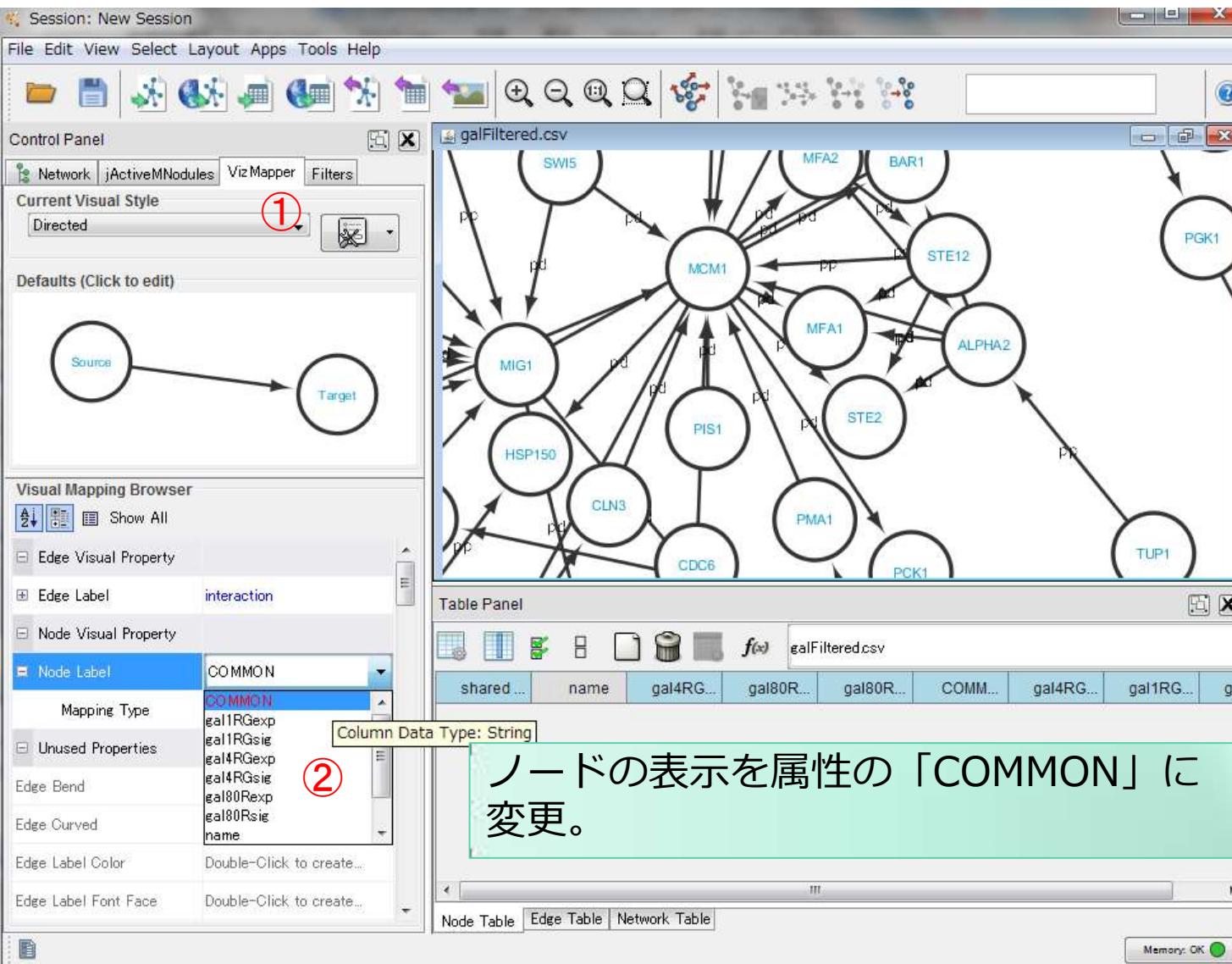
③メインメニューの Layout、もしくはアイコンメニューの Layoutを選択

ノード、エッジの属性の確認

The screenshot shows the Cytoscape interface with a network graph. The graph consists of several nodes, each labeled with a Y-axis identifier (e.g., YNL117W, YOR089C, YPR167C, YNL214W, YDR244W, YLR432W, YDR167W, YLR175W, YDI078C). Edges connect these nodes, with labels such as 'pd', 'pp', and 'ad' indicating interaction types. On the left, the 'Control Panel' shows options like 'Evidence from Literature', 'Nodes', and 'Edges'. The 'Table Panel' at the bottom displays a table of data with columns for 'name', 'gal4RG...', 'gal80R...', 'gal80R...', 'COMM...', 'gal4RG...', and 'gal1RG...'. The 'Node Table' tab is selected. A red arrow labeled ④ points to the 'Node Table' tab. Another red arrow labeled ③ points to the 'Table Panel' header. A third red arrow labeled ② points to the 'Edge Visual Property' section in the 'Visual Mapping Browser'. A fourth red arrow labeled ① points to the 'Select' menu in the top bar.

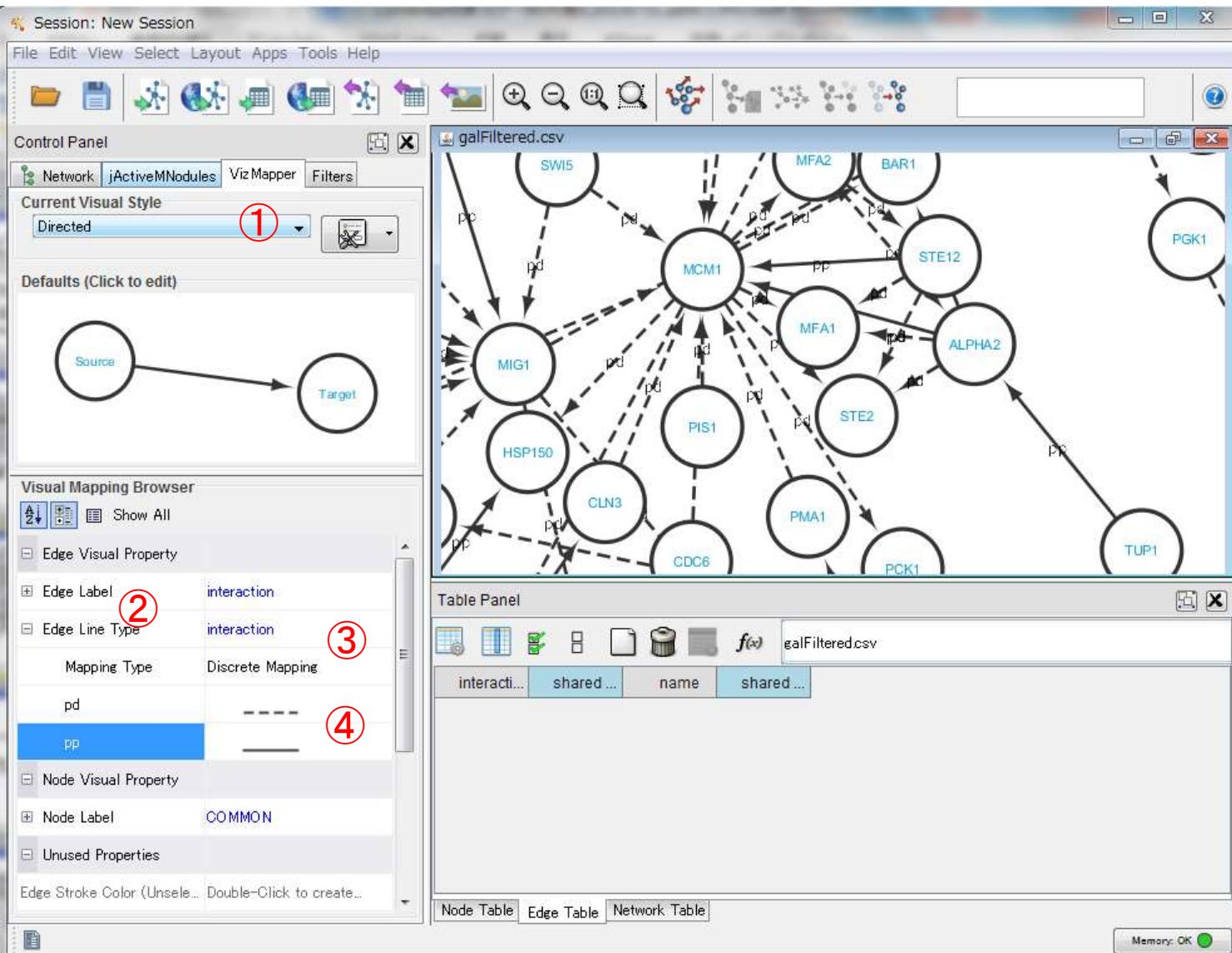
- ① メインメニュー「Select」 「Select all nodes and edges」 やメインネットワークビュー上でノードやエッジを選択
- ② Table Panelでノード、エッジの属性を確認
- ③ ノードとエッジ属性の切り替えはタブで行う
- ④ 表示する属性を選択

VizMapper™を使ったラベルの編集



- ① Control Panelで「VizMapper」を選択
 - ② Visual Mapping Browserの「Node Label」で「COMMON」を選択
- ノードの表示を属性の「COMMON」に変更。

VizMapper™を使ったエッジ形状の編集



- ① Control Panelで「VizMapper」を選択
- ② Visual Mapping Browserの「Edge Line Type」を選択
- ③ 「Mapping Type」で「Discrete Mapping」を選択
- ④ 「pd」(タンパク質-DNA結合)を「Dash」、「pp」(タンパク質-タンパク質結合)を「Solid」に指定。

その他の書式変更の方法

- ノード色の編集
 - スライド27～29 「VizMapper™を使ったノード色の編集」を参照
- デフォルト値の（ノード、エッジ書式の一括）編集
 - スライド30 「VizMapper™を使ったデフォルト値の編集」を参照

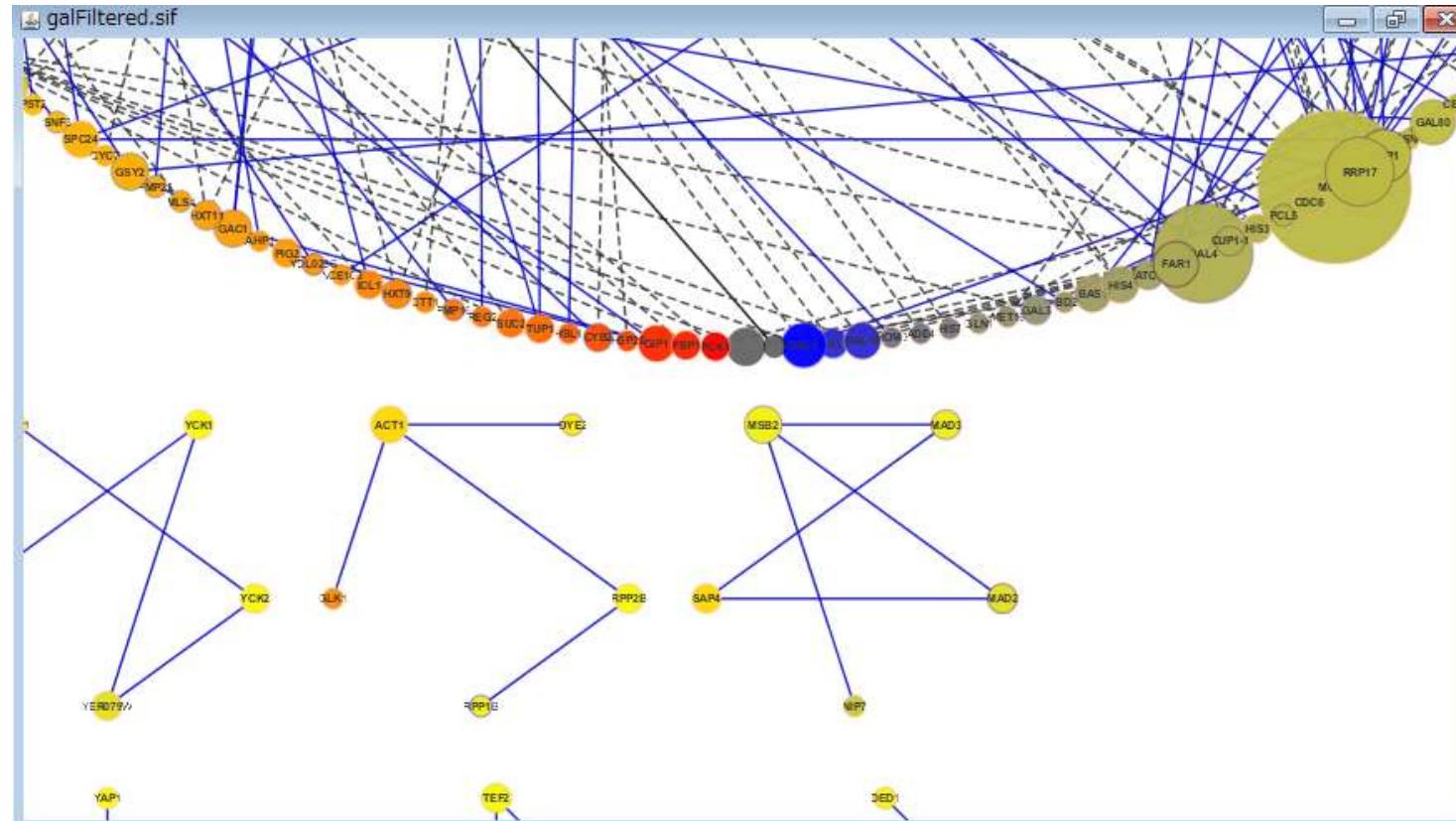
レイアウト機能

サンプルデータ： galFiltered.cys

Attribute Circle Layout

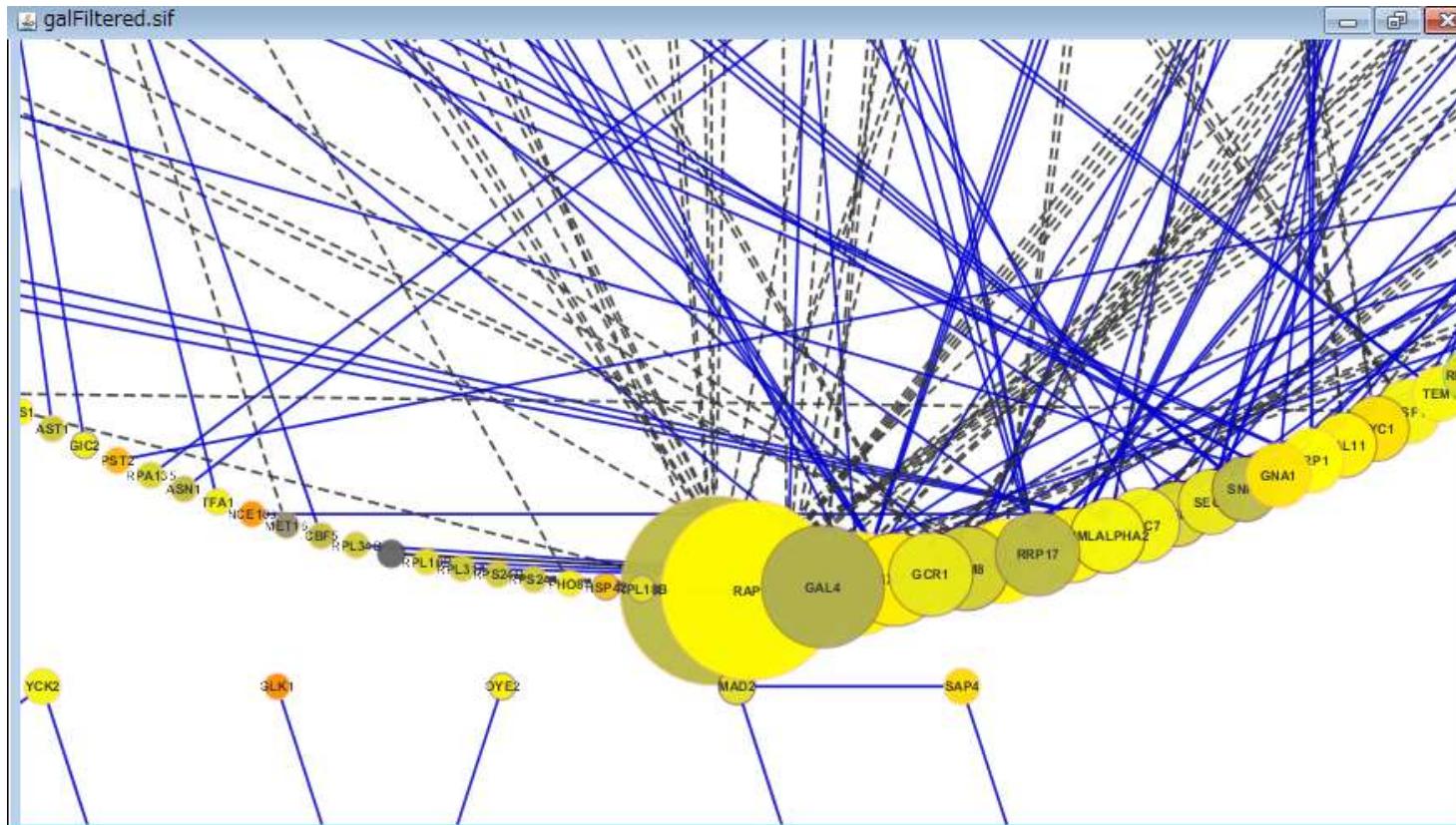
ノードの属性値の順に環状グラフの下部から時計回りに配置するレイアウト

- ① メインメニュー
「Layout」
「Attribute Circle Layout」
「gal4RGexp」（使用する属性値）を選択



Degree Sorted Circle Layout

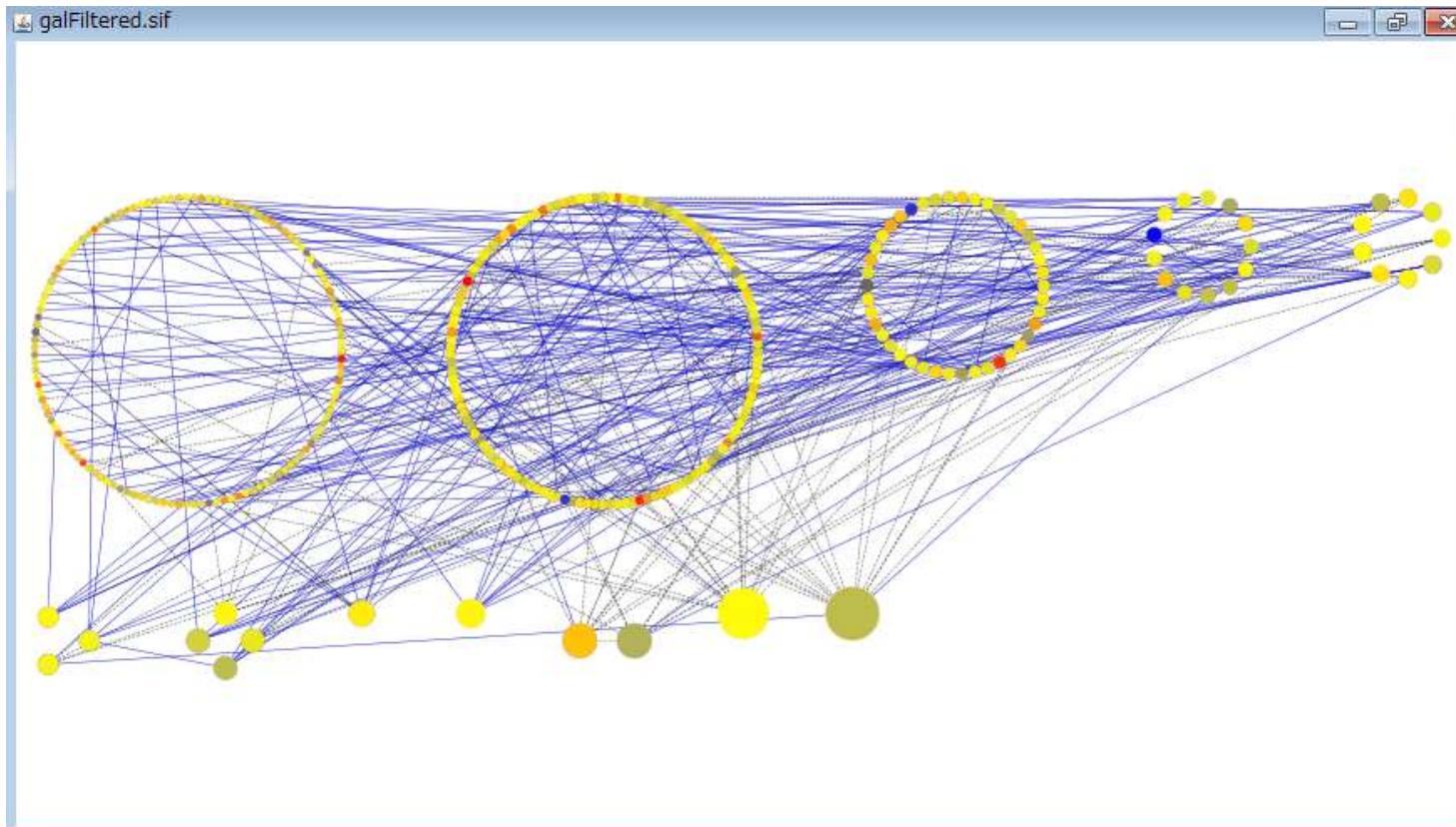
ノードが持つエッジ数の多いものからの環状グラフの下部から反時計回りに配置するレイアウト



①メインメニュー
「Layout」
「Degree
Sorted
Circle
Layout」を
選択。

Group Attribution Layout

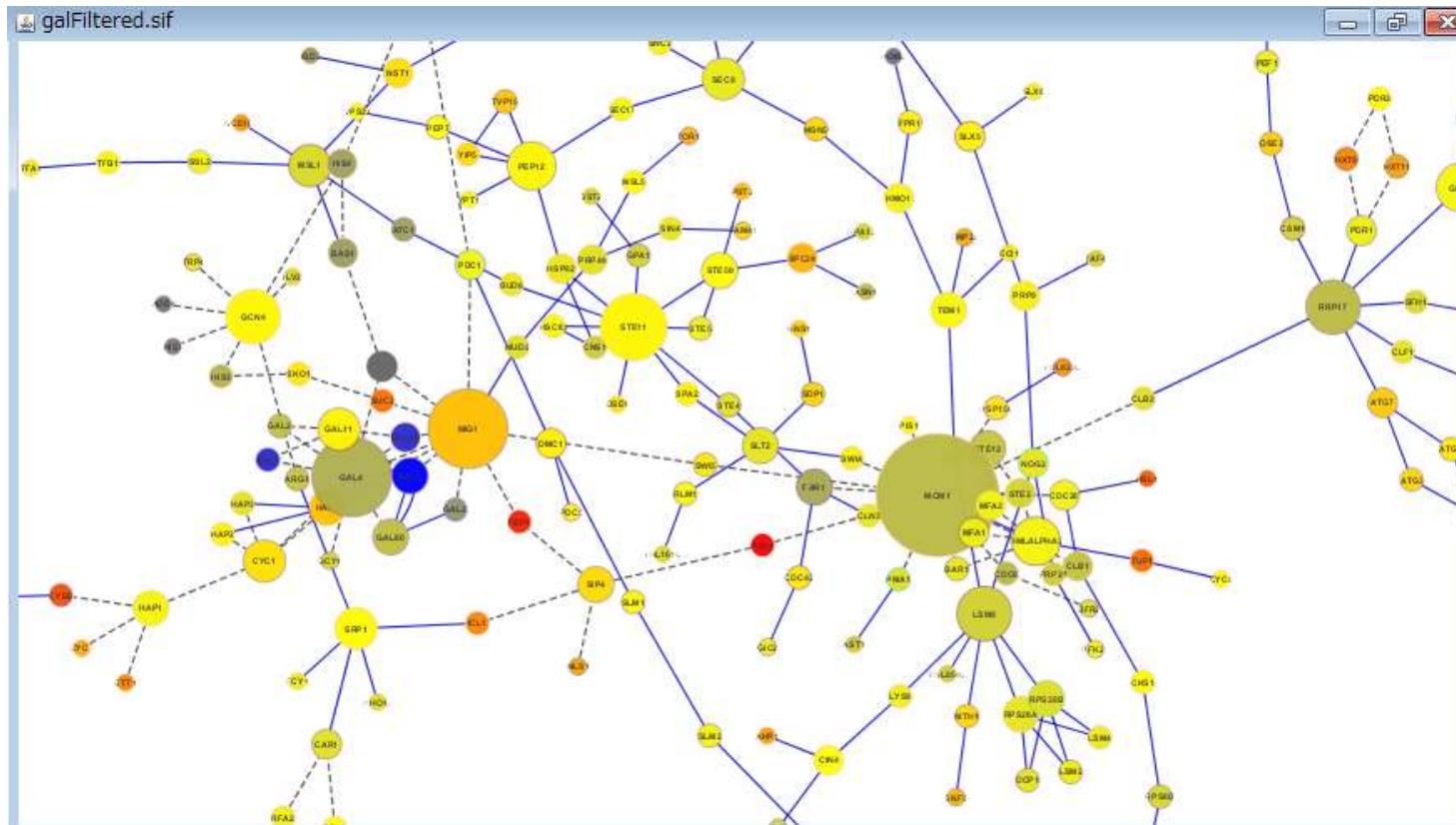
ノードの属性値（Attribute）で同値のものを同じ環状グラフに配置するレイアウト



①メインメニュー
「Layout」
「Group Attribution Layout」
「Degree」
を選択。

Prefuse Force Directed Layout

グラフの詳細な構造を表すのに適したレイアウト



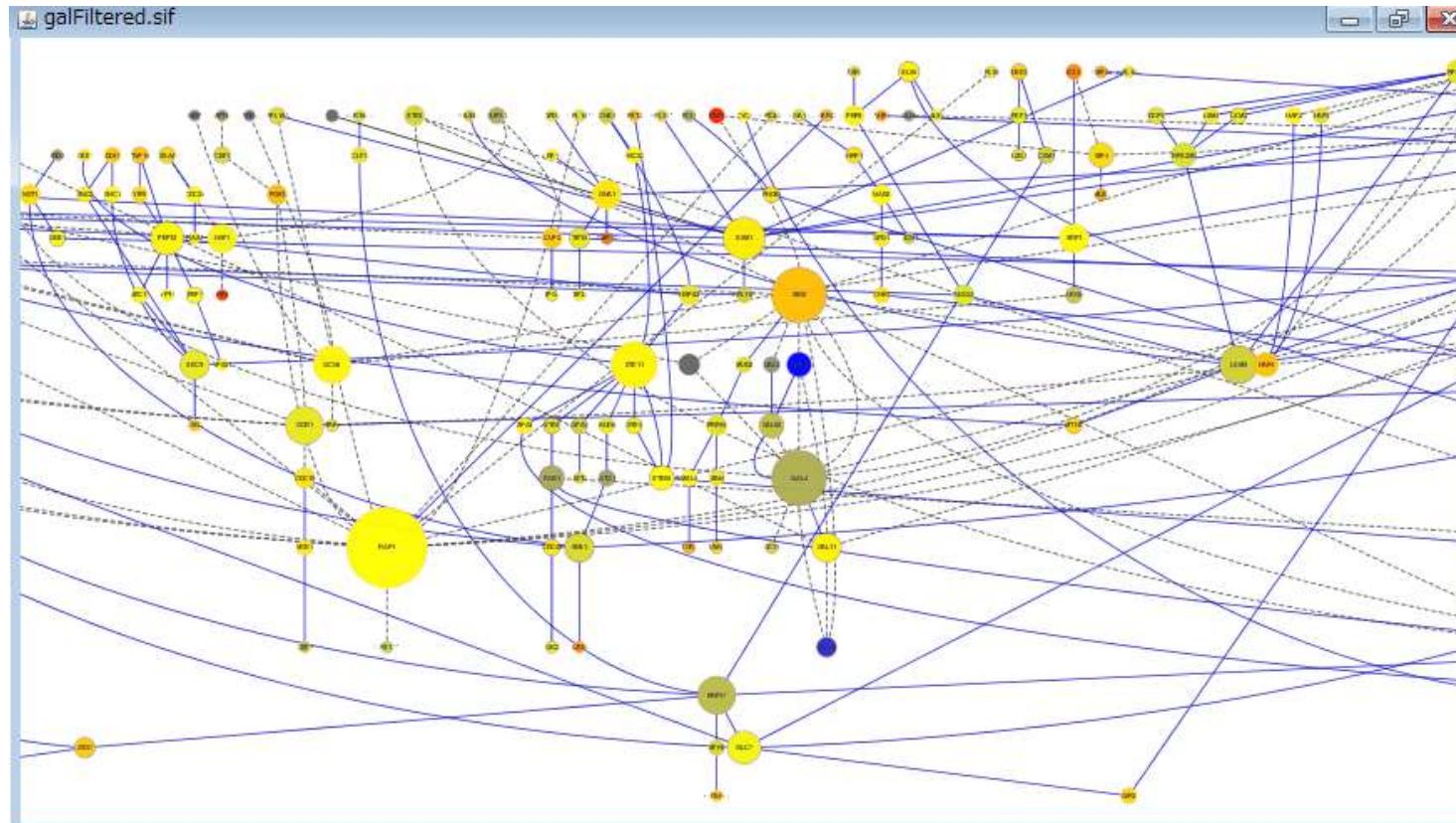
①メニュー
「Layout」、
「Cytoscape
Layouts」
「Prefuse
Force
Directed
Layout」を
選択。



←メニューアイコンで初期設定されているLayoutが「Prefuse Force Directed Layout」

Hierarchical Layout

パスウェイを階層的に表現するレイアウト



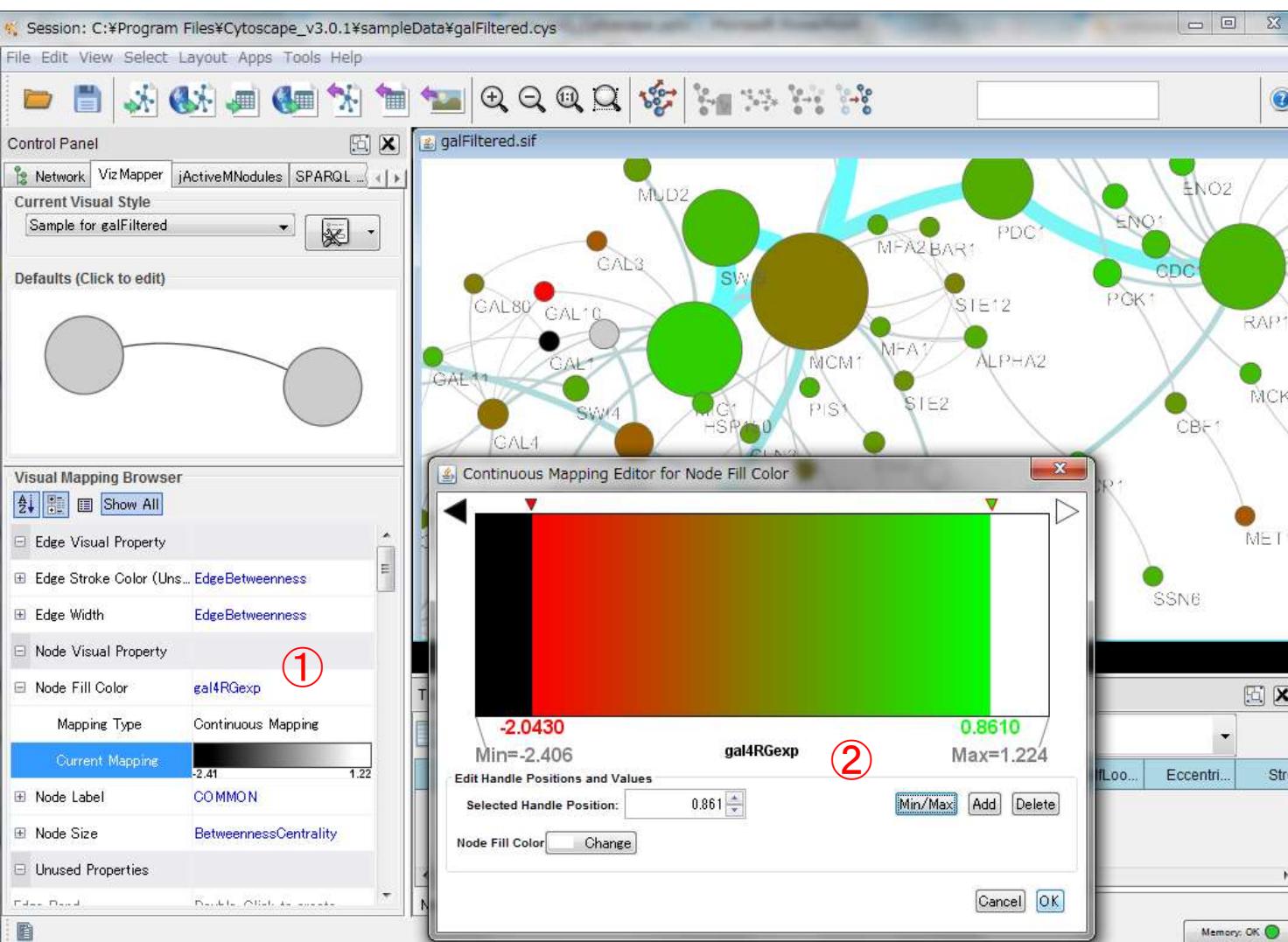
①メインメニュー
「Layout」
「Hierarchical Layout」
を選択。

データ解析の例

(参照 : [Basic Expression Analysis - Yeast](#))

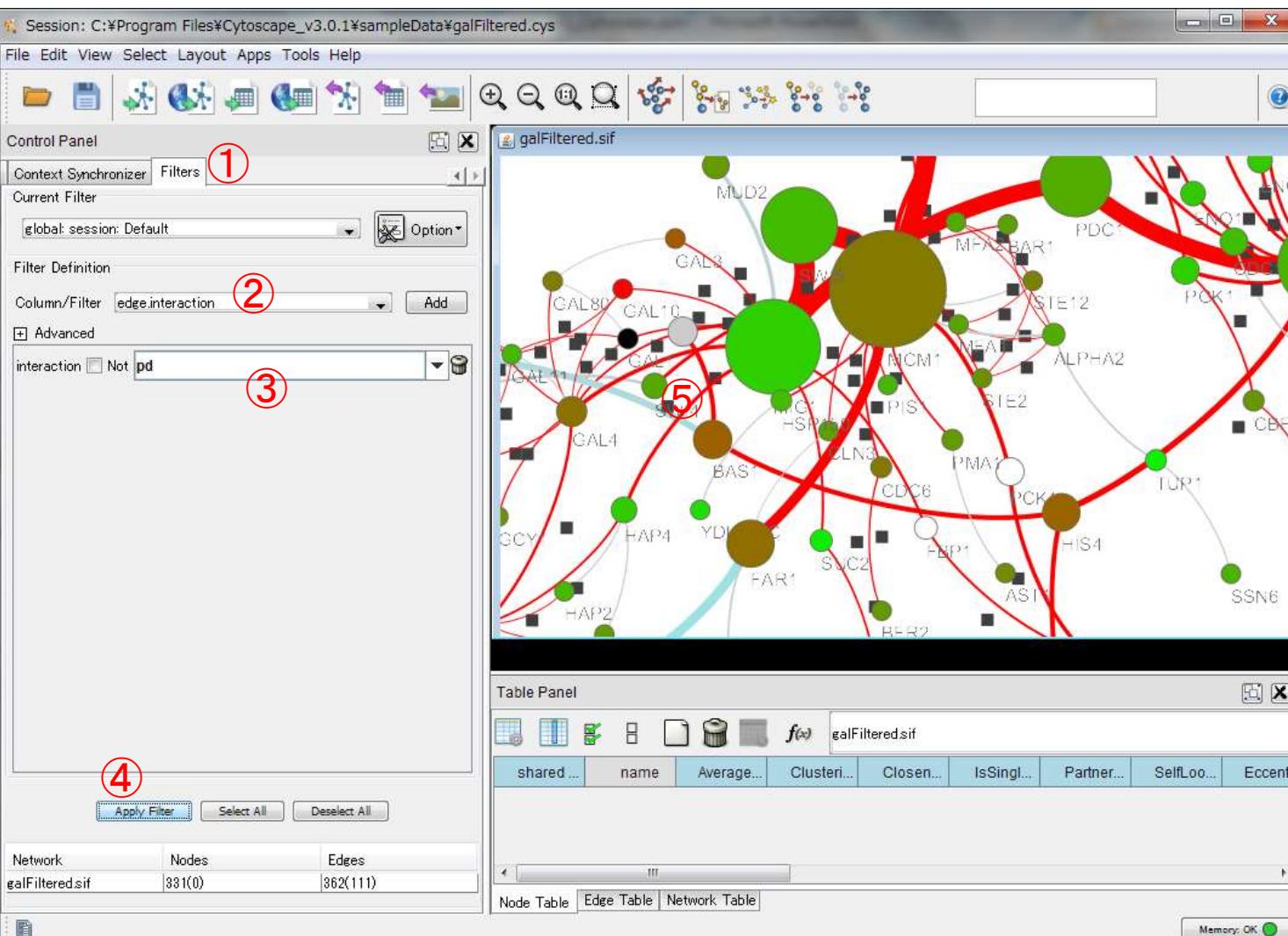
サンプルデータ : galFiltered.cys

Gal4をノックアウトしたときの遺伝子発現ネットワークを表示



- ① Visual Mapping Browserの「Node Fill Color」で「gal1RGEx p」を選択
- ② スライド27～29を参考に低発現を赤、高発現を緑に設定。

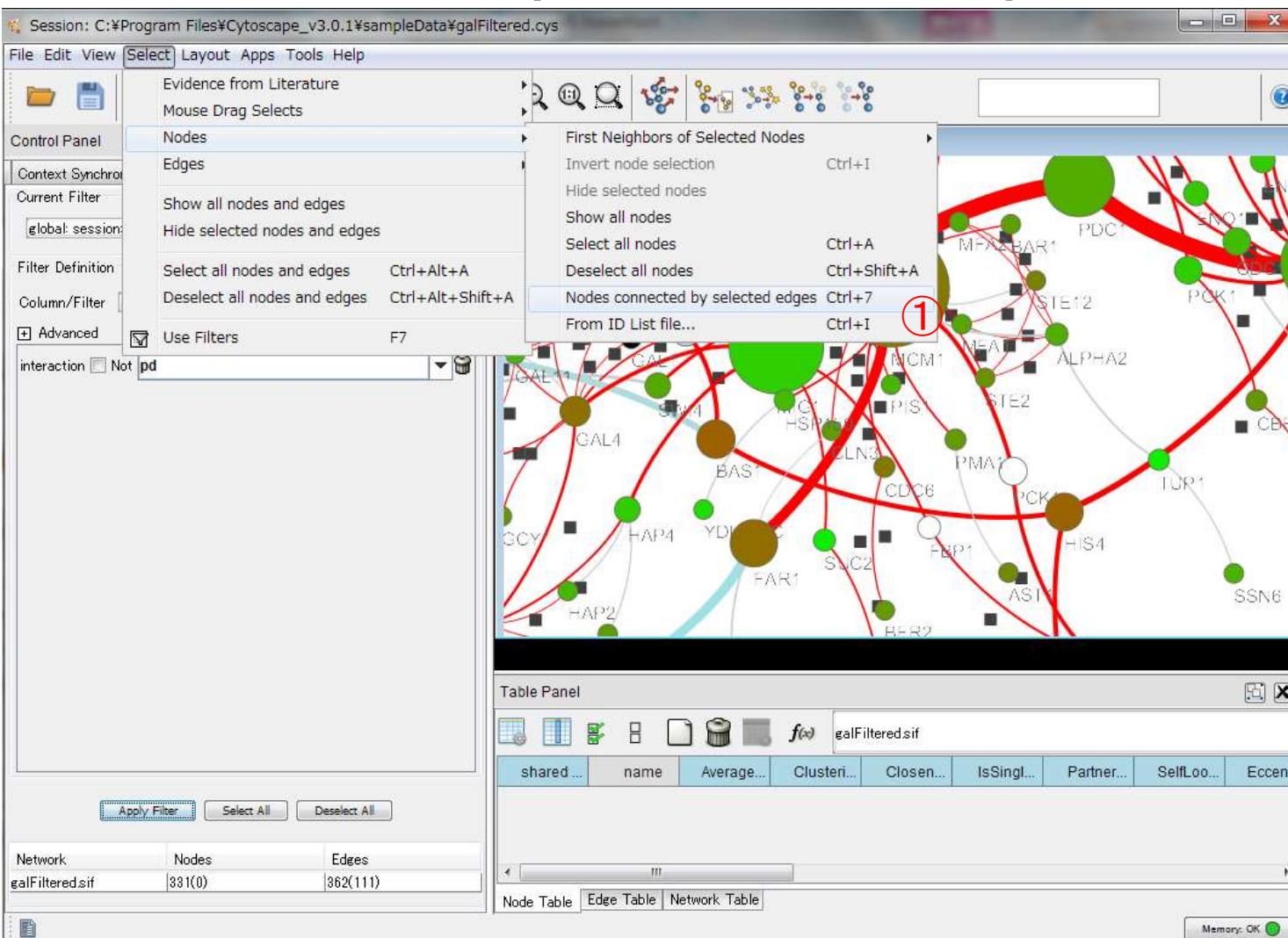
フィルタ機能を使った絞り込み



タンパク質-DNA相互作用 (pd) のエッジを抽出

- ① Control Panel の「Filters」を選択
- ② 「Filter Definition」 「Column/Filter」で「edge:interaction」を選択、次いで「Add」を押す
- ③ Advancedのクエリー欄に「pd」を入力
- ④ 「Apply Filter」を押す
- ⑤ タンパク質-DNA相互作用 (pd) を表す破線が赤く選択されていることを確認

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 1 of 8



①メインメニュー
「Select」
「Nodes」、
「Nodes connected by selected edges」を選択

タンパク質-DNA相互作用 (pd) のエッジと繋がっているノードの抽出

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 2 of 8

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.0.1\sampleData\galFiltered.cys

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

Recent Session

New Network From selected nodes, all edges Ctrl+N

Open... Session From selected nodes, selected edges Ctrl+Shift+N

Save Clone Current Network

Save As... Empty Network

Import

Export

Run...

Print Current Network... Ctrl+P

Quit Ctrl+Q

Option Add

Table Panel

galFiltered.sif

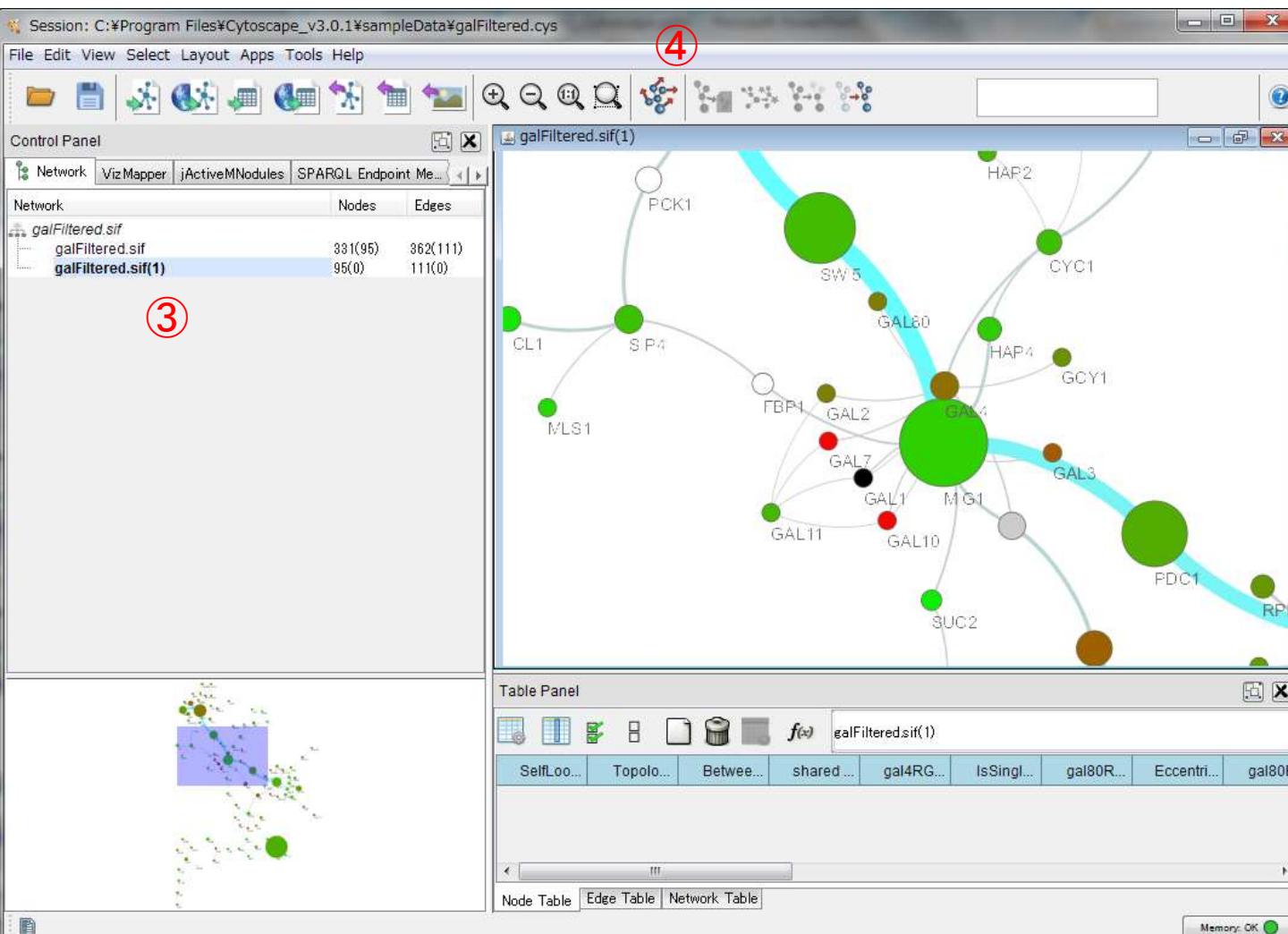
shared ...	name	Average...	Clusteri...	Closen...	IsSingl...	Partner...	SelfLoo...	Ecce...
YPR124W	YPR124W	1.5	0.0	0.666666...	false	0	0	2
YML123C	YML123C	9.254032...	0.0	0.108061	false	0	0	19
YNL312W	YNL312W	9.782258...	0.0	0.102225...	false	0	0	18
YIL162W	YIL162W	6.786290...	0.0	0.147355...	false	0	0	15

Node Table Edge Table Network Table Memory: OK

②メインメニュー
「File」
「New」
「Network」
「From selected nodes, selected edges」を選択

タンパク質-DNA相互作用 (pd) のエッジとそれと繋がっているノードを構成要素とするネットワークを抽出

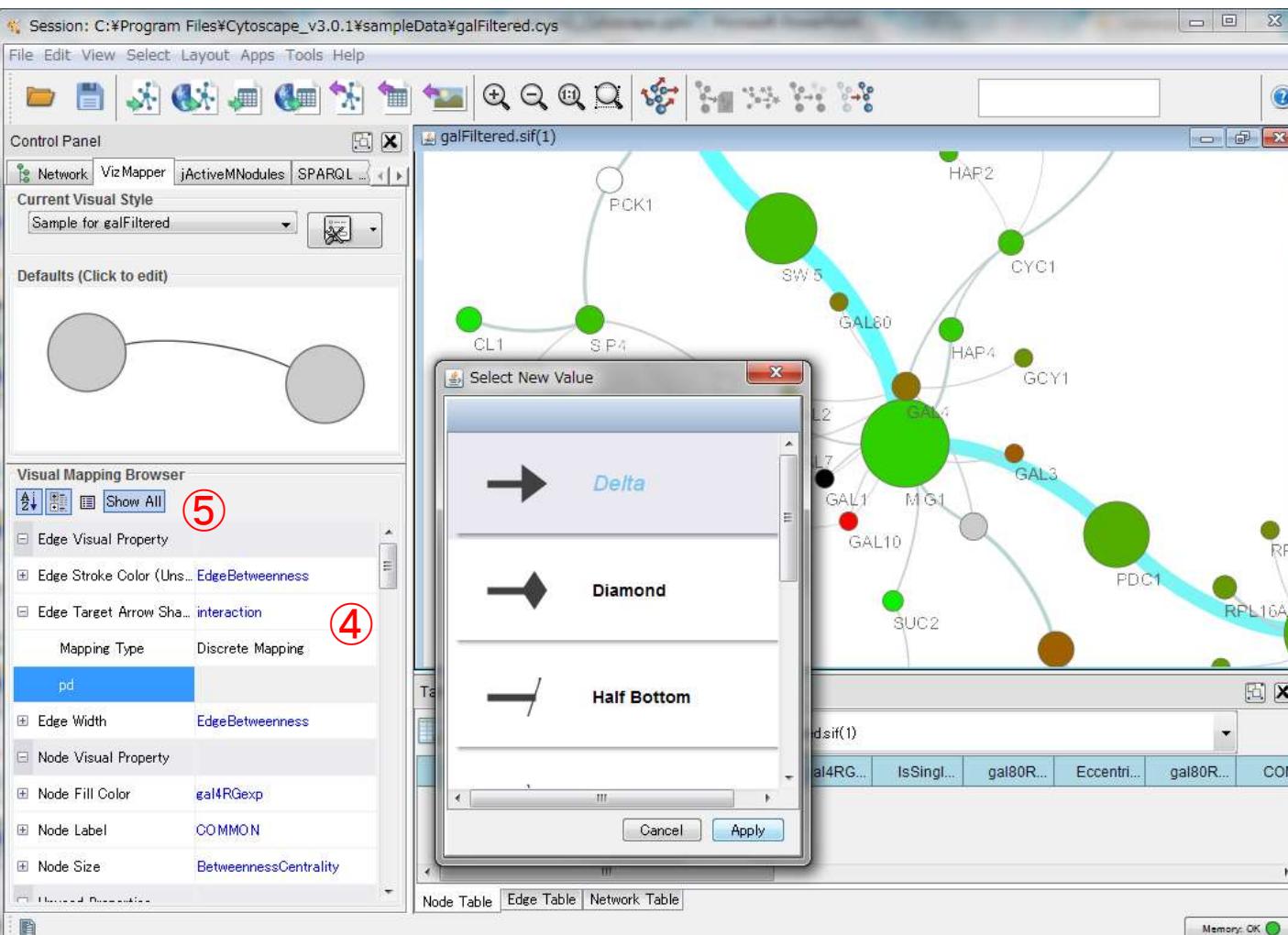
サブパスウェイ（部分パスウェイ）の抽出 3 of 8



③ Control Panelの「Network」で、元のパスウェイ(galFiltered.sif) の下位に、部分パスウェイ(galFiltered.sif(1)) が作成されたことを確認

④ メニューアイコンでレイアウトを変更

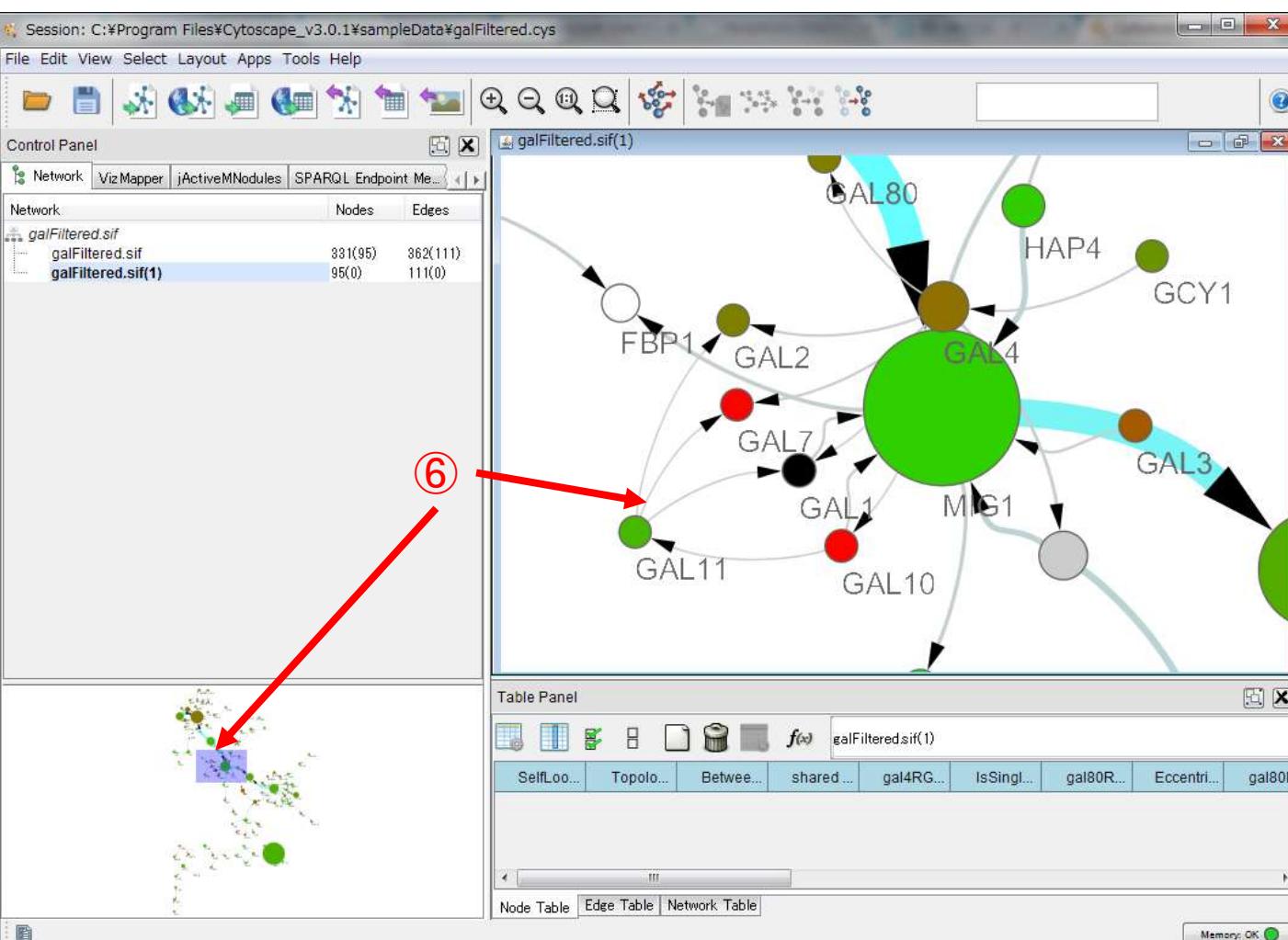
サブパスウェイ（部分パスウェイ）の抽出 4 of 8



④ Control Panel の「VizMapper」で「Edge Target Arrow Shape」を「Interaction」、「Mapping Type」を「Discrete Mapping」、「pd」を「Delta」に設定。
 ⑤ もし「Edge Target Arrow Shape」の表示が見当たらない場合は、「Show All」をクリック。

エッジの一端が矢じり形であることを確認

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 5 of 8



⑥メインネットワークビューもしくは、画面左下のネットワーク全体図から、黒および赤色のノード（低発現遺伝子、GAL1, GAL7, GAL10）に注目し、その近辺を拡大

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 6 of 8

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.0.1\sampleData\galFiltered.cys

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

Control Panel

Network VizMapper jActiveMNodes SPARQL Endpoint Me...

Network Nodes Edges

galFiltered.sif galFiltered.sif galFiltered.sif(1) galFiltered.sif(2)

831(95) 862(111)
95(2) 111(0)
14(1) 19(0)

First Neighbors of Selected Nodes (Undirected)

GAL80 HAP4 GCY1
FBP1 GAL2 GAL4
GAL7 MIG1 GAL3
GAL11 GAL10

⑦ ⑧

Table Panel

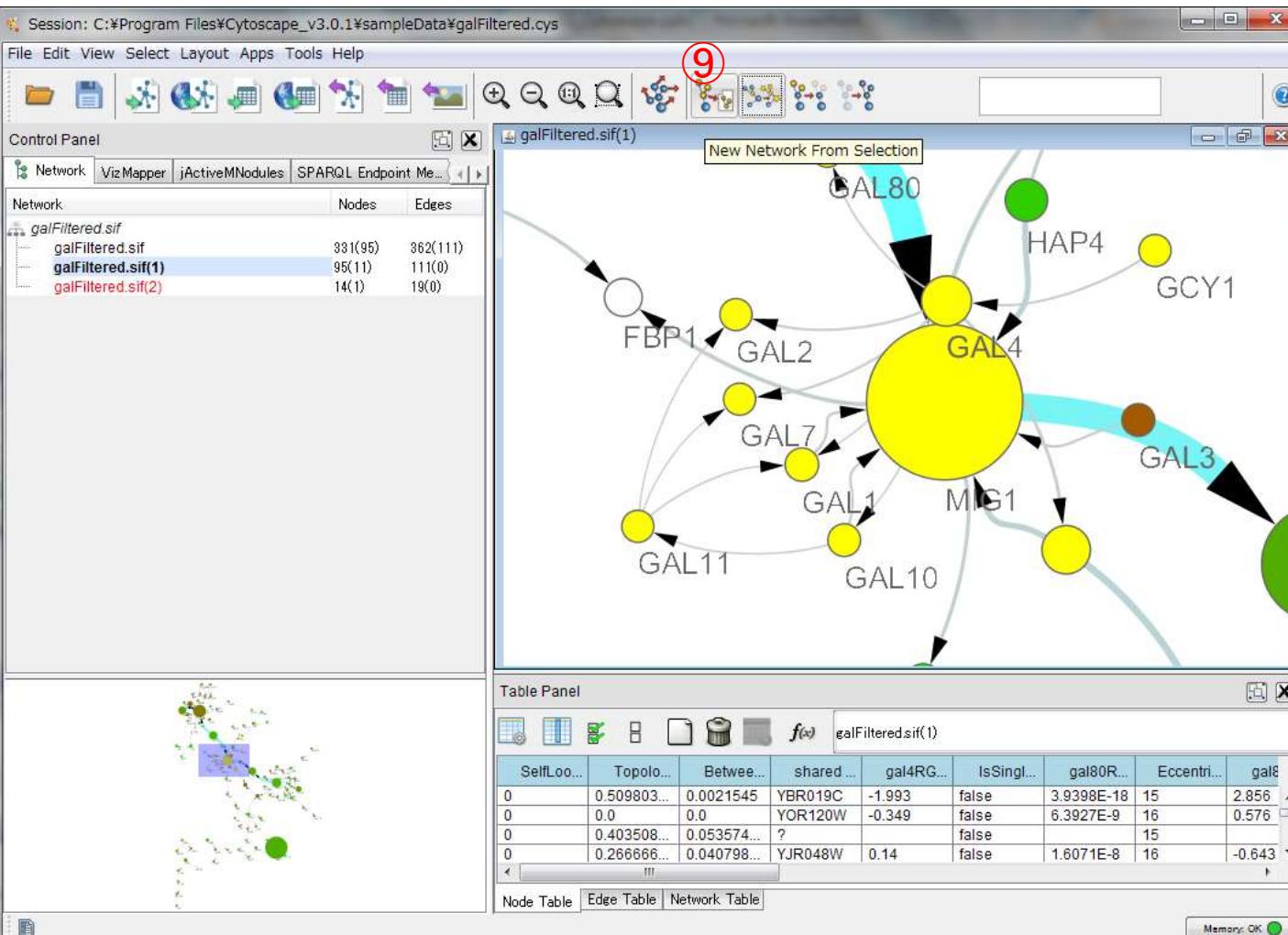
SelfLoo...	Topolo...	Betwee...	shared ...	gal4RG...	IsSingl...	gal80R...	Eccentri...	gal80R...
0	0.194736...	0.059073...	YPL248C	-0.758	false	0.088214	15	-0.211
0	0.42	9.251E-5	YOL051W	0.055	false	0.30922	16	0.111

低発現遺伝子（黒、赤色ノード）の周辺にあるGAL4, 11に注目し、それらと直接相互作用する遺伝子（タンパク質）を検索する。

⑦ メインネットワークビューで、Shiftキーを押しながらGAL4, 11を複数選択

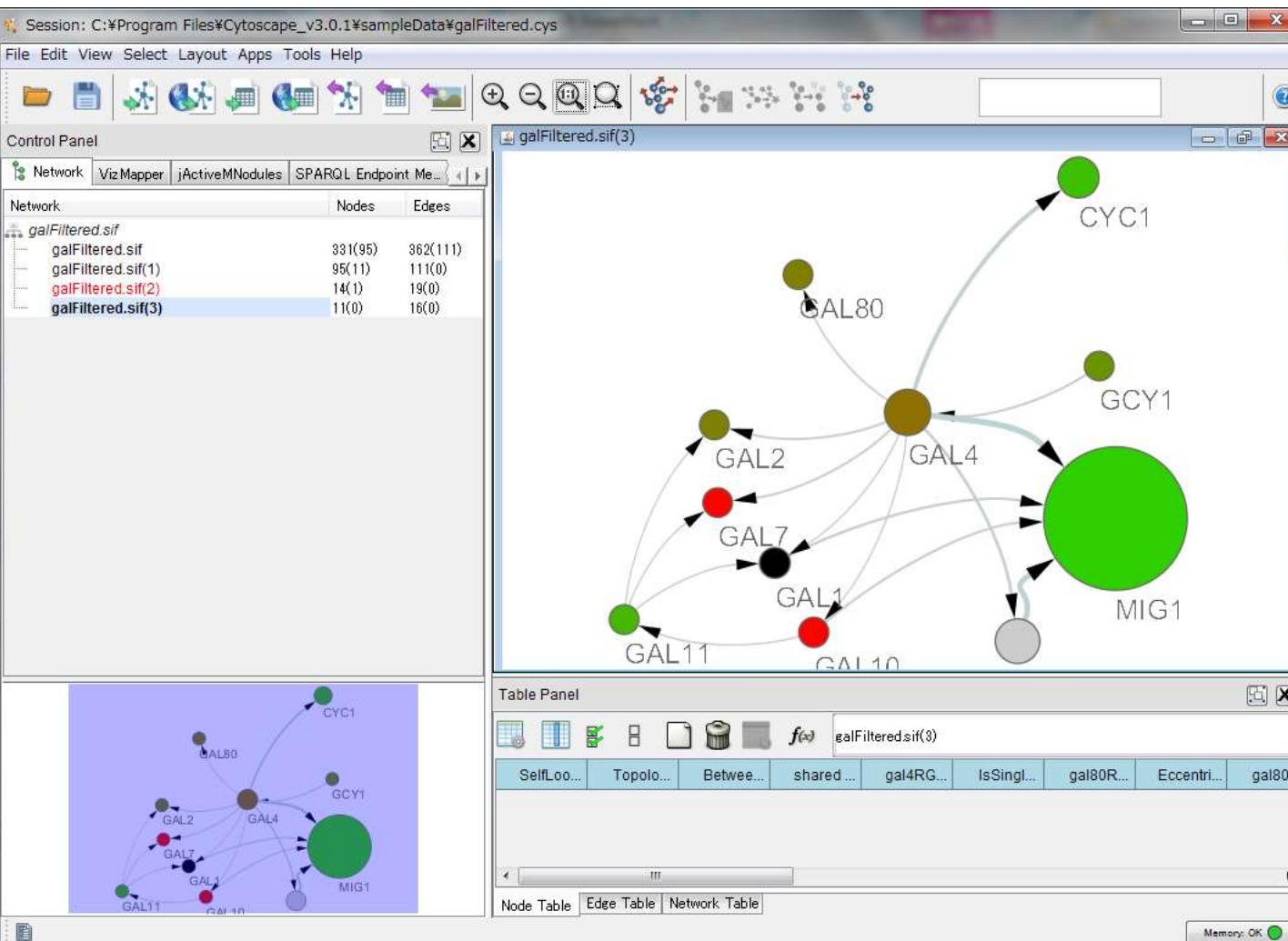
⑧ アイコンメニュー「First Neighbors of Selected Nodes」をクリック

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 7 of 8



⑨アイコンメニュー「New Network From Selection」をクリック

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 8 of 8



⑩ GAL4, 11と
相互作用する遺
伝子（タンパク
質）を抽出

プラグインの紹介

Manage Plugins

データ解析、ネットワーク解析、等の拡張機能は「App Manager」で導入、実行、管理する

- ① メインメニュー
「Apps」「App Manager」を選択

エンリッチメント
解析

グラフ解析

オントロジー解析

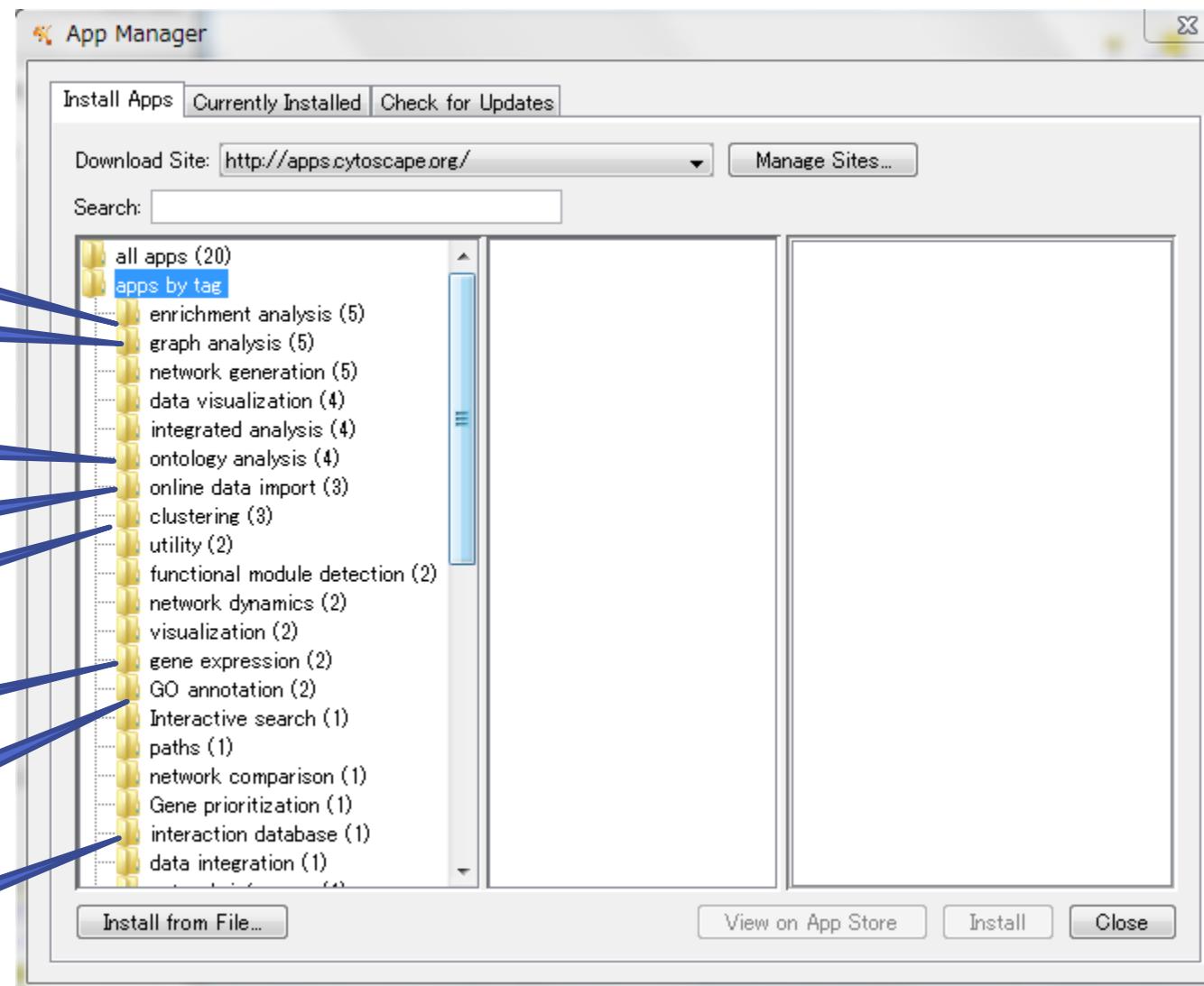
データインポート

クラスタリング

遺伝子発現

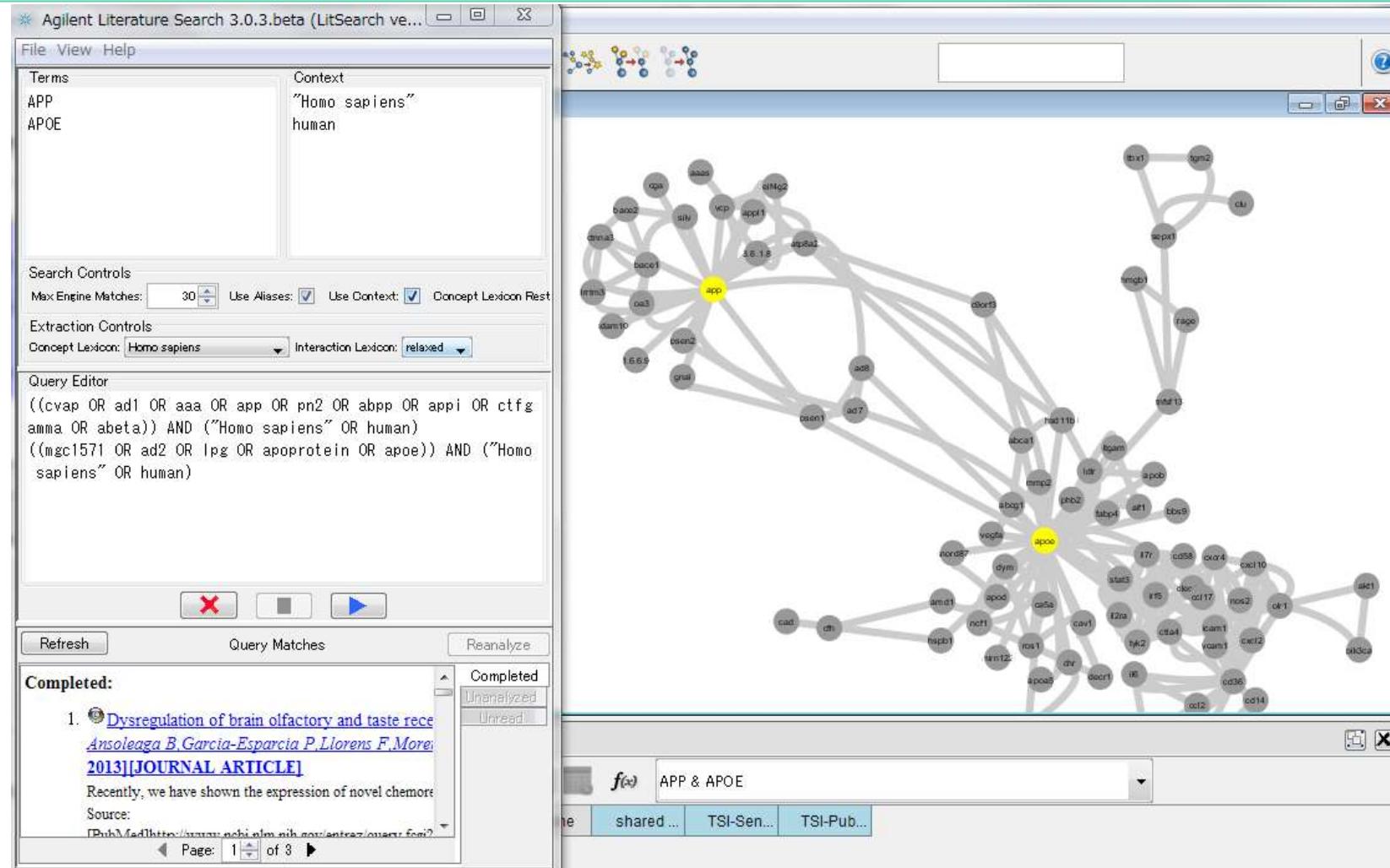
GOアノテーション

相互作用DB



Agilent Literature Search

Pubmed、OMIM、USPTO（米国特許商標庁）を情報元として、検索キーワードと関係のある相互作用情報をマイニングし、ネットワーク表示するツール



ClueGO

過剰発現遺伝子群など遺伝子クラスターを対象に、GeneOntology, Keggなどを使って機能予測するツール

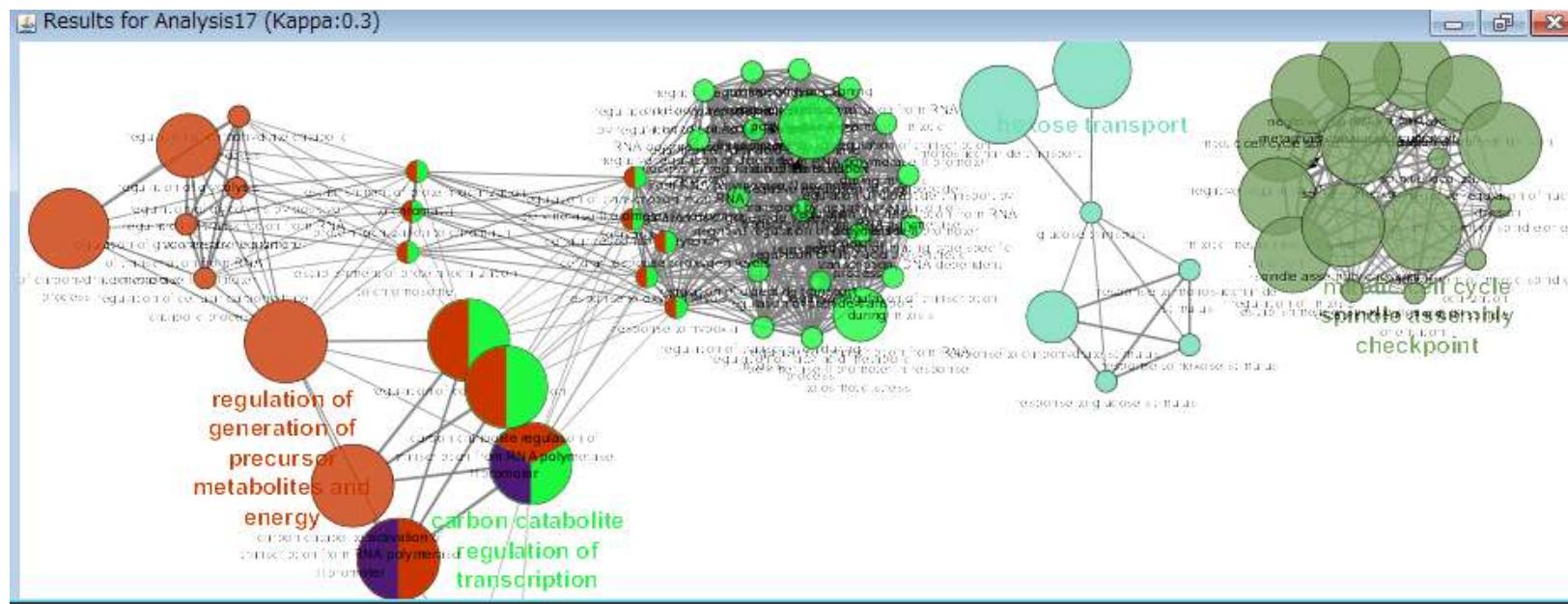


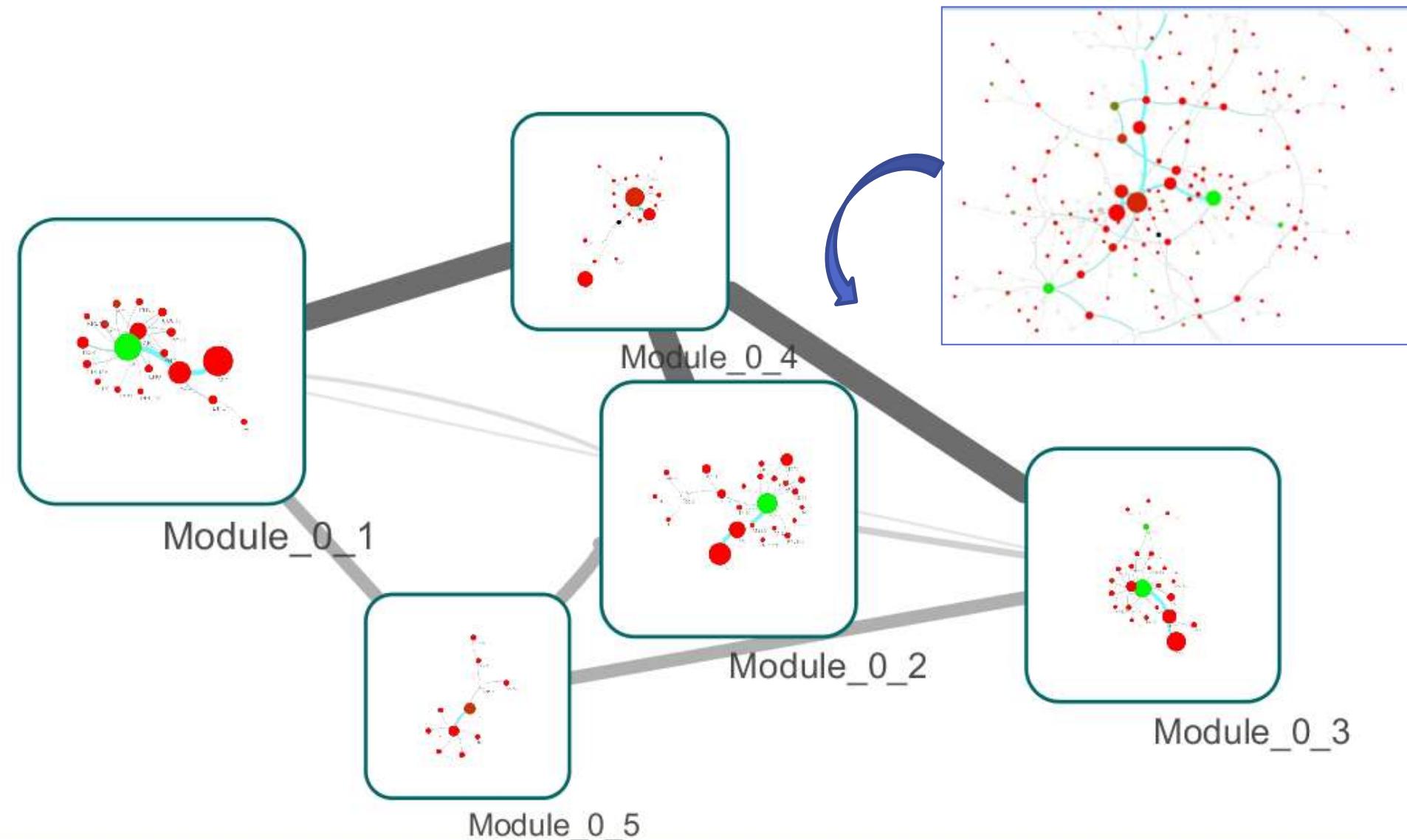
Table Panel

Results for Analysis 15 Results for Analysis 16 Results for Analysis 17											
ClueGO 161 nodes selected in [SymbolID] Cluster #1 Overview Cluster #1 ClueGO Log											
Save ClueGO Project Close ClueGO Project											
G...	GO Term	Ontology...	GO L...	GO ...	% As...	Nr. ...	Ter...	Term P...	Group...	Associated Genes Found	
<input checked="" type="checkbox"/> 516...	spindle localization	GO_Biol...	[3, 4]	Group0	4.762	3	7.1 E-3	2.1 E-1	7.4 E-4	8.1 E-3	[YHR115C, YNL116W, YOR326W]
<input checked="" type="checkbox"/> 512...	establishment of spindle localization	GO_Biol...	[3, 4, ...]	Group0	4.762	3	7.1 E-3	2.1 E-1	7.4 E-4	8.1 E-3	[YHR115C, YNL116W, YOR326W]
<input checked="" type="checkbox"/> 400...	establishment of mitotic spindle localizati...	GO_Biol...	[3, 4, ...]	Group0	5.263	3	5.4 E-3	1.9 E-1	7.4 E-4	8.1 E-3	[YHR115C, YNL116W, YOR326W]
<input checked="" type="checkbox"/> 7091	mitotic metaphase/anaphase transition	GO_Biol...	[3, 4, ...]	Group0	4.38	6	2.2 E-4	1.2 E-2	7.4 E-4	8.1 E-3	[YDL088C, YER133W, YHR115C, YJL030...]
<input checked="" type="checkbox"/> 517...	regulation of nuclear division	GO_Biol...	[4, 5, ...]	Group0	4.255	6	2.6 E-4	1.4 E-2	7.4 E-4	8.1 E-3	[YDL088C, YER133W, YHR115C, YJL030...]
<input checked="" type="checkbox"/> 512...	establishment of spindle orientation	GO_Biol...	[4, 5, ...]	Group0	5.263	3	5.4 E-3	1.9 E-1	7.4 E-4	8.1 E-3	[YHR115C, YNL116W, YOR326W]
<input checked="" type="checkbox"/> 7088	regulation of mitosis	GO_Biol...	[4, 5, ...]	Group0	4.255	6	2.6 E-4	1.4 E-2	7.4 E-4	8.1 E-3	[YDL088C, YER133W, YHR115C, YJL030...]

類似のツール : BiNGO

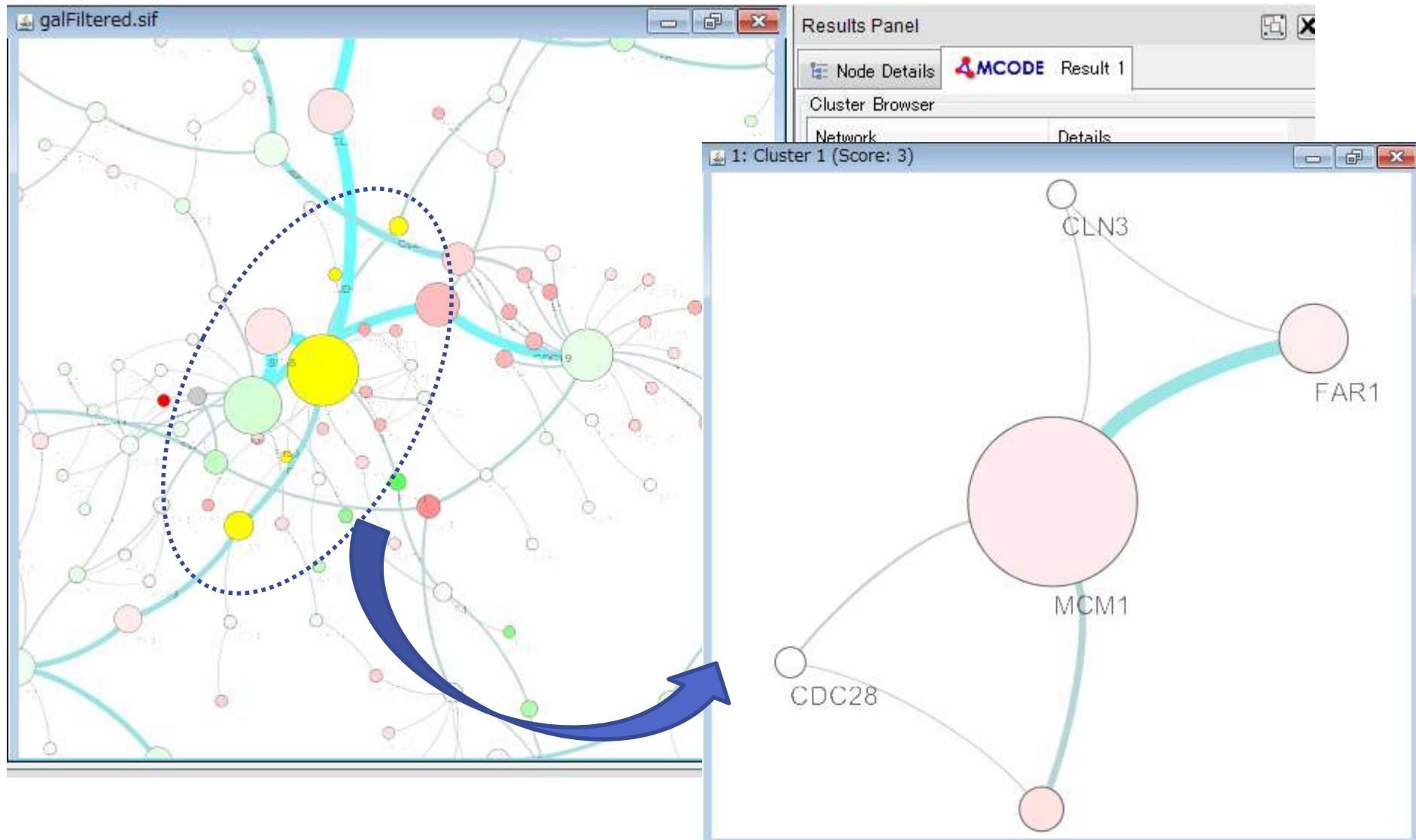
jActiveModules

遺伝子発現量などの情報をもとに、大規模なネットワークの中からクラスターを発見するツール



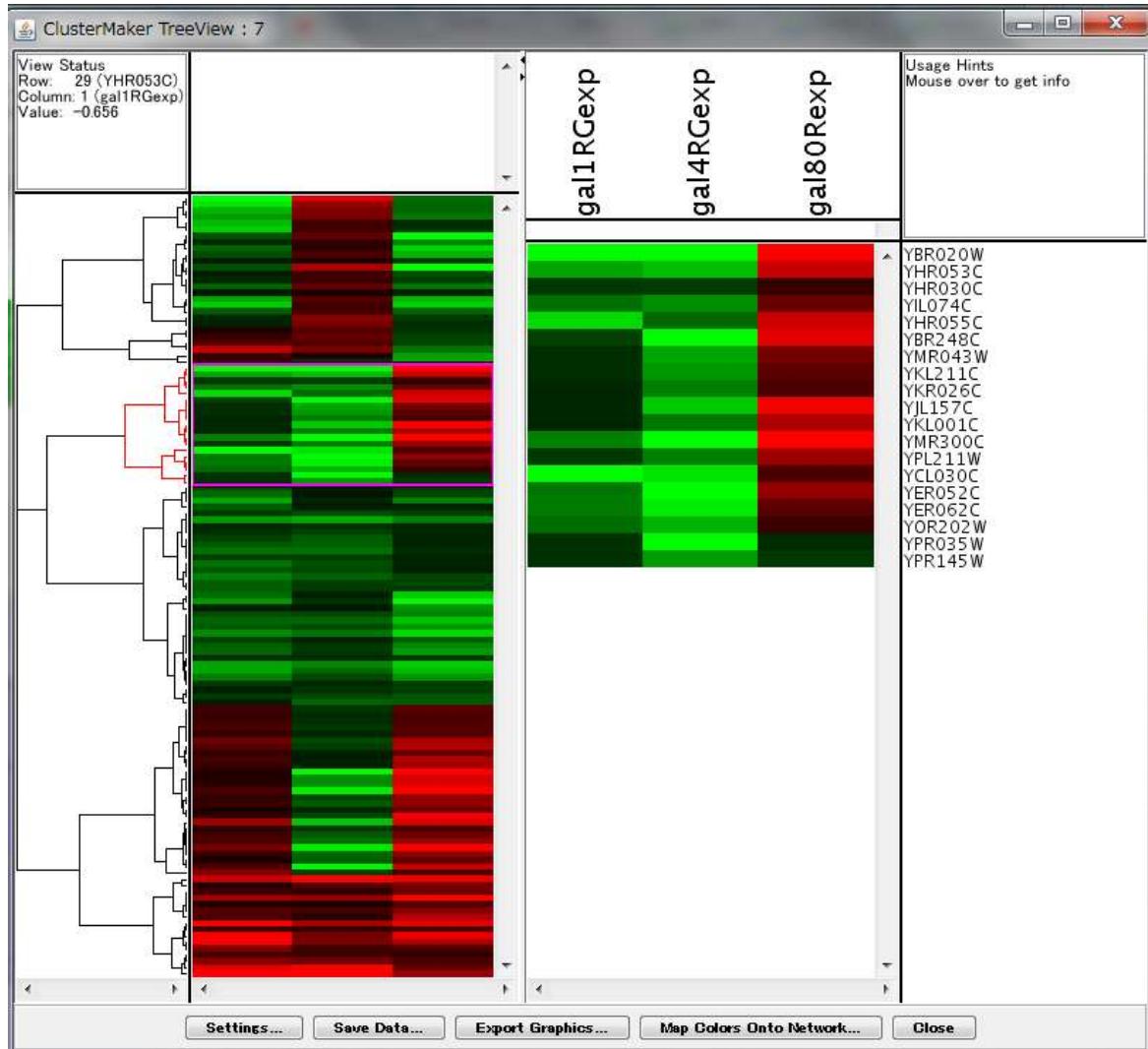
MCODE

ネットワーク分析により、大規模なネットワークの中からクラスターを発見するツール



clusterMarker (Cytoscape 2.x)

階層クラスタリングやk-means法による遺伝子クラスタリングを行うツール



TIPS

知っていると便利なよく使う操作方法

1. 作成したパスウェイを削除する。
 1. Controlパネルの「Network」で、対象のパスウェイを選択。
 2. 右クリックで、「Destroy Network」を選択。
2. 作業（パスウェイの編集、作成）の内容をすべて消去して、最初から作業し直す。
 1. メインメニュー「File」の「New」、「Session」を選択。
3. 複数のネットワークを結合（マージ）する。
 1. メインメニュー「Tools」の「Merge Networks」を選択
 2. Advanced Network Mergeのウィンドウで「union」を選択し、マージしたいネットワークを選択。「右向き矢印」を押し、「Merge」ボタンを押す。

参考

情報提供、共有サイト 1 of 2

- Cytoscape 3.x のチュートリアル集
 - <http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Portal:Cytoscape3>
- Cytoscape 2.x のチュートリアル集
 - <http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Portal:Cytoscape>
 - Basic Expression Analysis – Yeast
 - http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Tutorial:Basic_Expression_Analysis_in_Cytoscape
- Cytoscape Japanese Documentation Project
 - <http://cydoc.sourceforge.jp/cydocwiki/>
- Cytoscapeに関する日本語情報のポータルサイト
 - (新) Cytoscape J
 - <http://cytoscape.wordpress.com/>
 - (旧) Cytoscape Info
 - <http://cytoscape.seesaa.net/>

情報提供、共有サイト 2 of 2

- 統合TV
 - Cytoscape を使い倒す！～基本操作編～ (Cytoscape 2.x)
 - <http://togotv.dbcls.jp/20110603.html>
 - Cytoscape を使い倒す！～応用発展編～ (Cytoscape 2.x)
 - <http://togotv.dbcls.jp/20110630.html>
- ボランティアによる日本語チュートリアル
 - <http://wiki.livedoor.jp/bioinformatics/d/Cytoscape/Tutorials>
(日本語)
- ネットワーク解析リンク集
 - http://wiki.cytoscape.org/Network_analysis_links (少し古め)

謝辞

- ・本資料を作成するに当たり、Cytoscape開発者の大野圭一郎氏（UCSD）からご助言、最新の情報をいただきました。感謝申し上げます。
- ・また、本資料は、National Resource for Network Biology (NRNB) Showcaseの Introduction to Cytoscape (<http://nrnb.org/showcase-intro.html>) および、Basic Expression Analysis in Cytoscape (<http://nrnb.org/showcase-expression.html>) 他を参考に作成しました。