

CYTOSCAPEを使った データの可視化

統合データベース講習会：AJACS京都 2

2016年9月1,2日

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

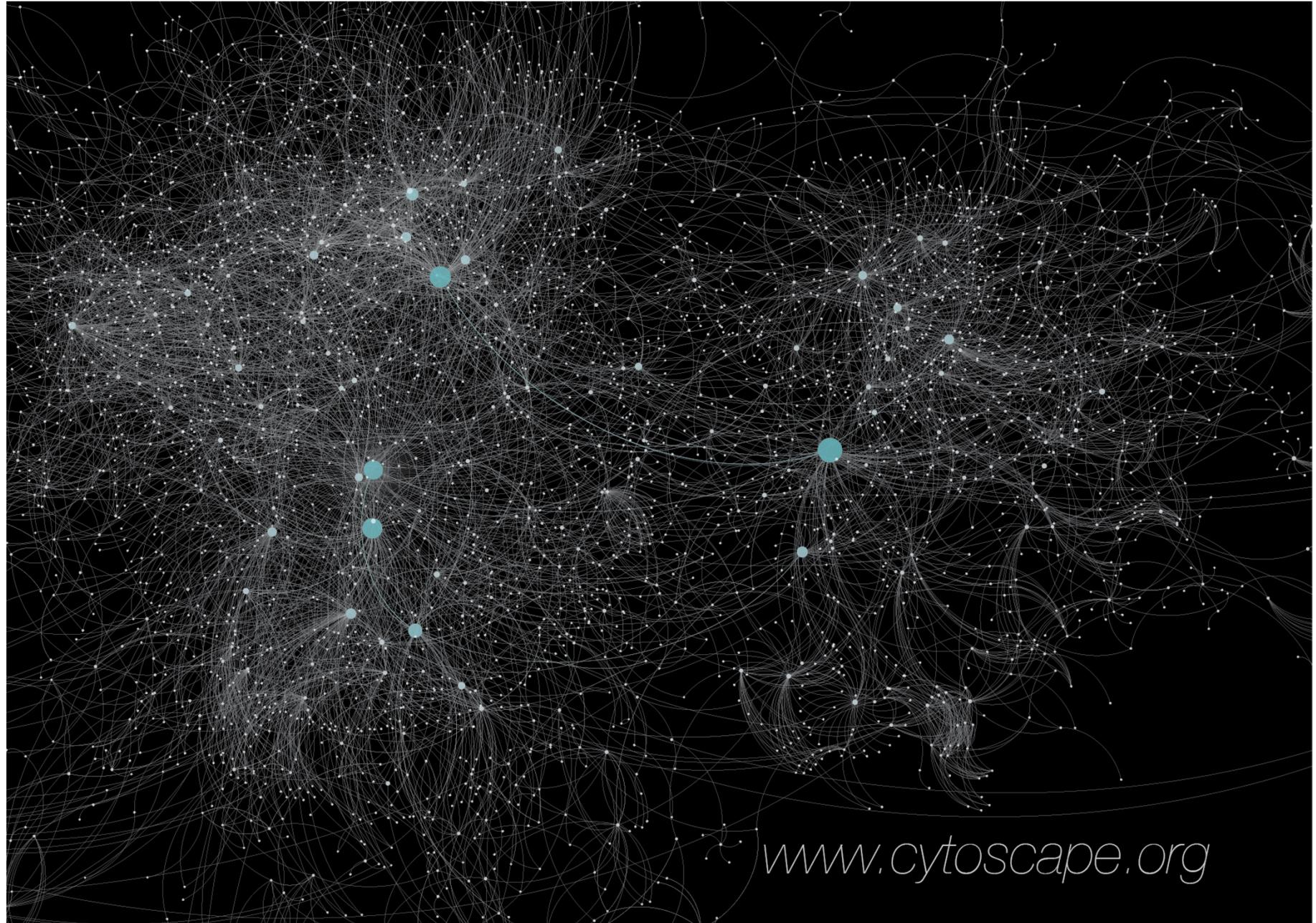
ライフサイエンスデータの可視化

- 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。



www.cytoscape.org

この資料の構成

- 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31～42）
 - 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43～48）
- データ解析の例（スライド49～59）
- Apps（プラグイン）紹介（スライド60～65）
- TIPS（スライド66～68）
- 参考資料（スライド69～72）

Cytoscapeについて

Cytoscapeとは？

- Cytoscape: An Open Source Platform for Complex Network Analysis and Visualization
- バージョン
 - Cytoscape 2.x系, Cytoscape 3.x系, and cytoscape.js.
 - Mainstream version
 - Legacy version
 - JavaScript library
- 開発者
 - http://www.cytoscape.org/development_team.html
- ユーザードキュメント（チュートリアル、ユーザーマニュアル）
 - http://www.cytoscape.org/documentation_users.html
- 最新版（2016年8月24日現在）
 - 3.4.0
 - <http://www.cytoscape.org/download.php>

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
 - 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



セッションファイルの取扱

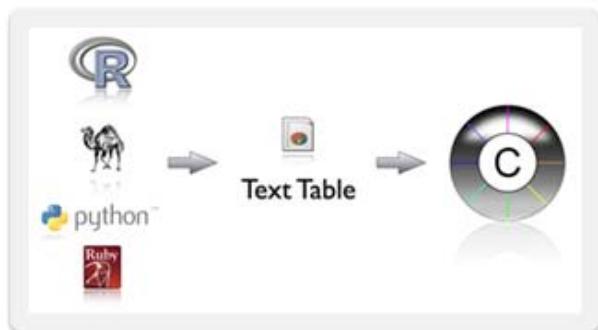
グラフ（パスウェイ、ネットワーク）のノード、エッジの属性、画面サイズ、解析の経過を保存



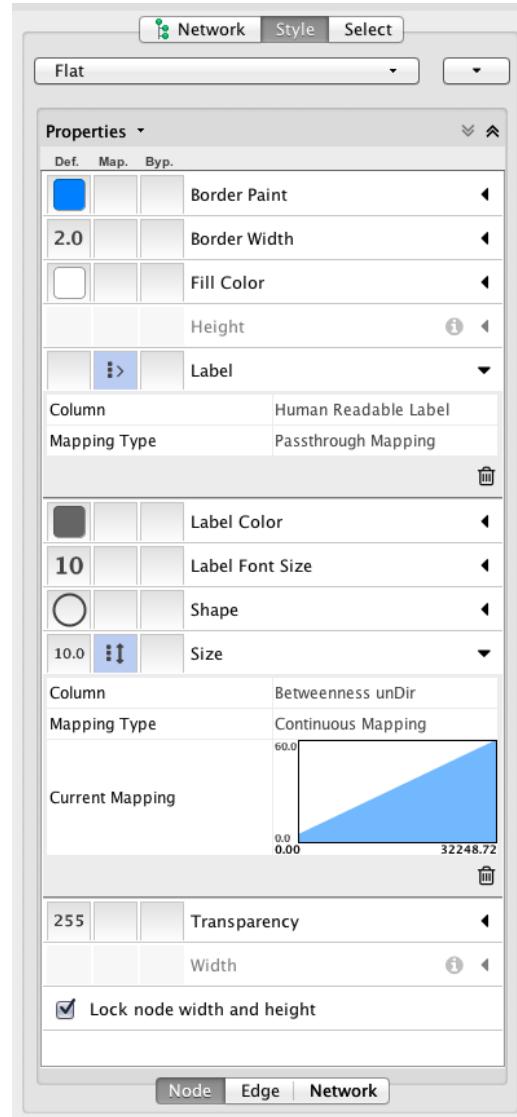
データの相互運用

- 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）

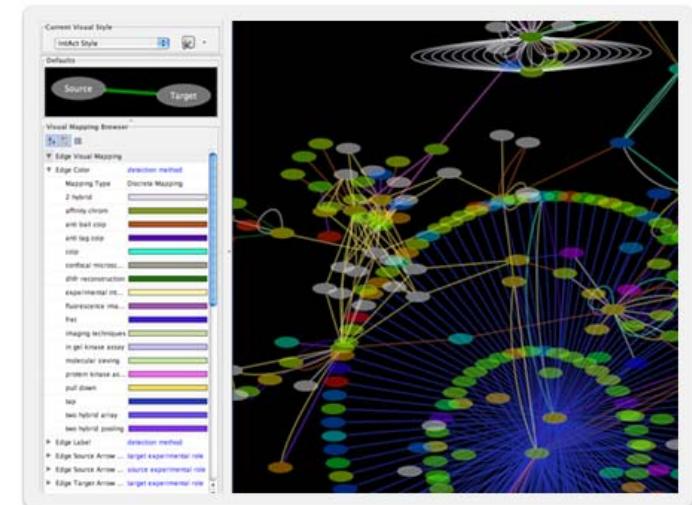
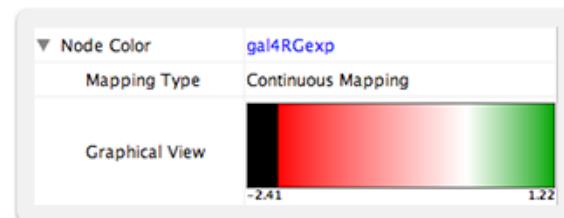
- <http://cytoscape.seesaa.net/article/47154734.html>



柔軟なデータ可視化機能



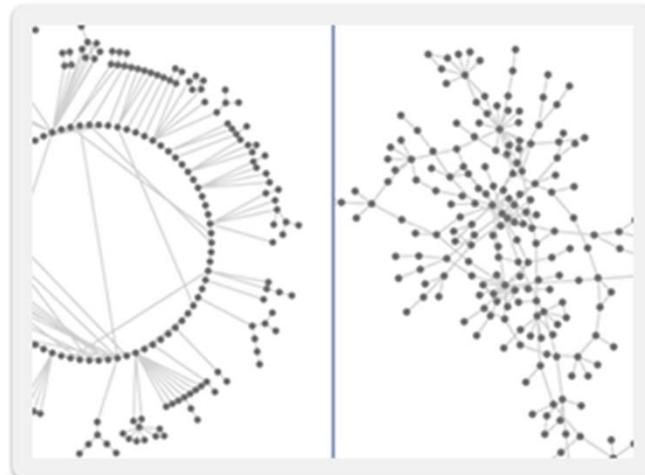
- Visual Style : 名前、タイプ、度数、頻度、発現量などの属性データを、ノードやエッジの色、大きさ、形、フォントタイプで表現。



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

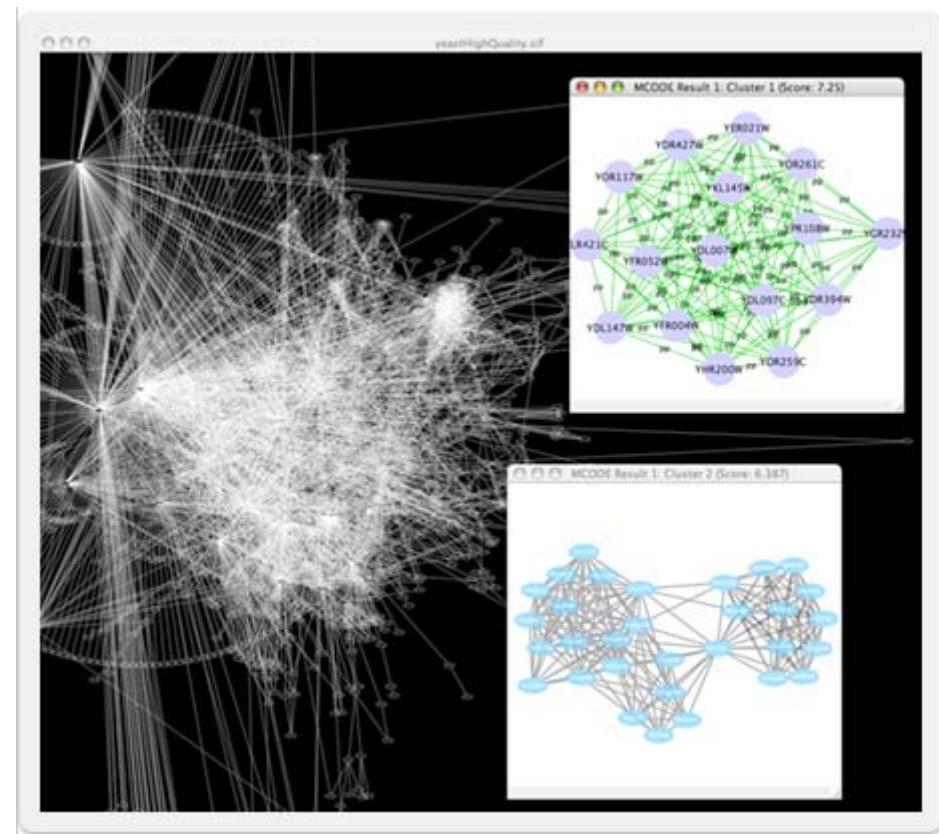
The screenshot shows a software interface for pathway search. At the top, there is a search bar with the text "Search: cell wall (sensu the fungi re...)" and a dropdown menu labeled "ESP:" containing several items: "carbamoyl-phosphate synt...", "ccaaat-binding factor complex", "cellular_component", "cell wall (sensu the fungi re...)", and "central plaque of spindle pol...". Below this, a search bar contains the query "KEGG AND mapk* AND nucleus". The main area is titled "Data Panel" and displays a table with columns "ID", "annotation.GO CELLULAR_COMPONENT", and "Pathway". The table lists several yeast genes and their associated cellular components and pathways.

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...]

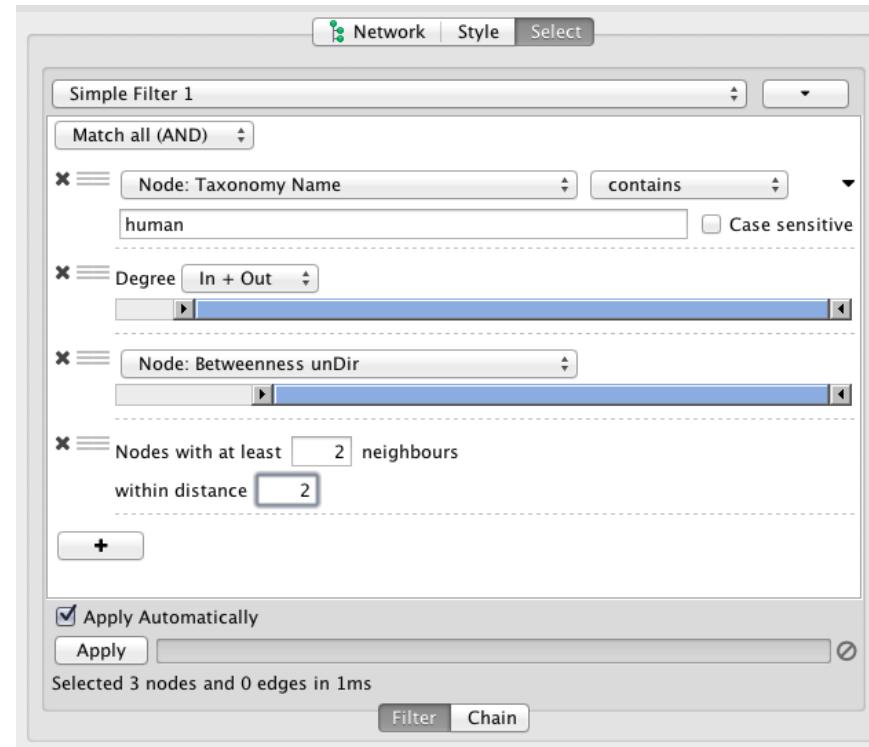
- ノードやエッジ（の属性）に対するキーワード検索を実装
- And/or検索、前方一致、後方一致などにも対応

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。

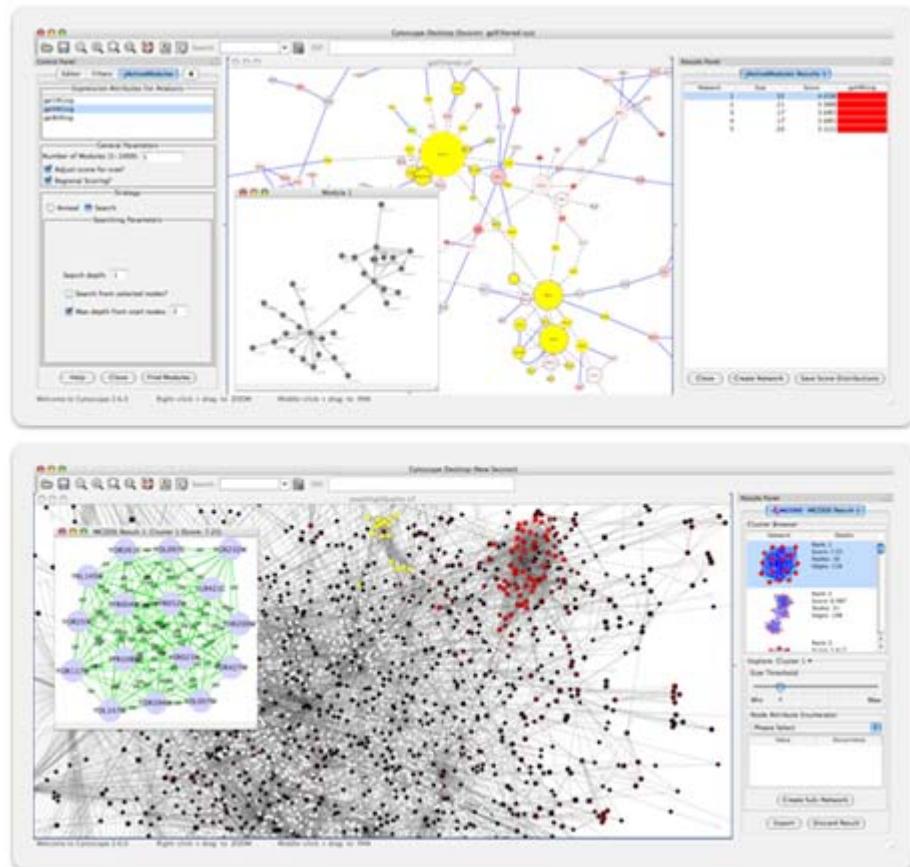


フィルタリング機能



- 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

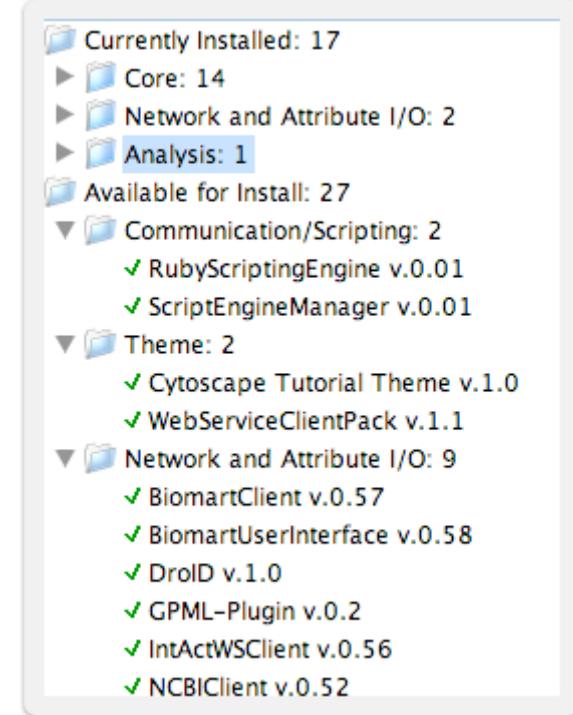
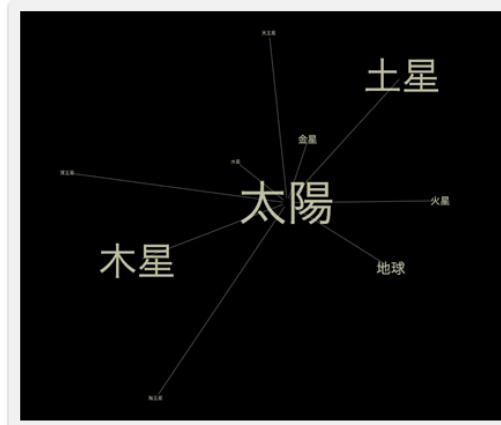


- （特定のプラグインを用いることで、）遺伝子ネットワーク内で特徴的に発現しているパスウェイの部分構造（サブパスウェイ）や、PPIにおける複合体、およびProtein similarity networkにおけるプロテインファミリーのクラスター発見を可能にする。

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！

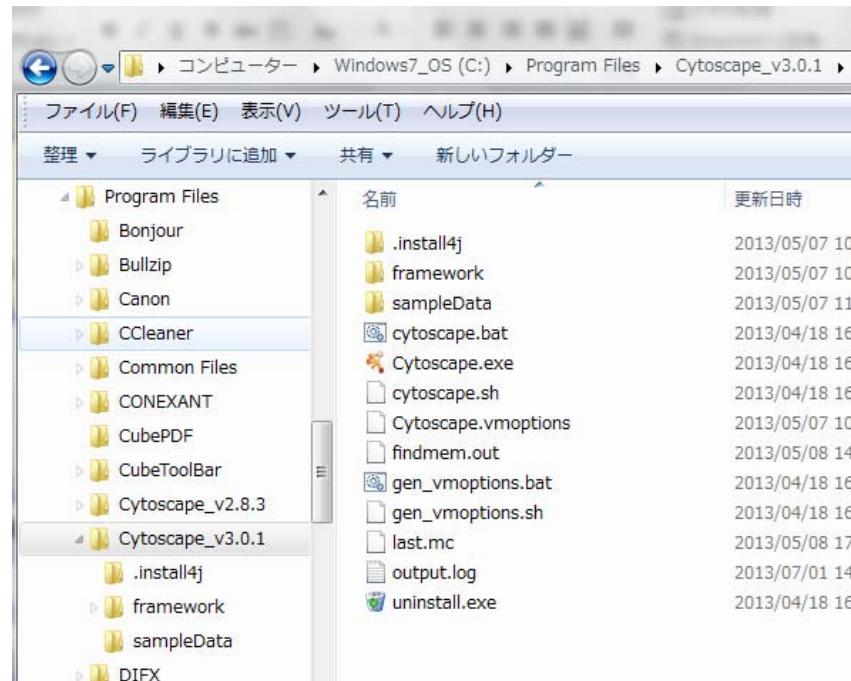
多言語対応



基本操作

使用メモリー量の設定

- 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_v3.4.0にある）をテキストエディタで開き、例えば、「Xmx***」を「Xmx4G」に修正する。



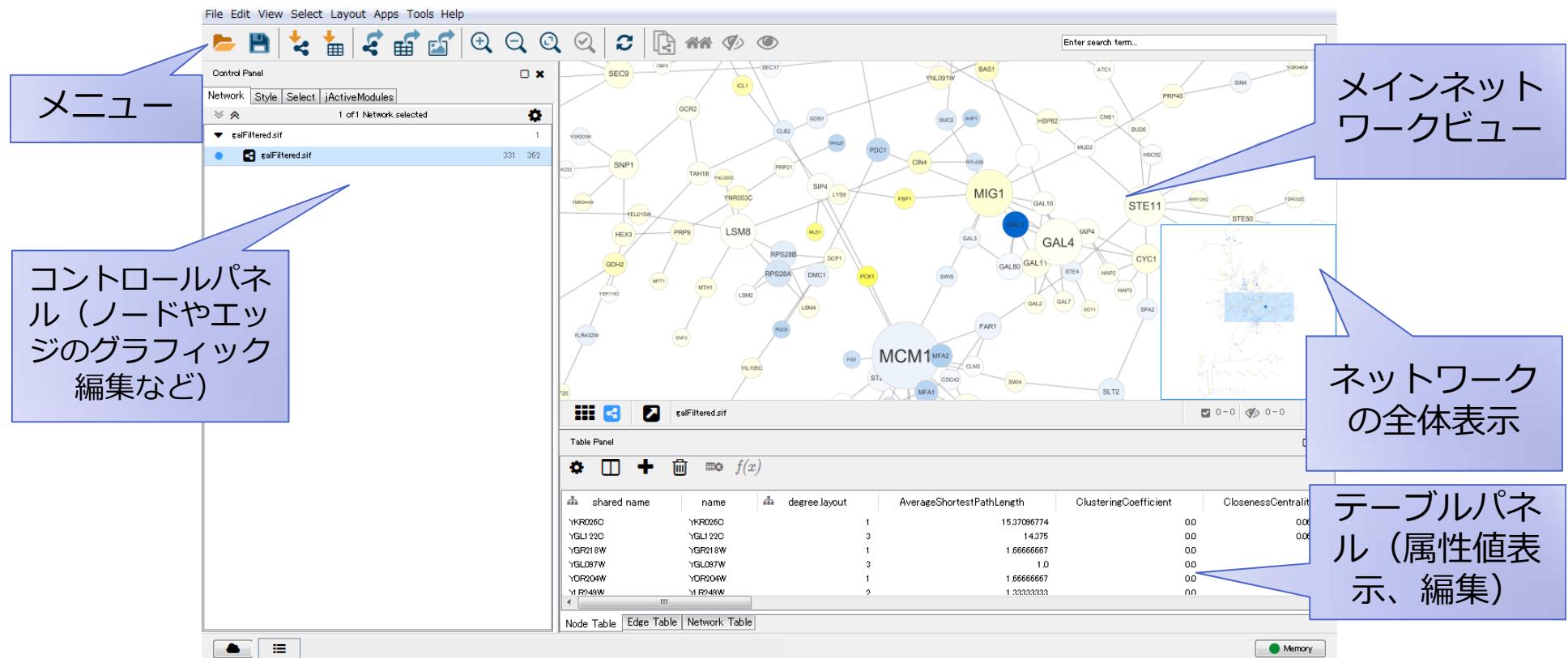
-Xms2G
-Xmx4G

<http://manual.cytoscape.org/en/stable/index.html>
の 2.2. Getting Started
“Note on Memory Consumption”を参照。

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

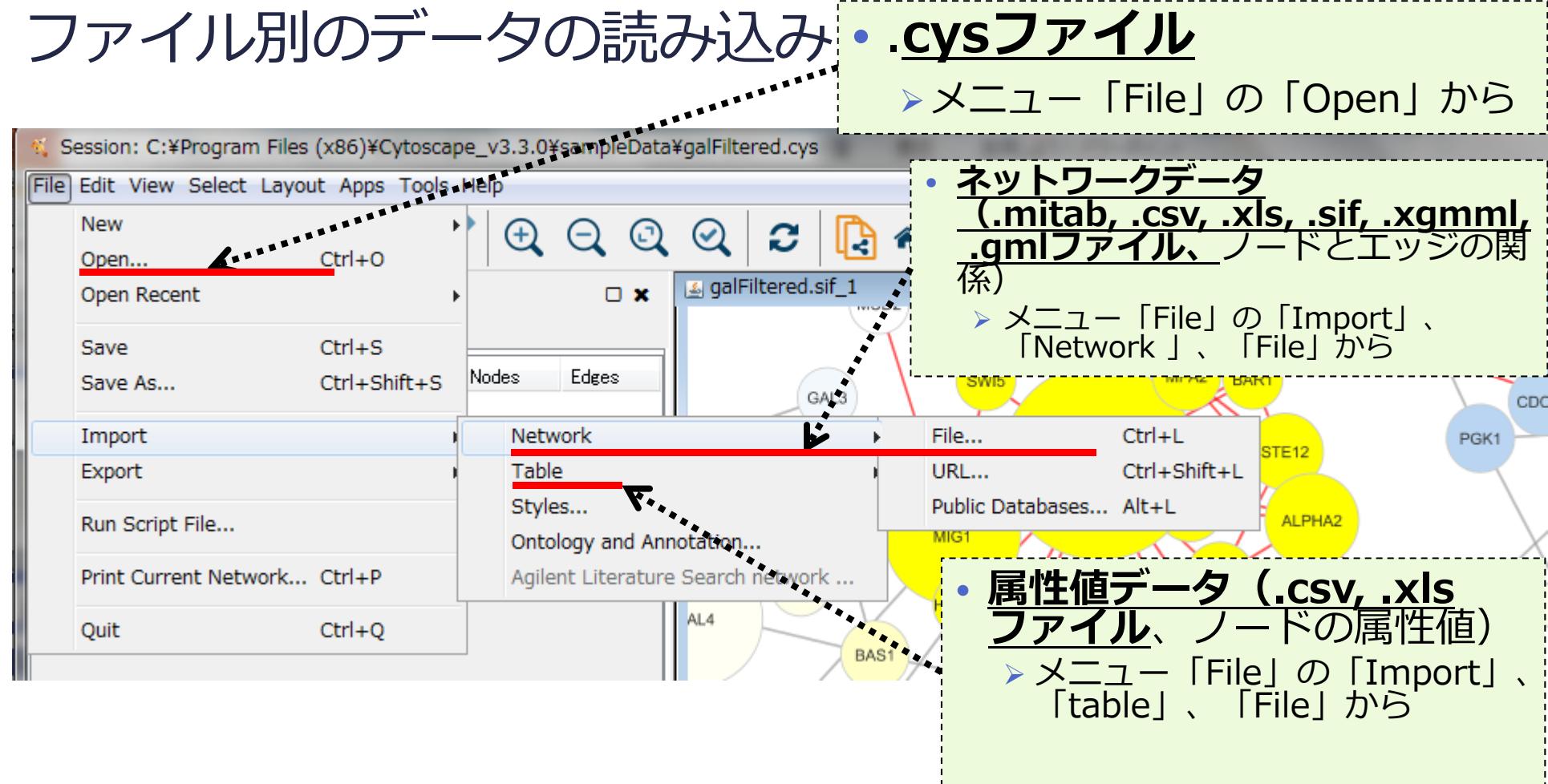
起動

実習1. Cytoscape.exe（例、C:\Program Files\Cytoscape_v3.4.0）を選択（ダブルクリック）して起動してみましょう。



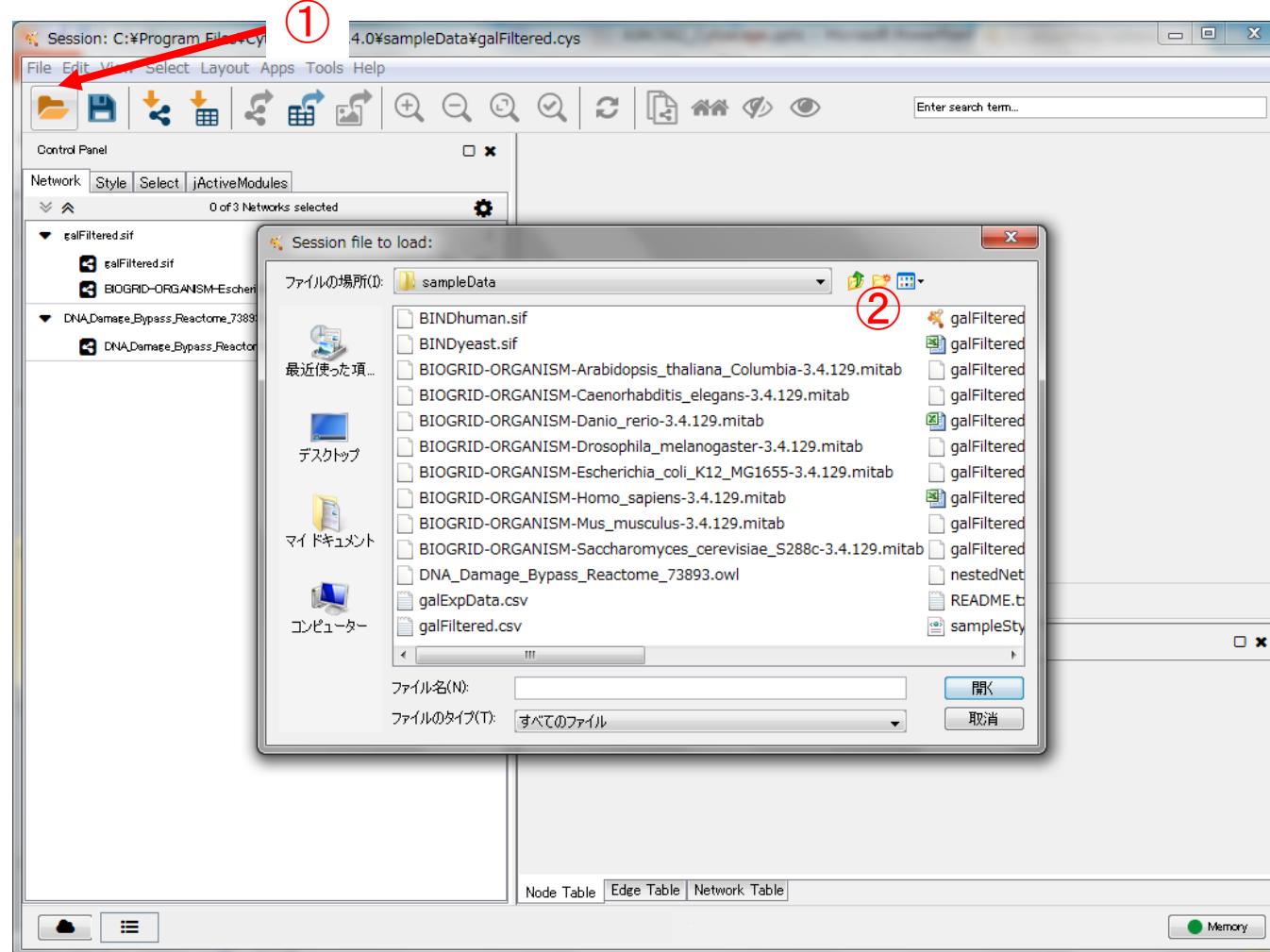
- * Welcome to Cytoscapeのウインドで、右下の「Close」を押してください。
- * 図はgalFiltered.cysファイルを開いた後の表示。

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_v3.4.0\sampleData）の「galFiltered.cys」、「galFiltered.sif」、「galFiltered.csv」、「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

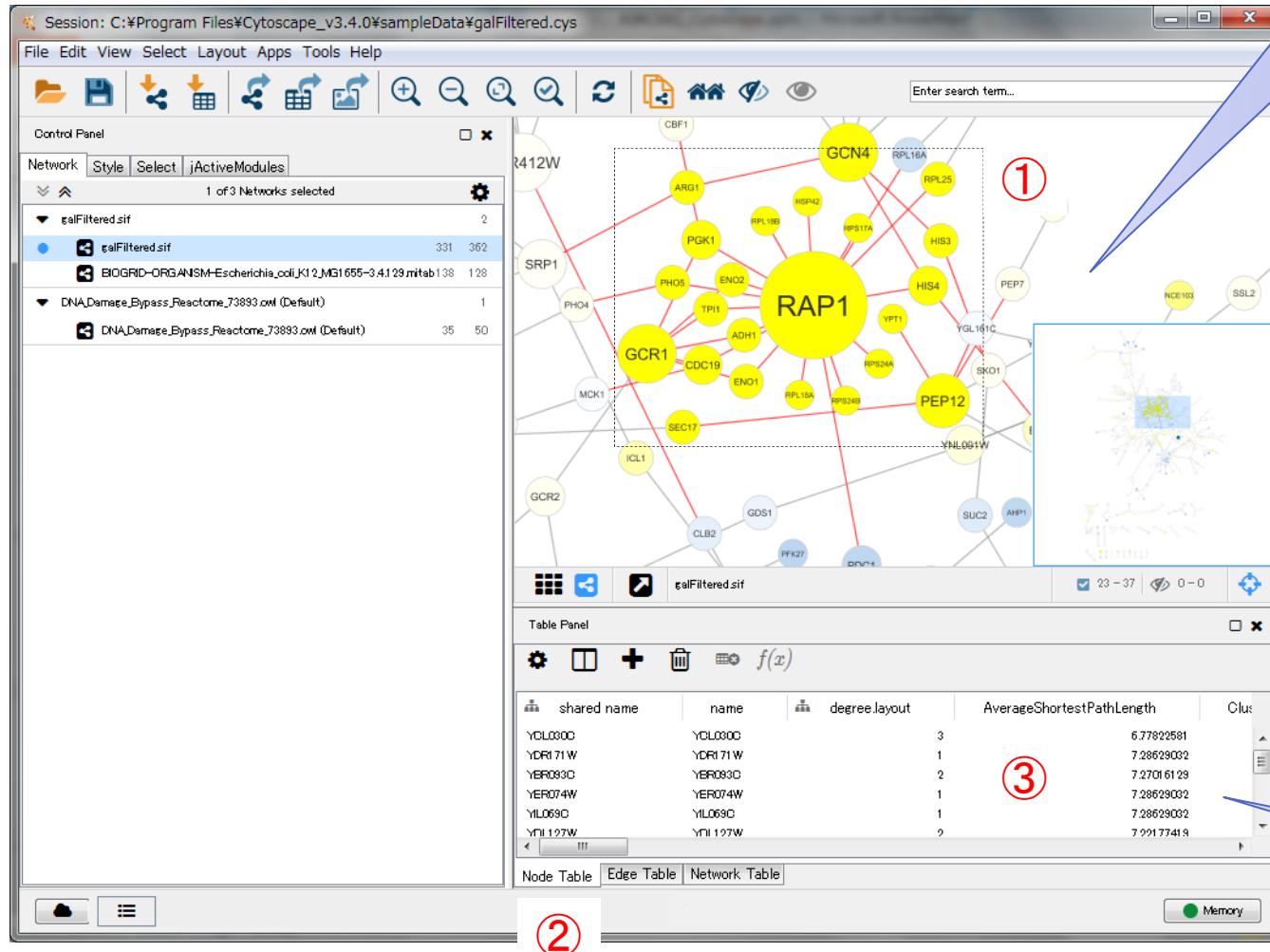
- ①メニュー「File」、「Open」を選択。もしくは、フォルダアイコンを選択。
- ②ウィンドウから「galFiltered.cys」を選択。

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（遺伝子擾動株）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、タンパク質-DNA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



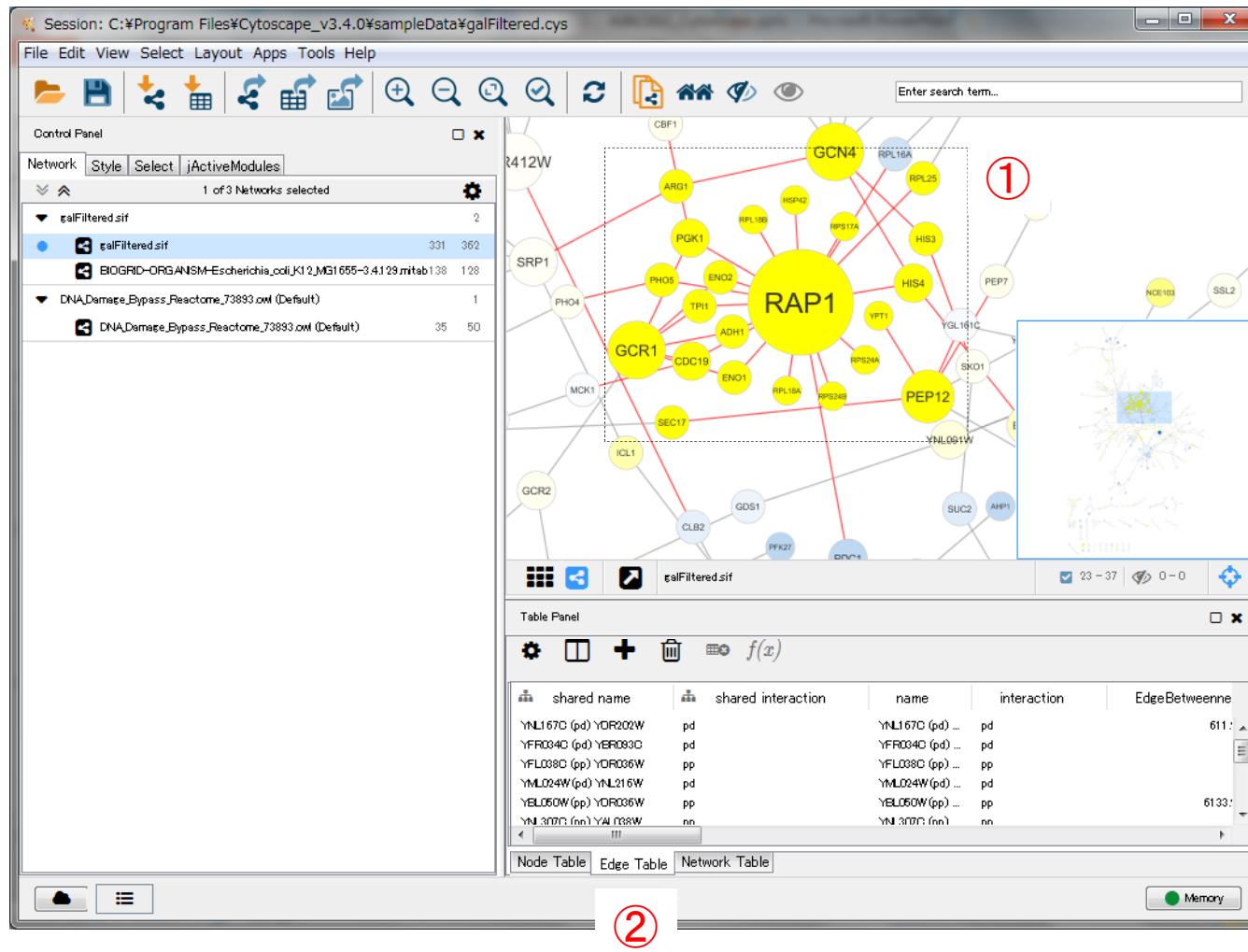
① メインネットワークビュー上で、Shiftキーを押しながら、複数のノード（接点）を選択。もしくはマウスで範囲指定して選択。

② テーブルパネルの「Node Table」を選択

③ 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

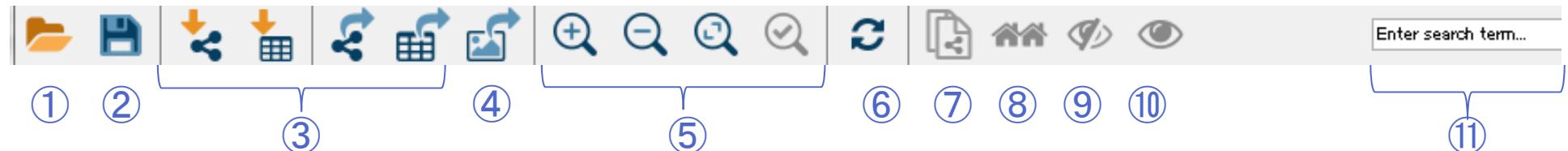


①メインネットワークビュー上で、Shiftキーを押しながら、複数のエッジ（接線）を選択。もしくはマウスで範囲指定して選択。

②テーブルパネルの「Edge Table」を選択。

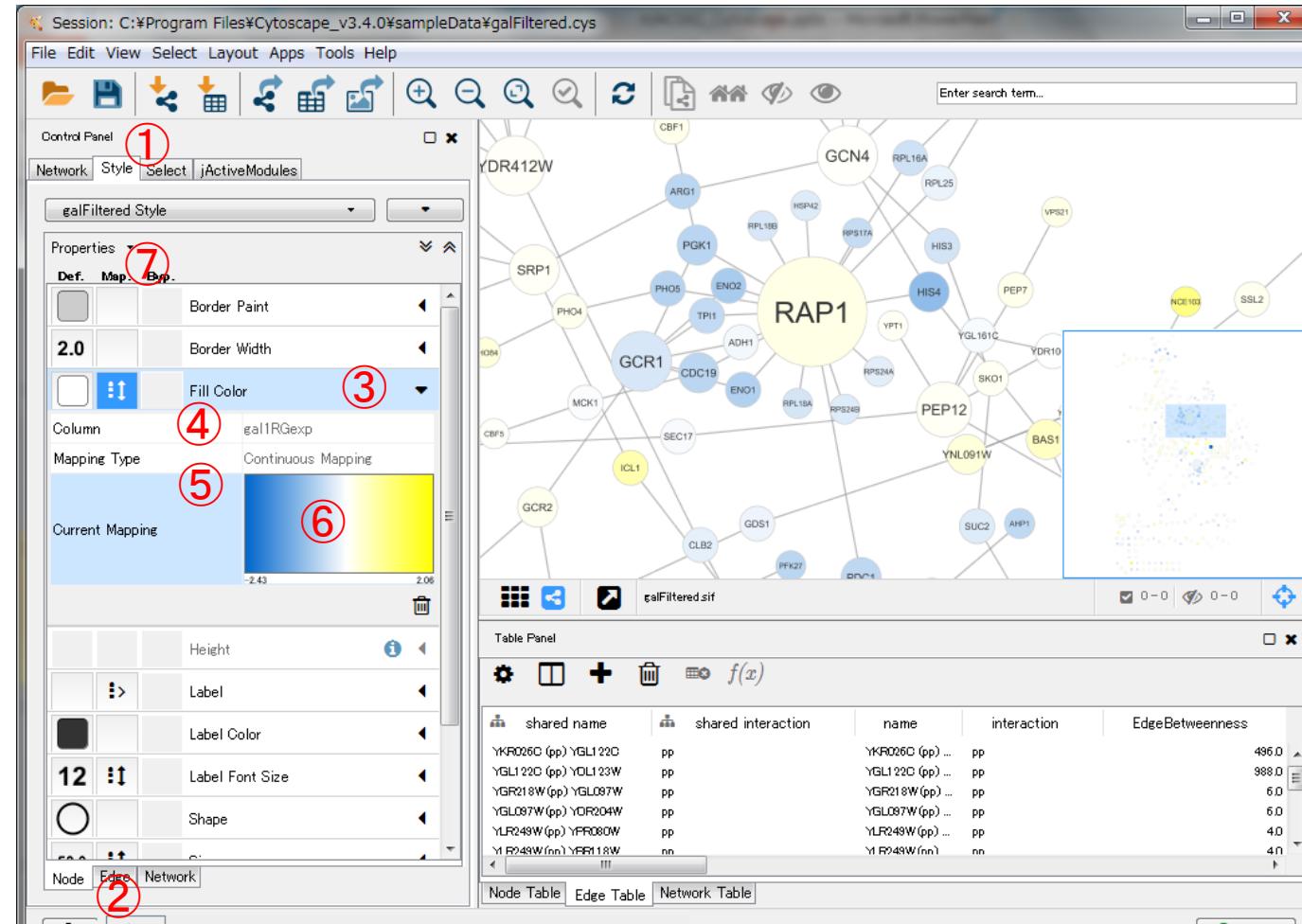
③エッジ（相互作用）の属性情報を確認

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で保存する
- ⑤ ネットワークを拡大、縮小、全体表示、指定した範囲で表示する。
- ⑥ ネットワークを力学モデルレイアウトにする（初期設定では力学モデル）（スライド47参照）
- 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58参照）
- 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57参照）
- 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

Styleを使ったノード色の編集 1 of 3

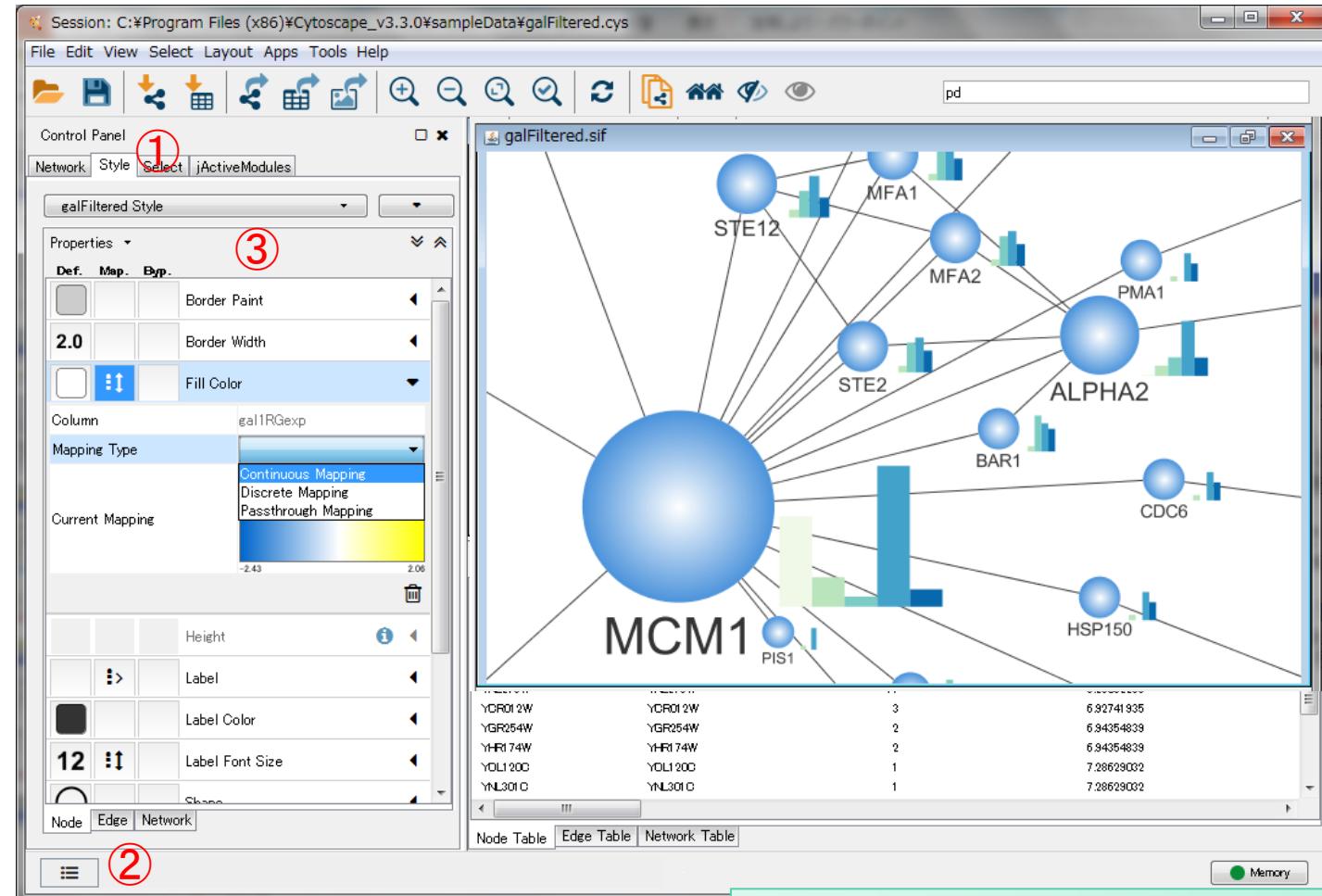


⑦Fill Colorなど目的とする属性が見つからないときは「Properties」をクリックしてみる。

Styleで、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「Style」、
- ② 「Node」タブを選択
- ③ Fill Color 行を開く(三角印を選択)
- ④ Columnで「gal1RGexp」を選択
- ⑤ Mapping Typeで「Continuous Mapping」を選択
- ⑥ Current Mapping横のカラーバー(色帯)をダブルクリック「Continuous Mapping Editor」のウィンドウが表示される

Styleを使ったノード色の編集 0 of 3 (予備スライド)

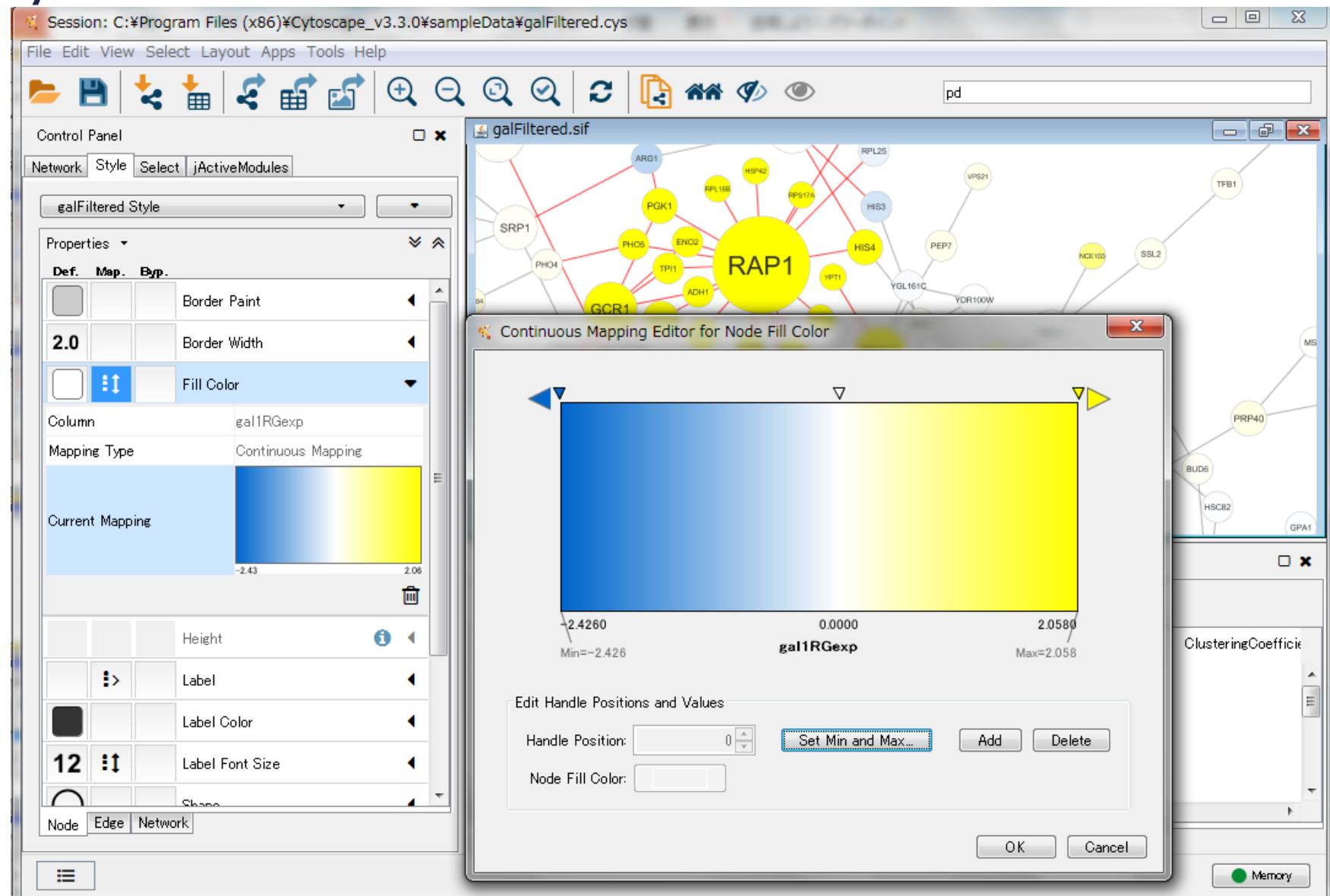


- ①Control Panelで「Style」、
②「Node」タブを選択
③プルダウンメニューで「galFiltered Style」に変更。

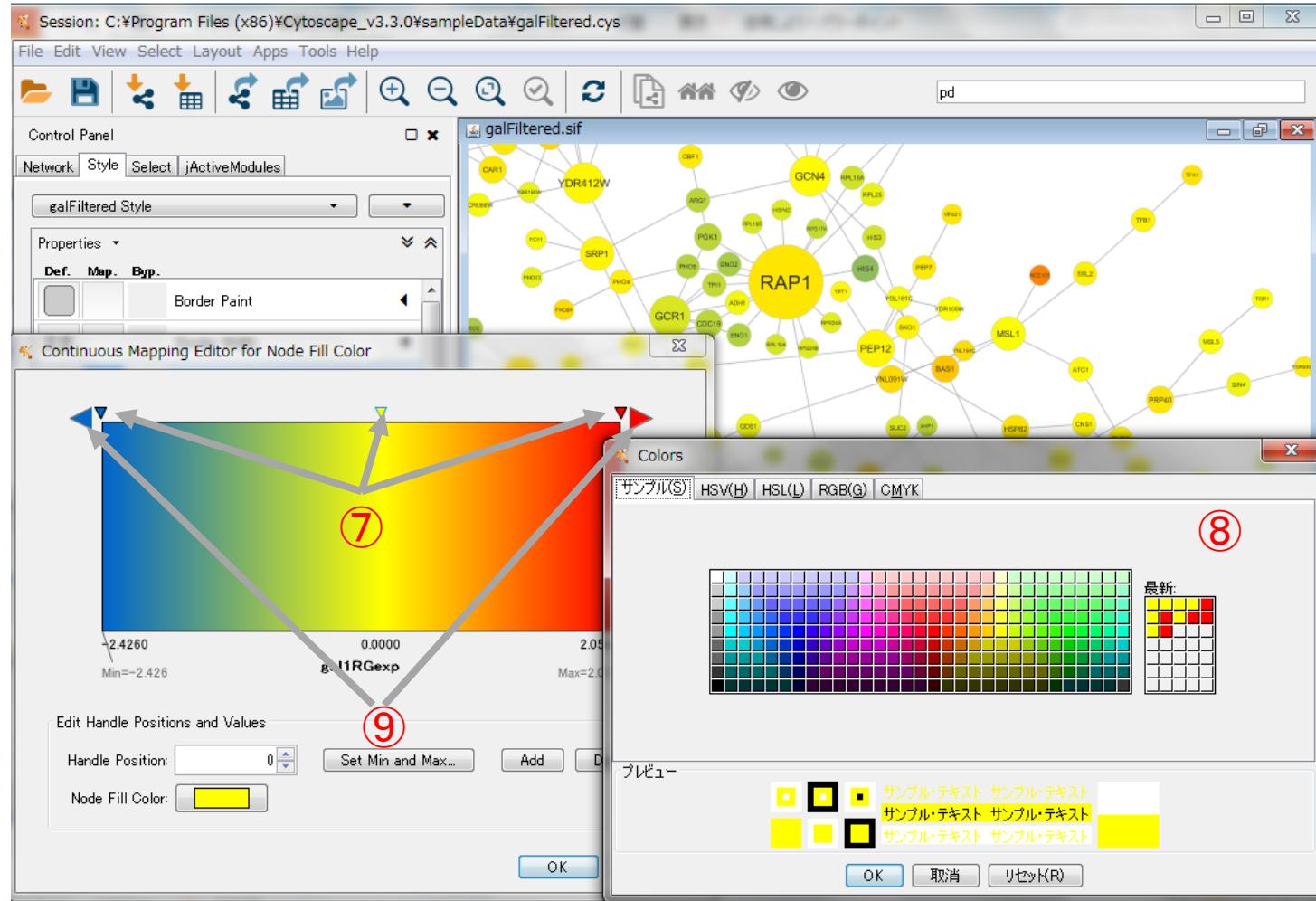


このようなネットワーク図が表示される場合は、右上の手順に従って表示を変更してください。

Styleを使ったノード色の編集 2 of 3



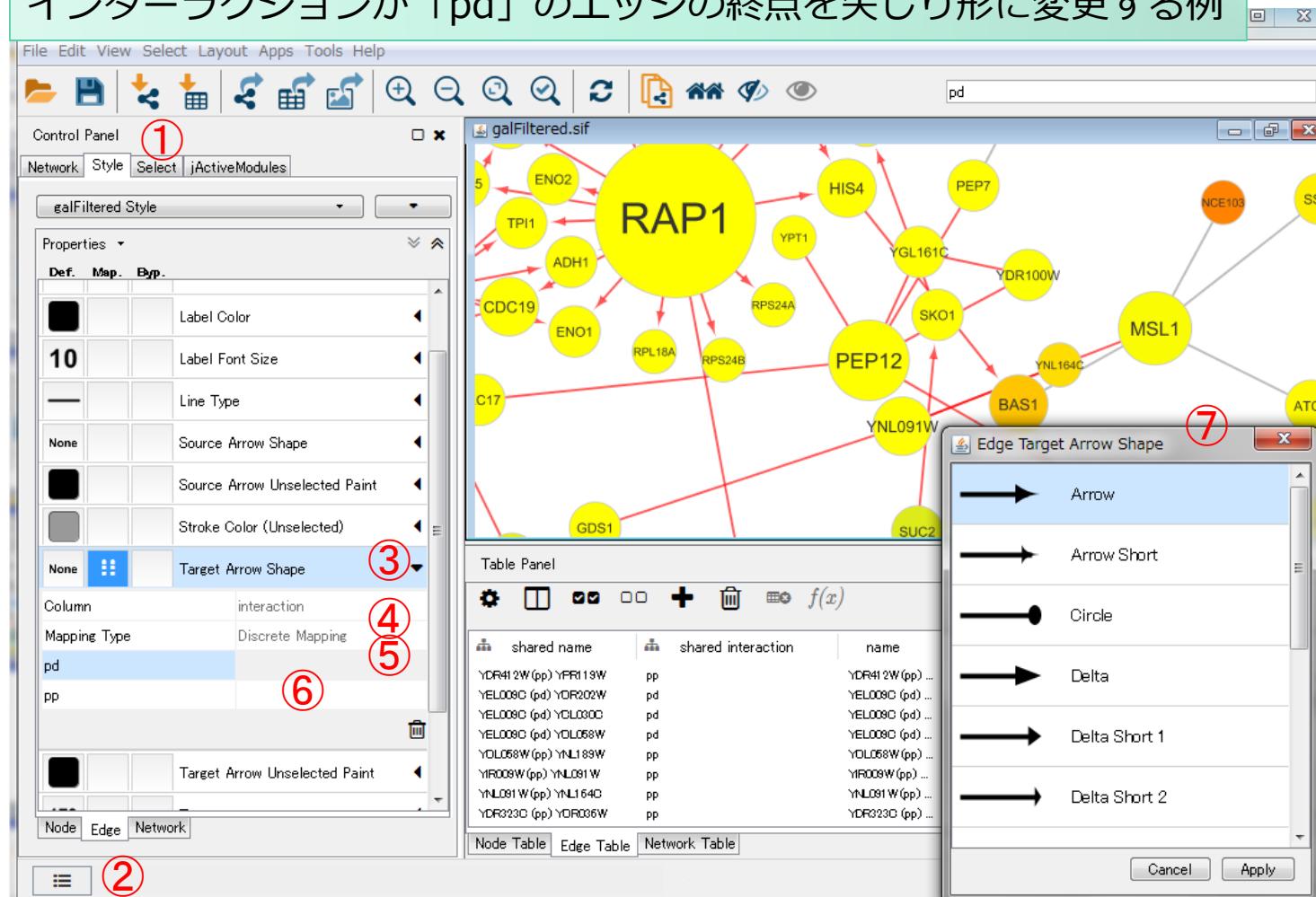
Styleを使ったノード色の編集 3 of 3



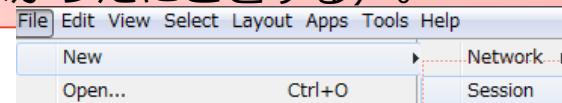
- ⑦ Continuous Mapping Editor Node Fill Colorで発現量に応じた色の指定を行う。色帯の上部の三角形を選択し、スライドさせ適当な位置でダブルクリック
- ⑧ 色選択のウィンドウで、色を指定。この例では、発現量の差が最小の場合を青、最大の場合を赤、発現量に差が見られなかつた場合（発現量0）を黄色に指定。
- ⑨ 最大値以上、最小値以下の色も、同様に指定。

Styleを使ったエッジ属性の編集

インターラクションが「pd」のエッジの終点を矢じり形に変更する例



ここまで終わったら、メインメニュー「File」>「New」>「Session」でこれまでの編集結果を消去します（なかつたにことする）。



- ① Control Panel で「Style」を選択
- ② 「Edge」タブを選択
- ③ 「Target Arrow Shape」行を開く（三角印を選択）
- ④ Column欄で「interaction」を選択
- ⑤ Mapping Type 欄で「Discrete Mapping」を選択
- ⑥ pd (タンパク質-DNA相互作用) 欄横の空欄をダブルクリック
- ⑦ 開いたウィンドウで「Arrow」を選択。



パスウェイの描き方

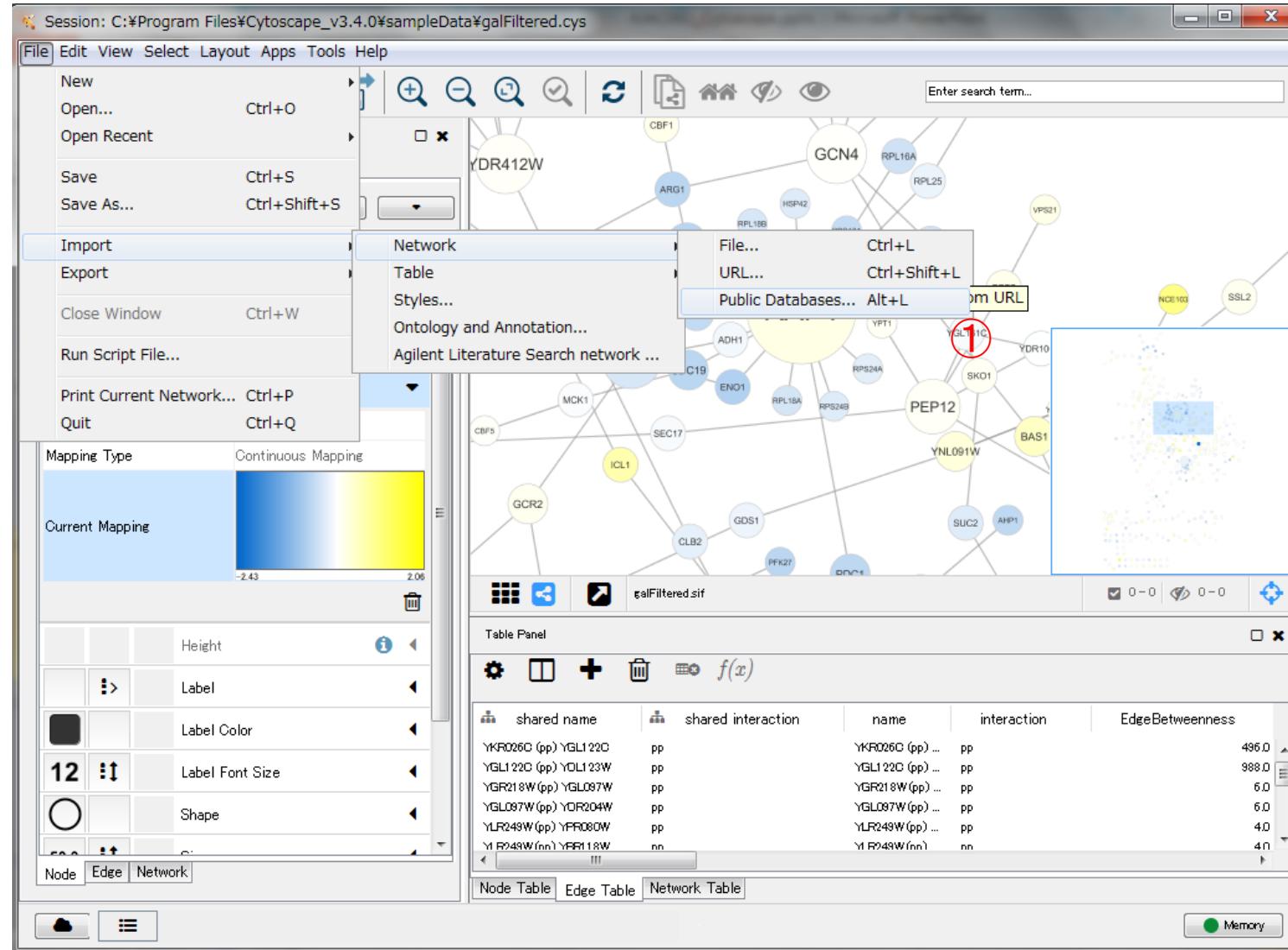
1. 既存のパスウェイデータを活用（例）

- ✓
 - 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)はインポート可能（のはず）。
 - 情報が古いかも…
 - WikiPathway (<http://www.wikipathways.org>)で探す。
 - **App Manager**でWikiPathways アプリをダウンロードすることでgpml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

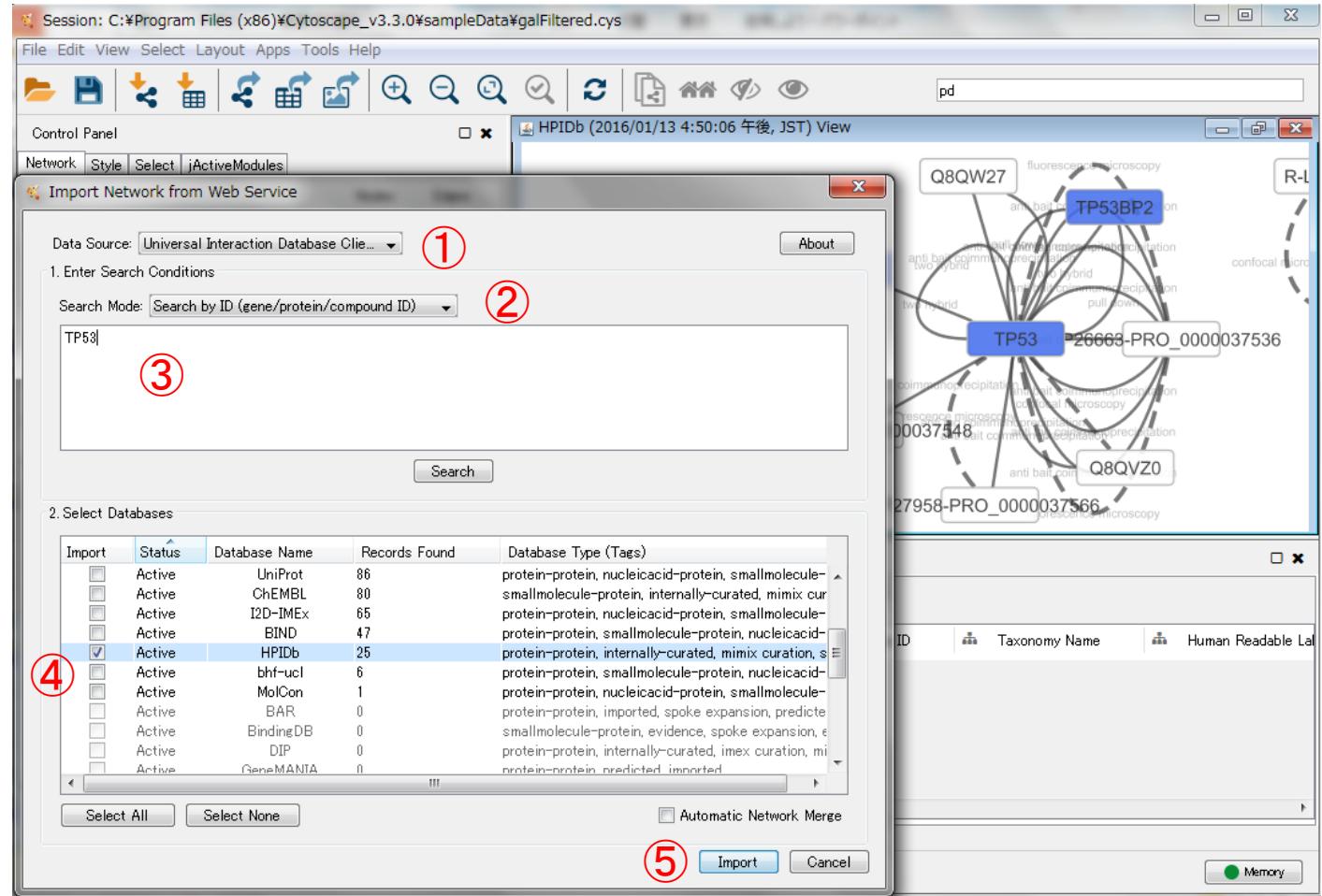


以下の操作は、事前にApp ManagerでWikiPathways アプリをインストールしておく必要があります（スライド61参照）。

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

データソースとして「Universal Interaction Database ...」を使った例



- ① ウィンドウの Data Source で 「Universal Interaction Database ...」 (PP相互作用など) を選択
- ② Search Mode で 「Search by ID...」 を選択。
- ③ 遺伝子名 (TP53)、GeneID (7157) 等を入力。
- ④ リストからパスウェイを選択
- ⑤ 該当パスウェイをダブルクリックするか、右下の 「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

データソースとして「WikiPathways」を使った例

The screenshot shows the Cytoscape interface with a network diagram titled "Apoptosis-related network due to altered Notch3 in ovarian cancer". On the left, a dialog box titled "Import Network from Web Service" is open. The "Data Source" dropdown is set to "WikiPathways" (①). The search bar contains "AKT1" (②). The "Only" dropdown is set to "Homo sapiens" (③). A list of pathways is shown, with "Apoptosis-related n..." selected (④). At the bottom right of the dialog is a "Preview" button (⑤).

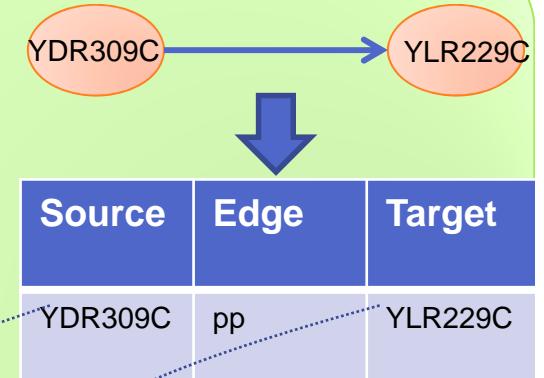
- ① ウィンドウのData Sourceで「WikiPathways」(シグナル伝達など)を選択
- ② 遺伝子名等を入力。
- ③ Onlyに「✓」を入れ、生物種を選択
- ④ リストからパスウェイを選択
- ⑤ 右下の「Import as Pathway」ボタン右の▼マークでPathwayかNetworkを選択して、再度「Import as Pathway」を押す。もししくは該当リストをダブルクリック。

Data Sourceを“WikiPathway”にする場合、事前にApp Mnagerで最新の“WikiPathways”アプリをインストールしておく必要がある。インストールの方法は、スライド61ページを参照

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



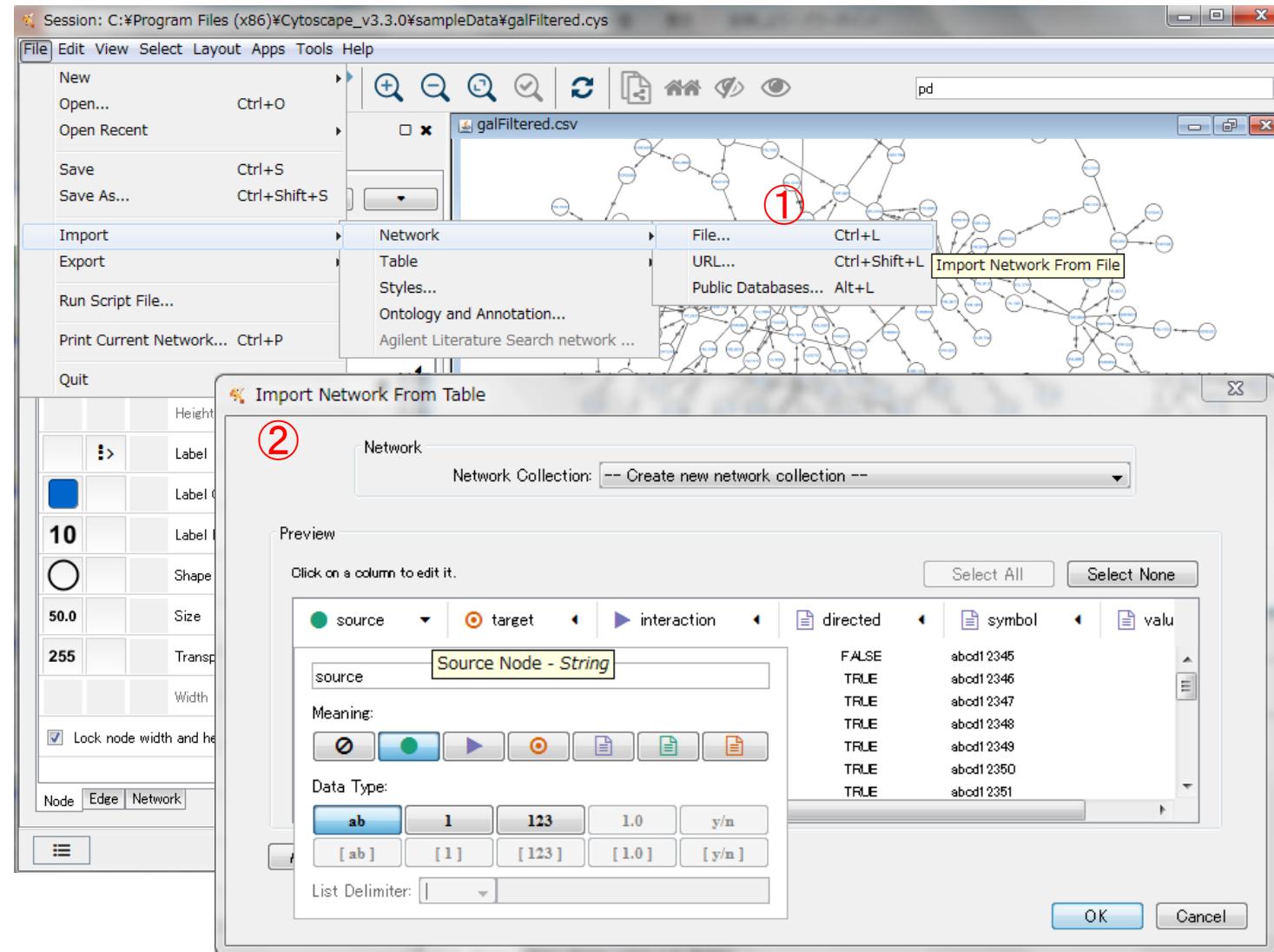
• ステップ 2

- 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

A diagram showing two tables. The top table is a continuation of the one from Step 1, mapping node IDs to their corresponding symbols and expression values. The bottom table is a separate table for node attributes.

GenelD	Symbol	Expression
YDR309C	GIC2	0.427
YLR229C	CDC42	0.074

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



①メインメニュー
「File」
「Import」
「Network」
「File…」から
「galFiltered.csv」を選択。

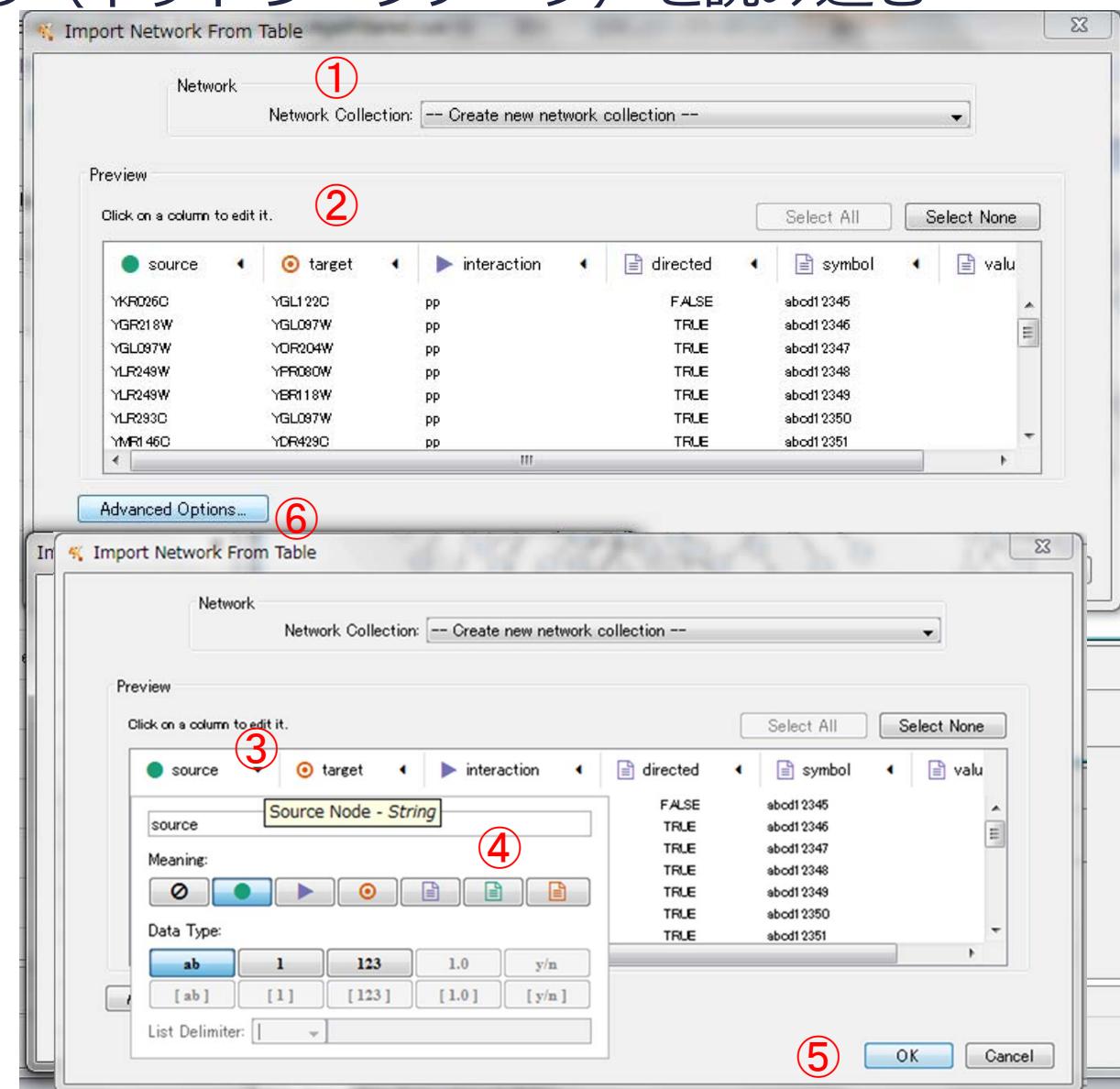
②Import Network From Tableが開く

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

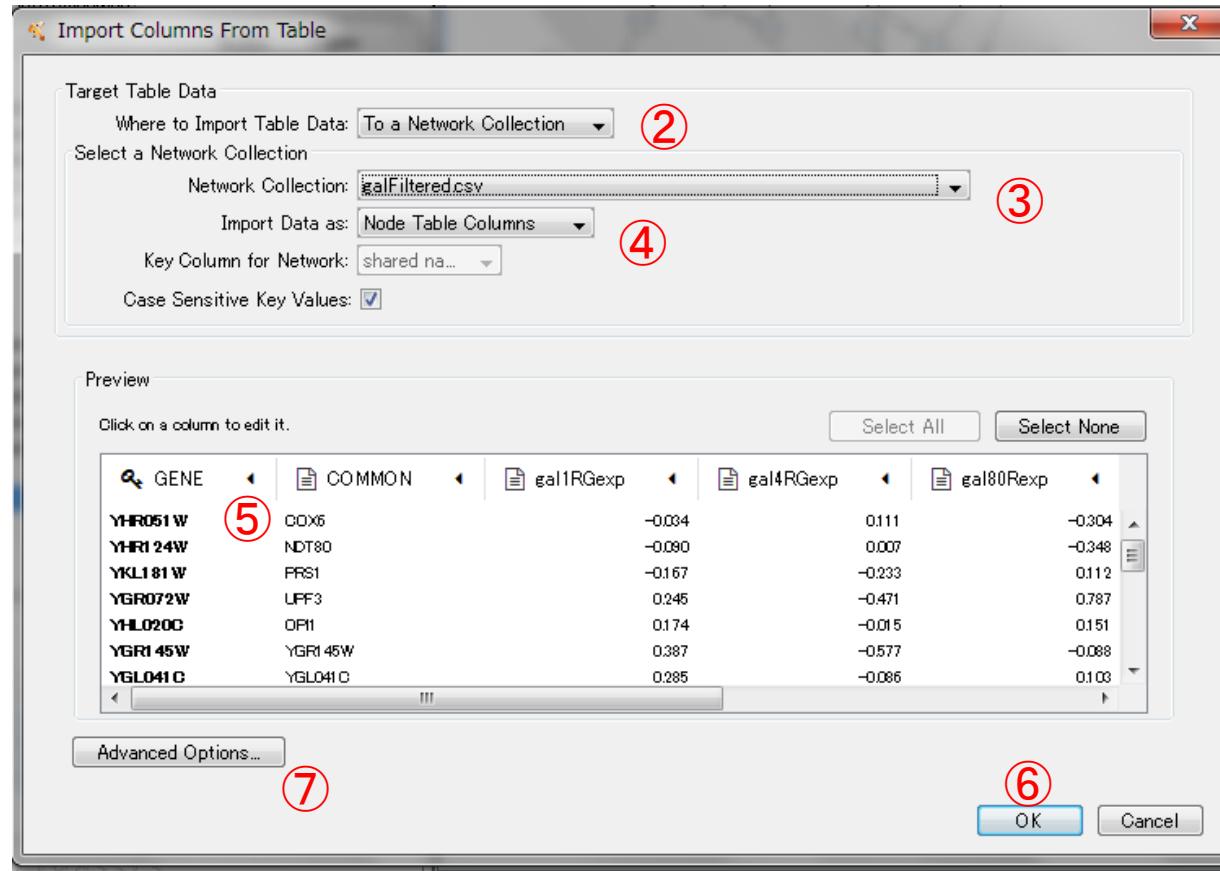


- ① Network Collection のプルダウンメニューで「Create new network collection」を選択。
- ② インポートする表データに対して「Source」、「Target」になるカラム（列）を指定する。
- ③ この時、各カラムの右にある◀を押して、
- ④ カラムのMeaning（SourceやTarget、Interaction（エッジ）、何の属性か）およびDataType（数値データか、文字列データかなど）を指定する。
- ⑤ 最後にOKボタンを押す。

- ⑥ インポートする表データのカラムが正しく切り分けられない場合は、Advanced Options ウィンドウを開き、適切な区切り文字（例、スペース、タブ）などを指定し直す。

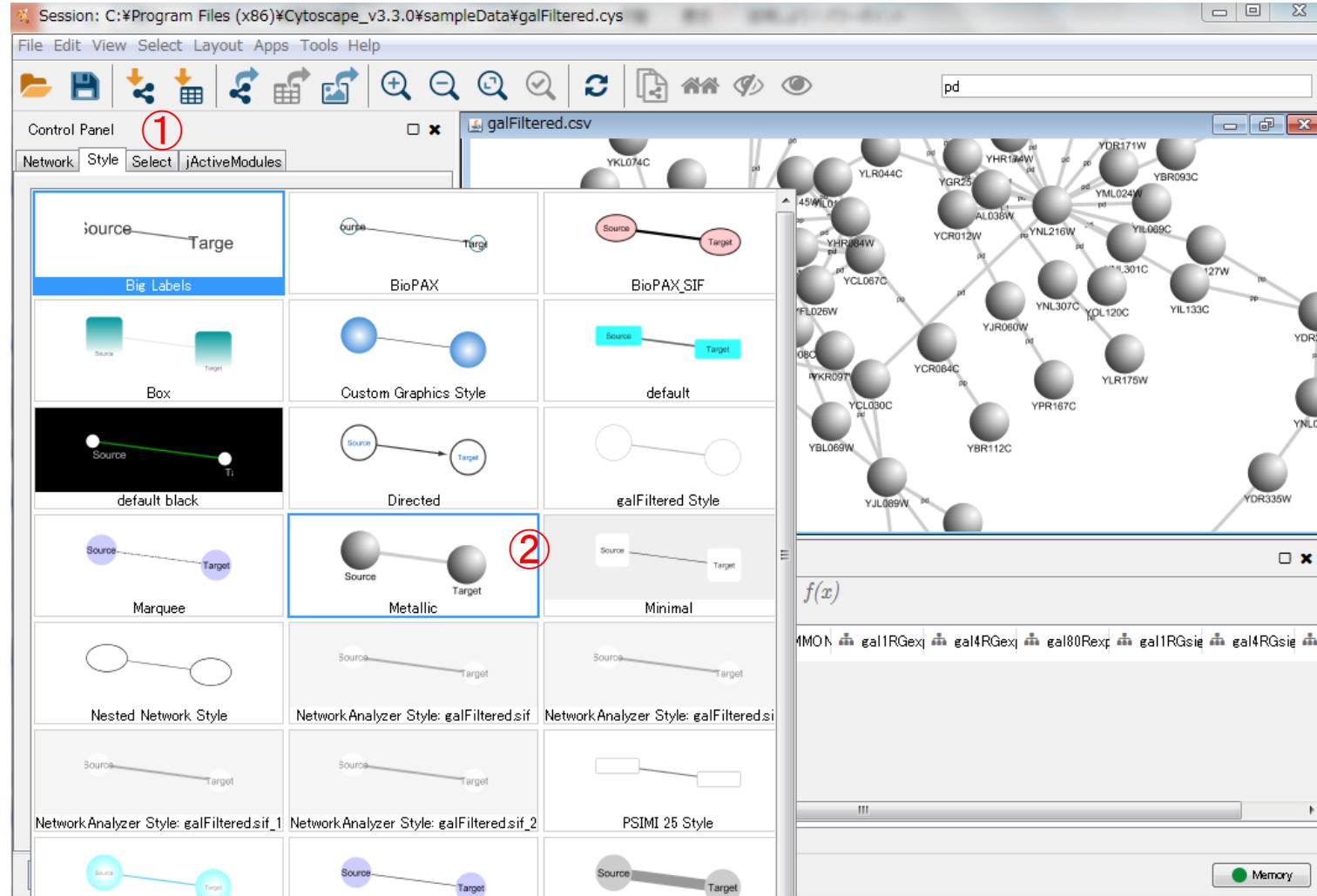


ノードの属性値を読み込む



- ① メインメニュー「File」「Import」「Table」「File…」から「galExpData.csv」を選択
- ② Where to Import Table Dataで「To a Network Collection」(もしくは「To selected Networks Only」)を選択
- ③ Network Collectionで「galFiltered.csv」を選択
- ④ Import Data asで「Node Table Columns」を選択
- ⑤ 各カラムの右にある◀を押して、カラムのMeaning (Key (ユニークな識別子となるもの、例えばGeneID)、Attribute (属性値、例えば実験数値データ) およびインポートしないカラム) および DataType (数値データか、文字列データかなど) を指定する。
- ⑥ 最後にOKボタンを押す。
- ⑦ インポートする表データのカラムが正しく切り分けられていない場合は、Advanced Optionsウインドウを開き、適切な区切り文字 (例、スペース、タブ) などを指定し直す。

作成したネットワークを見やすくする1/2

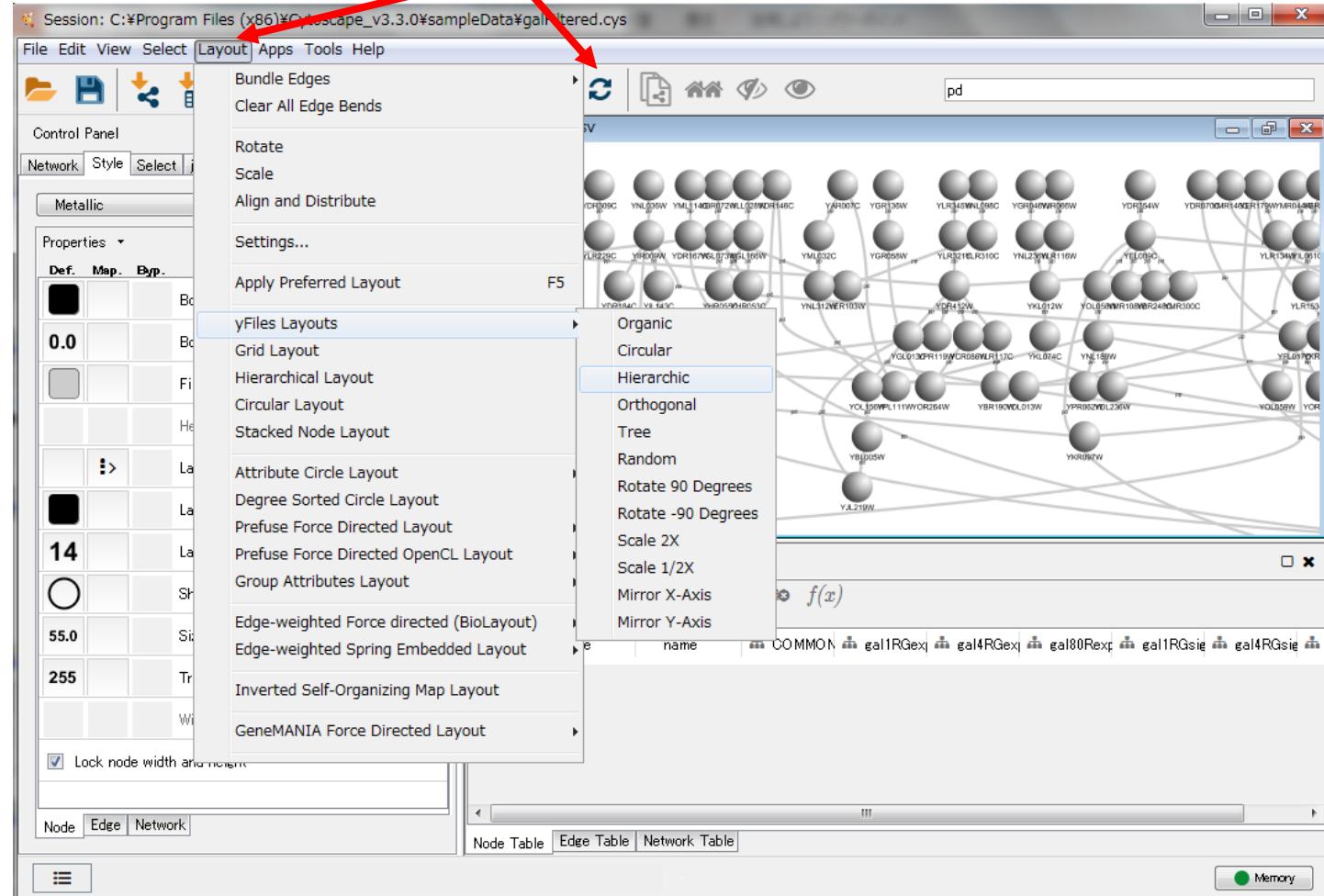


Styleの変更

- ① Control Panelの Styleタブを選択
- ② 適当なスタイルを選択

作成したネットワークを見やすくする2/2

Layoutの変更



① メニューアイコンの「Apply Preferred Layout」ボタンを押す。もしくは、メインメニュー「Layout」から適当なものを選択。

② メニューアイコンの「Apply Preferred Layout」は「Prefuse Force Directed Layout」である。最初に試すとよい。

③ 代表的なレイアウトをスライド43～48で紹介

その他の書式変更の方法

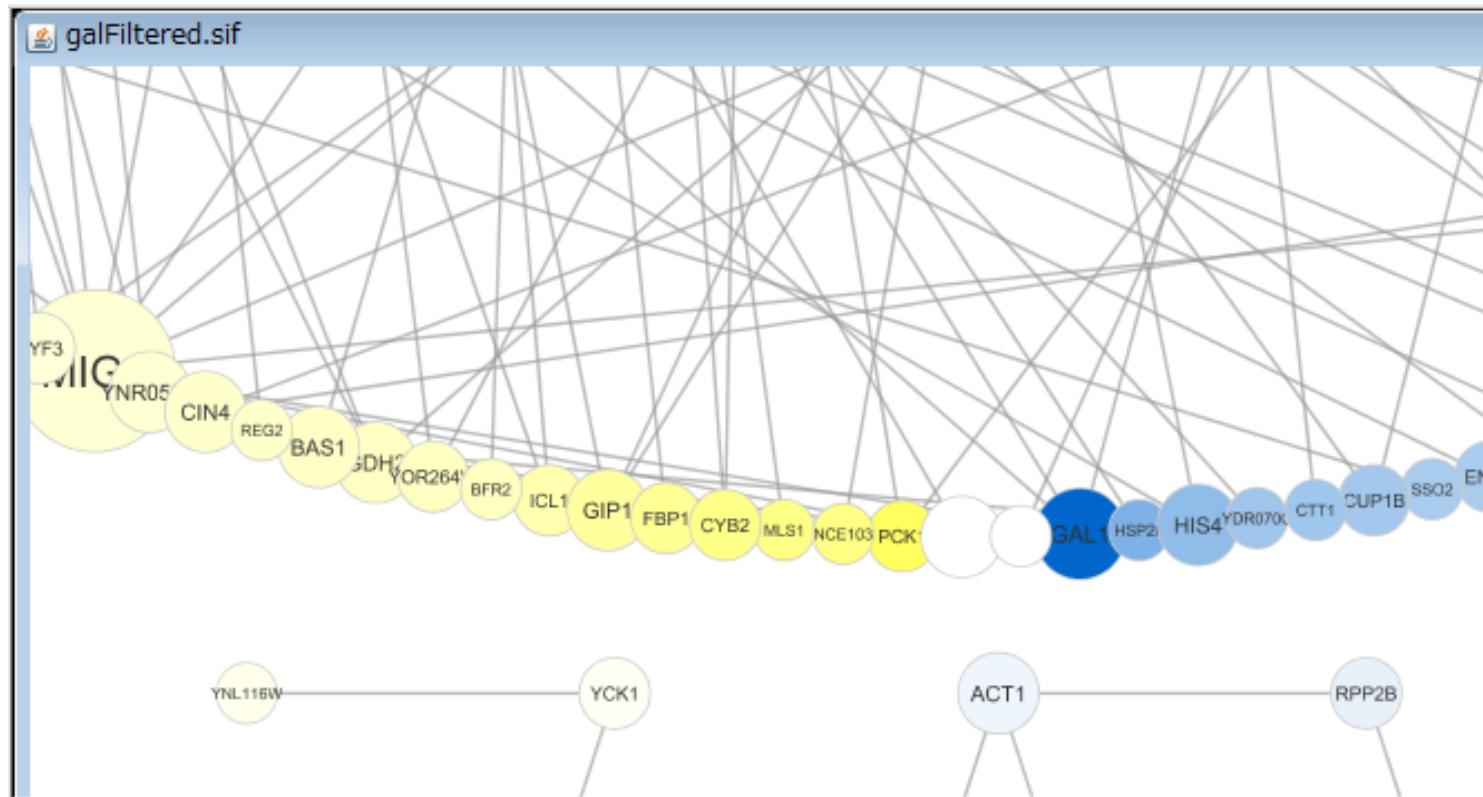
- コントロールパネル（画面左上）の「Style」タブを使う
 - スライド26～29「Styleを使ったノード色の編集」を参照
-
- ラベルの編集
 - 例、プロパティー「Label」を編集して、ネットワーク上のノードの表示名を「COMMON」に変更。
 - エッジ形状の編集
 - 例、プロパティー「Line Type」を編集して、Interactionが「pd」のエッジを「Dots」に変更。

レイアウト機能

サンプルデータ： galFiltered.cys

Attribute Circle Layout

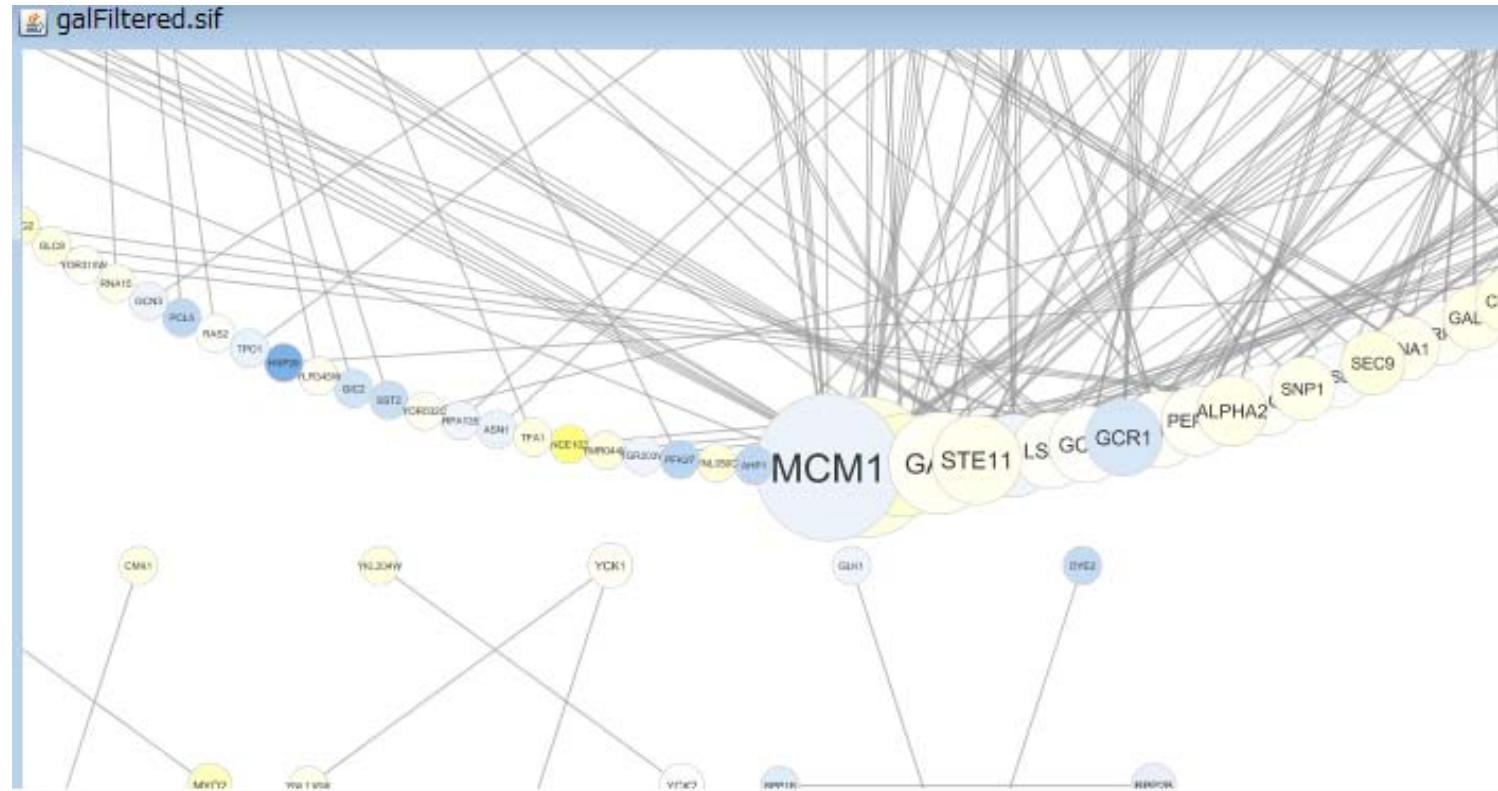
ノードの属性値の順に環状グラフの下部から時計回りに配置するレイアウト



①メインメニュー
「Layout」
「Attribute Circle Layout」
「gal1RGexp」（使用する属性値）を選択

Degree Sorted Circle Layout

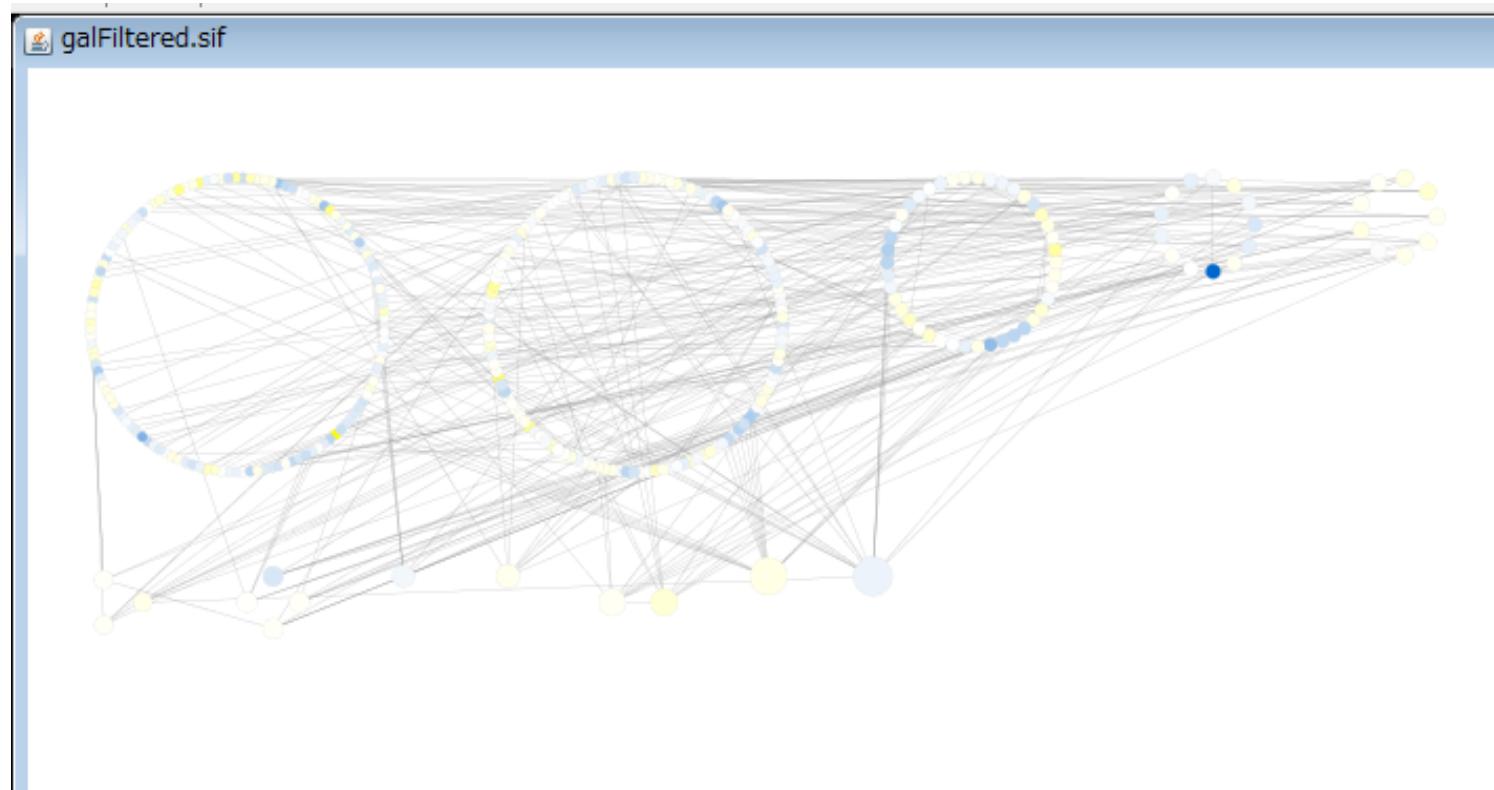
ノードが持つエッジ数の多いものからの環状グラフの下部から反時計回りに配置するレイアウト



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

Group Attribution Layout

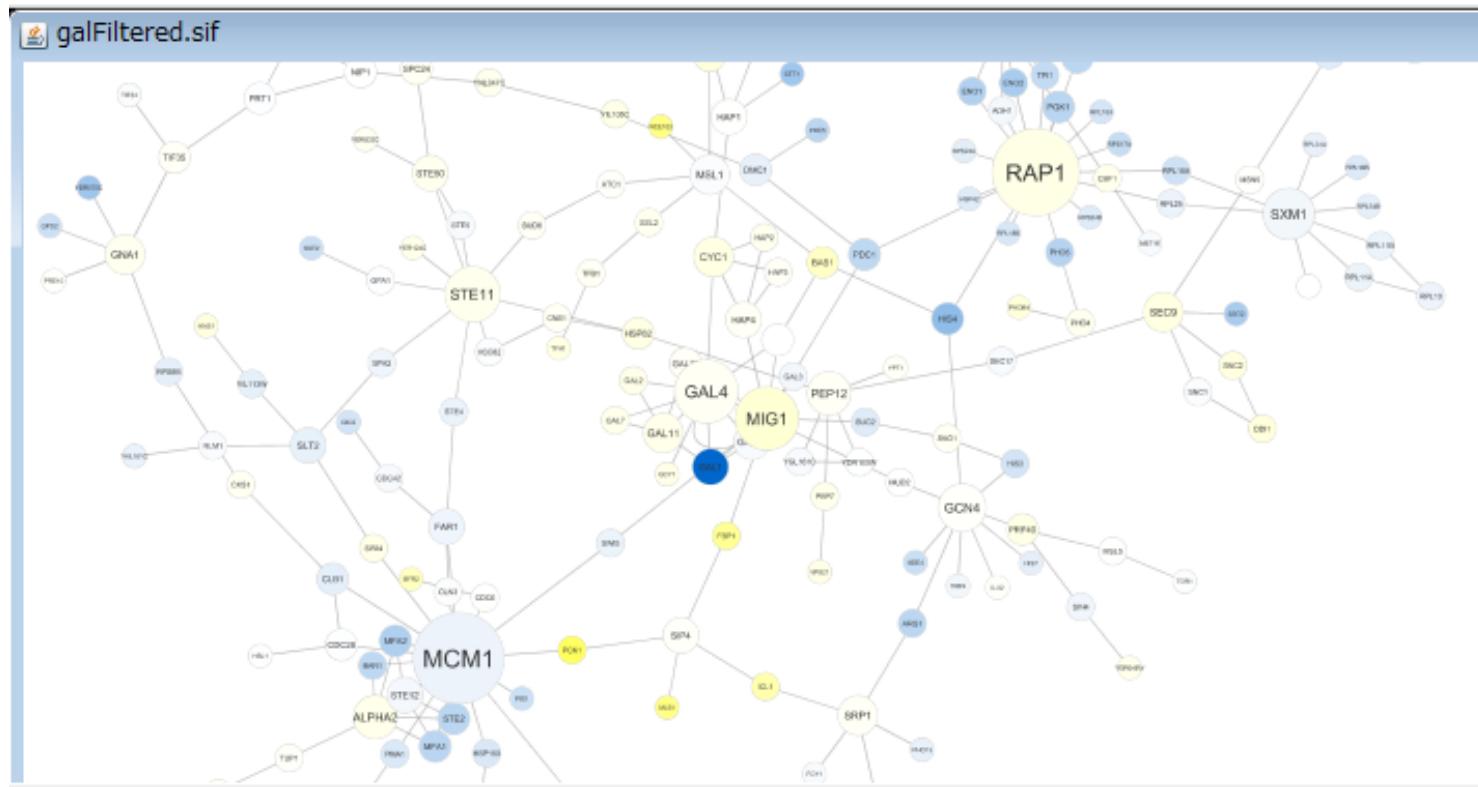
ノードの属性値 (Attribute) で同じ値のものを同じ環状グラフに配置するレイアウト



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



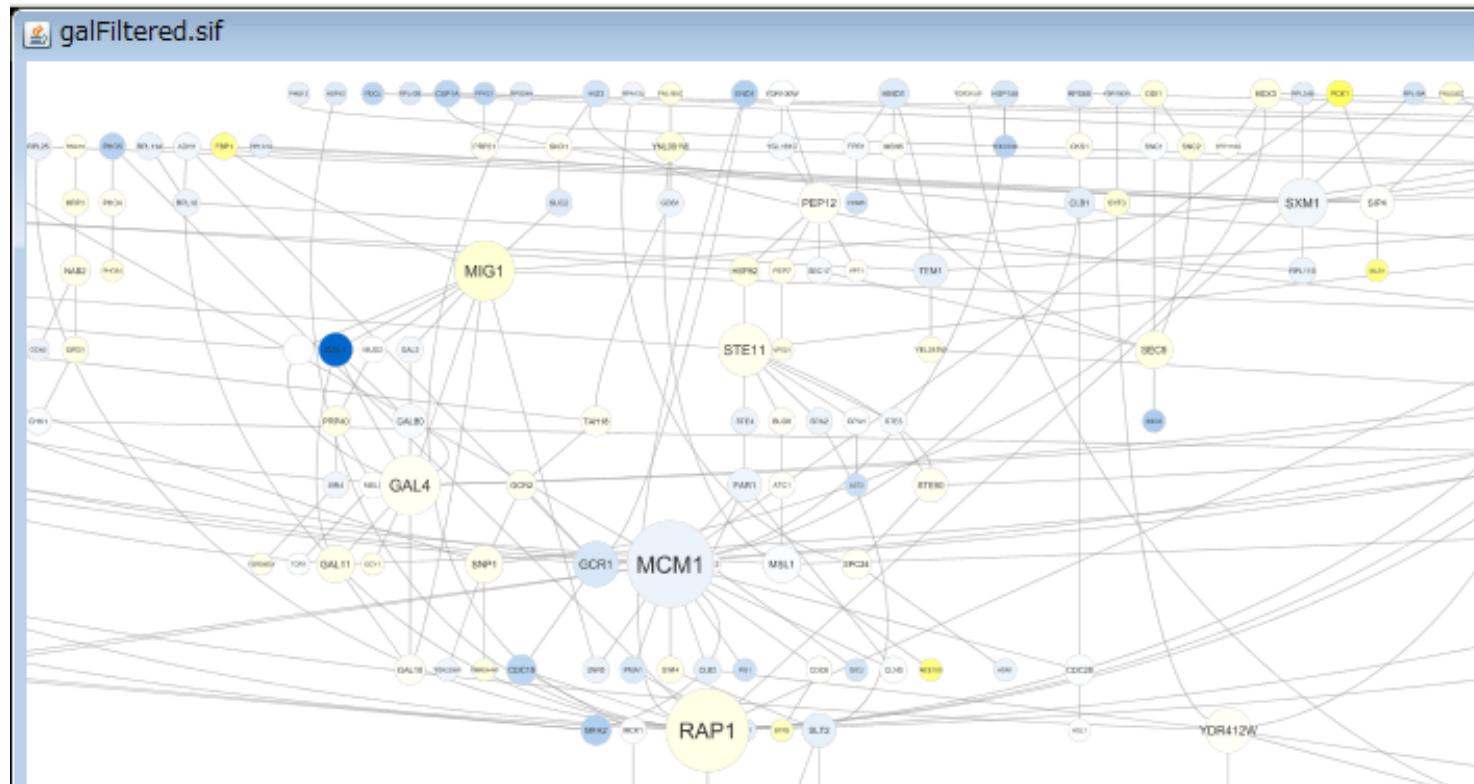
①メニュー
「Layout」、
「Cytoscape
Layouts」
「Prefuse
Force
Directed
Layout」を
選択。



メニューアイコンのLayoutボタンは「Prefuse Force Directed Layout」に初期設定されている

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

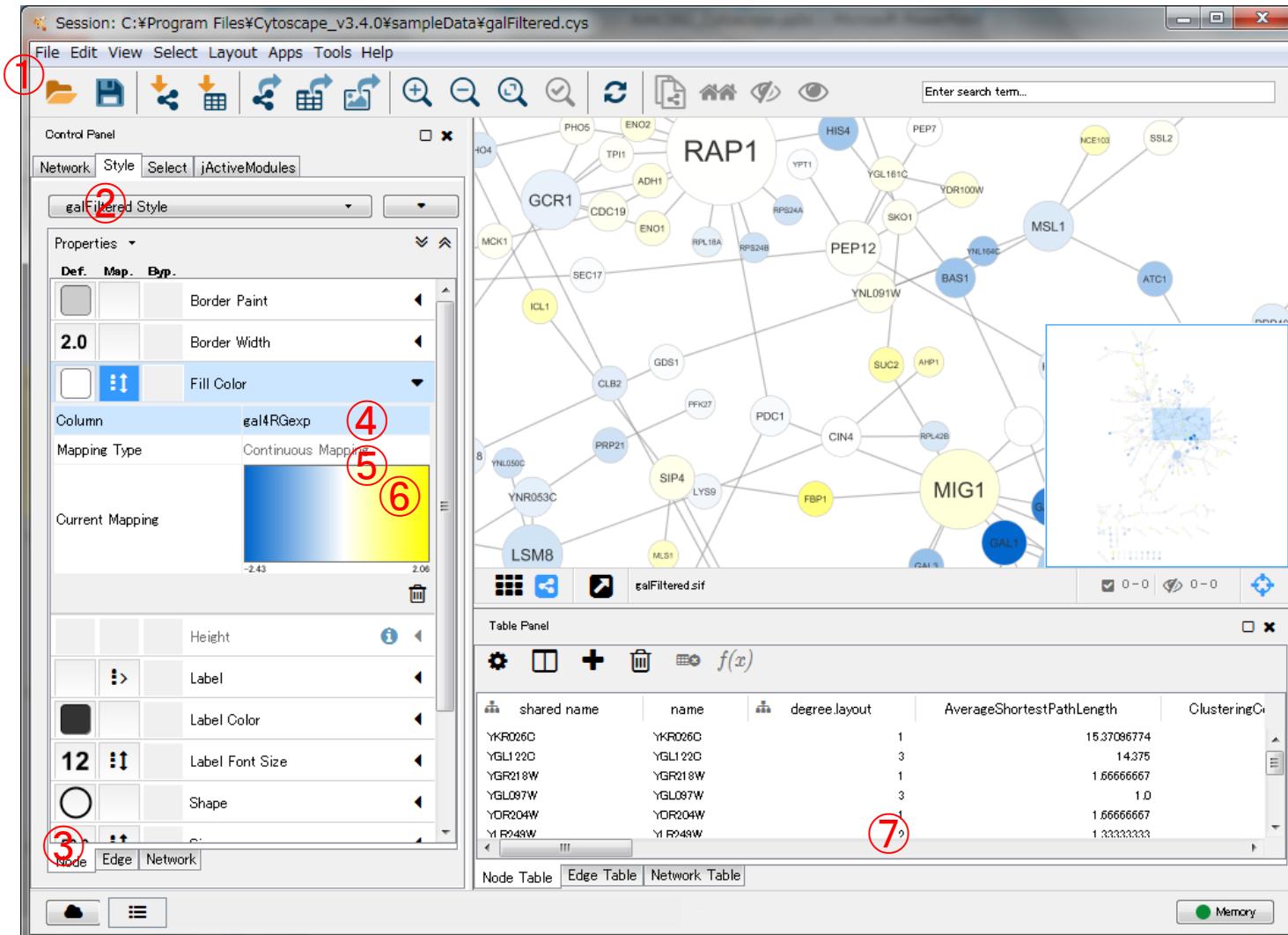
(参照 : Basic Expression Analysis - Yeast

[http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Tutorial:
Basic Expression Analysis in Cytoscape](http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Tutorial:Basic_Expression_Analysis_in_Cytoscape)

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

まず、これまでの作業履歴をクリアします。メインメニューのFile>New>Sessionを選択して、OKボタンを押します。



- ① メインメニュー「File」>「Open」>「galFiltered.cys」を選択。
- ② Control Panelで「Style」を選択
- ③ 「Node」タブを選択
- ④ Fill Color行を選択
- ⑤ Column欄で「gal4RGexp」(Gal4をノックアウトしたときの遺伝子発現量データ)を選択
- ⑥ Mapping Type欄で「Continuous Mapping」を選択

セレクト(フィルタ)機能を使った絞り込み

The screenshot shows the Cytoscape interface with a network graph of yeast proteins. The Control Panel on the left is open, displaying the 'Select' tab (circled 1). Under 'Default filter', an edge filter is set to 'Edge: interaction pd' (circled 3), with 'is' changed to 'contains' (circled 4). A '+' button (circled 2) is used to add filters. The 'Apply when filter changes' checkbox is checked (circled 6). The 'Network' tag is selected in the 'Network' tab (circled 7). The 'Table Panel' at the bottom shows a list of edges, with '111 selected edges' highlighted (circled 8).

タンパク質-DNA相互作用 (pd) のエッジを抽出

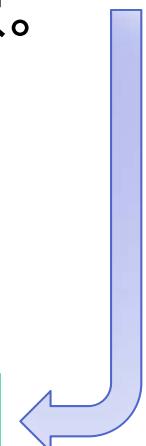
- ① Control Panelで「Select」を選択
- ② 「+」を押して「Column Filter」を選択
- ③ 「Choose Column」を押し、「Edge:interaction」を選択、
- ④ 「contains」を「is」に変更。
- ⑤ クエリー欄に「pd」を入力
- ⑥ 「Apply」を押す。
- ⑦ 「Network」タグを選択し、
- ⑧ Edge(111)となっていること、およびメインネットワークビューで、タンパク質-DNA相互作用 (pd) を表すエッジ(111本)が赤く選択されていることを確認する。

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 1 of 8

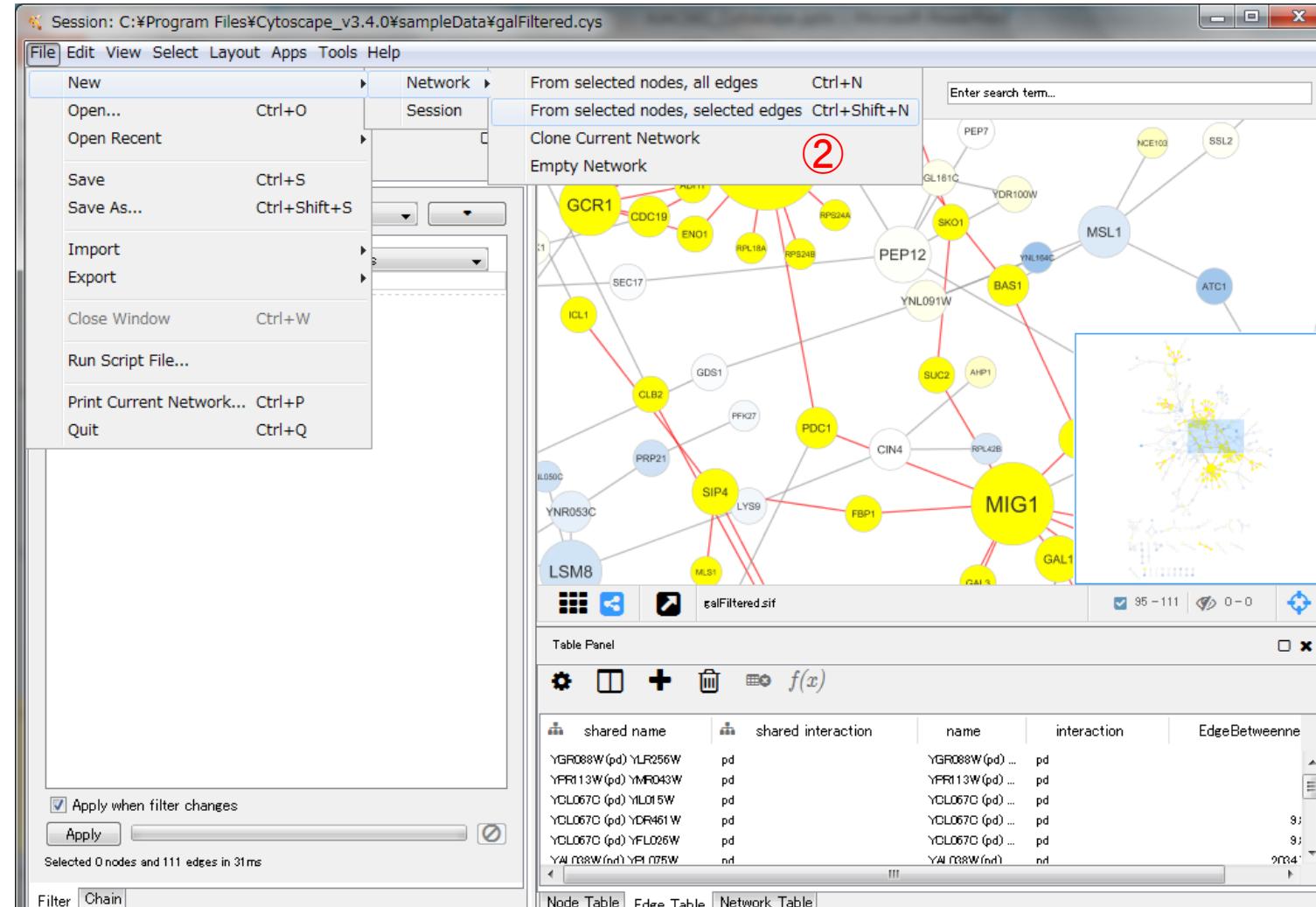
The screenshot shows the Cytoscape application window. The menu bar is visible at the top, and the 'Select' menu is open, highlighting the option 'Nodes connected by selected edges' (Ctrl+7). The main canvas displays a network graph with various nodes and edges. A red circle with the number '1' is drawn around the 'MIG1' node, which is highlighted in yellow. Below the graph, the 'Table Panel' shows a table with several rows of data. At the bottom of the window, there are tabs for 'Node Table', 'Edge Table', and 'Network Table'. The status bar at the bottom indicates 'Selected 0 nodes and 111 edges in 31ms'.

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

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



サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 2 of 8

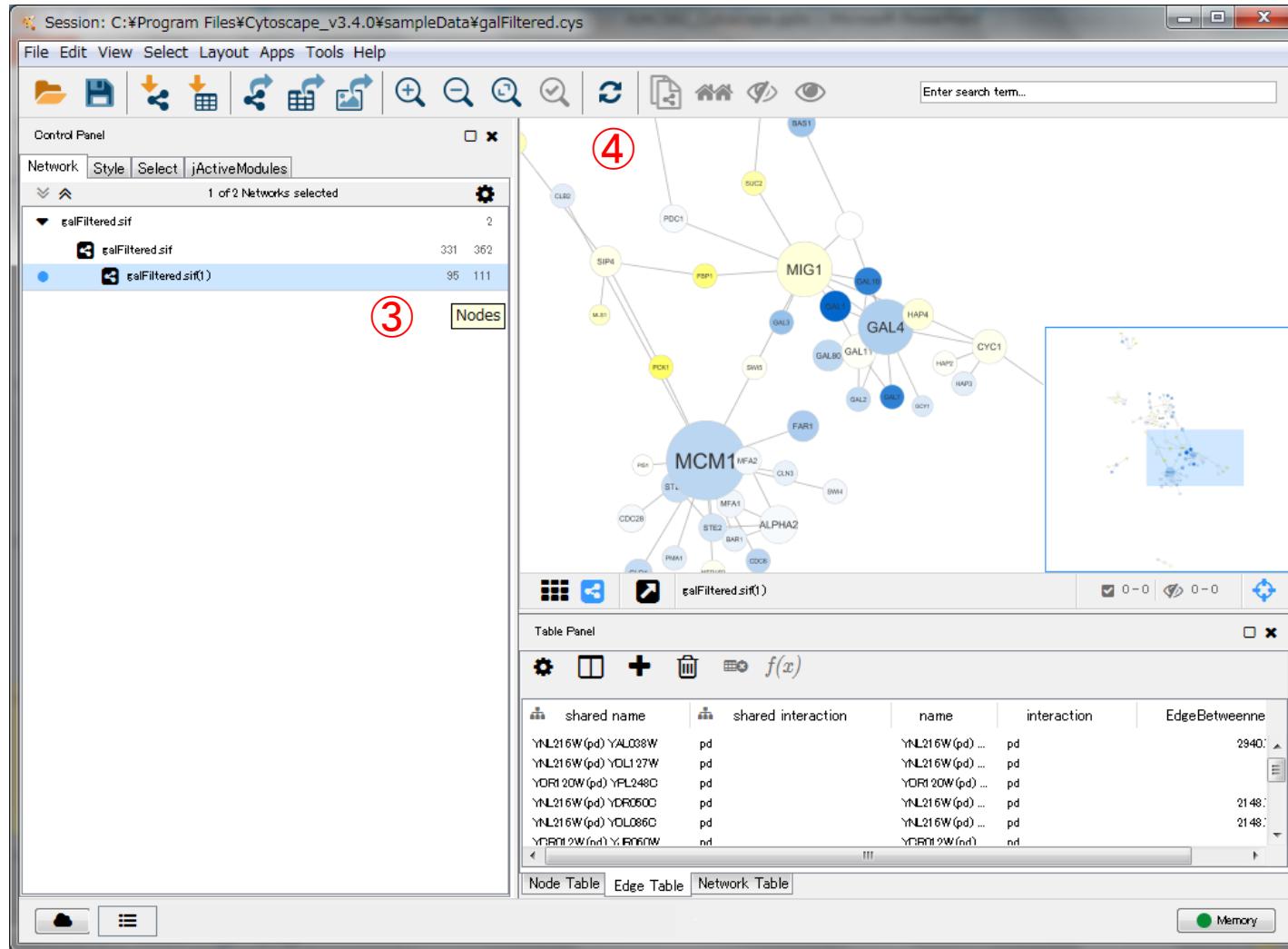


②メインメニュー
「File」>
「New」>
「Network」
> 「From
selected
nodes,
selected
edges」を選
択



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

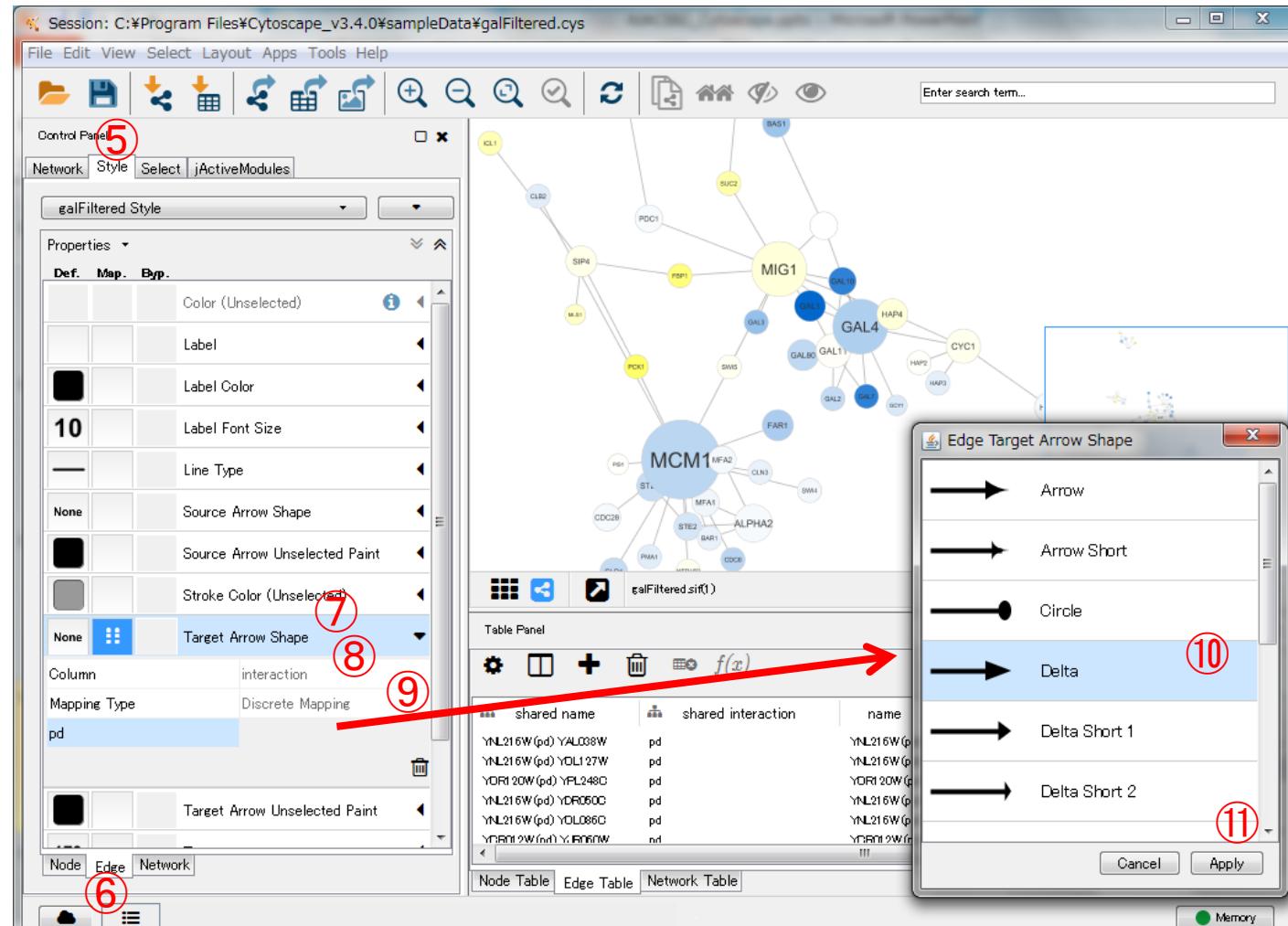
サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 3 of 8



③ Control Panel の「Network」で、元のパスウェイ (galFiltered.sif) (ノード数331) の下位に、**サブパスウェイ** (galFiltered.sif(1)) (ノード数95) 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

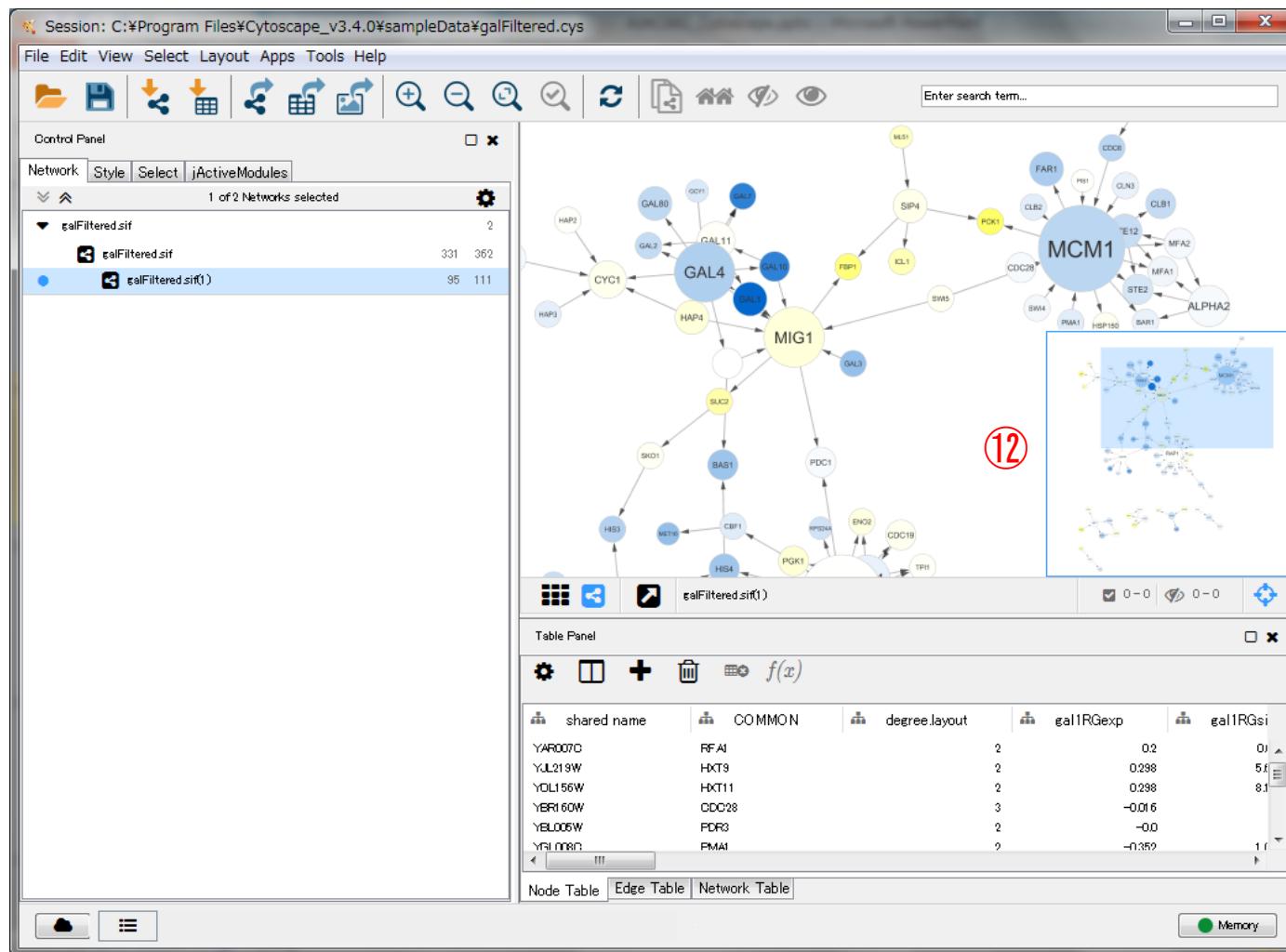
サブパスウェイ（部分パスウェイ）の抽出 4 of 8



エッジの一端が矢じり形になっていることを確認

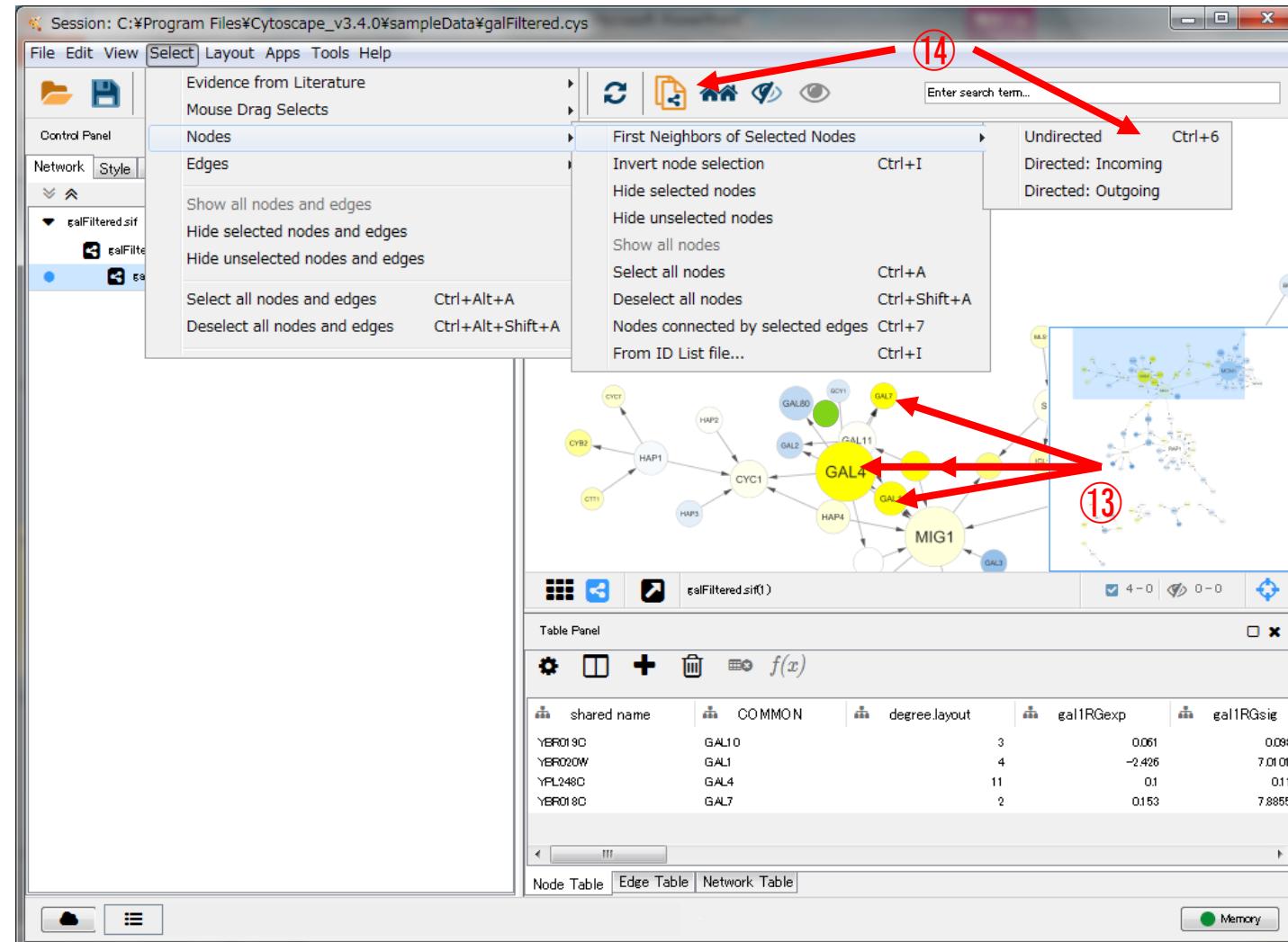
- ⑤ Control Panel の「Style」を選択
- ⑥ 「Edge」タブを選択
- ⑦ 「Target Arrow Shape」行を選択
- ⑧ Column欄で「Interaction」を選択
- ⑨ 「Mapping Type」欄で「Discrete Mapping」を選択
- ⑩ 「pd」欄を選択し「Delta」に設定。
- ⑪ 「Apply」ボタンを押す

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 5 of 8



⑫ メインネットワークビューもしくは、画面右中央のネットワーク全体図から、青色のノード(低発現遺伝子) GAL1, GAL7, GAL10 およびノックアウトした遺伝子 (GAL4) に注目し、その近辺を拡大

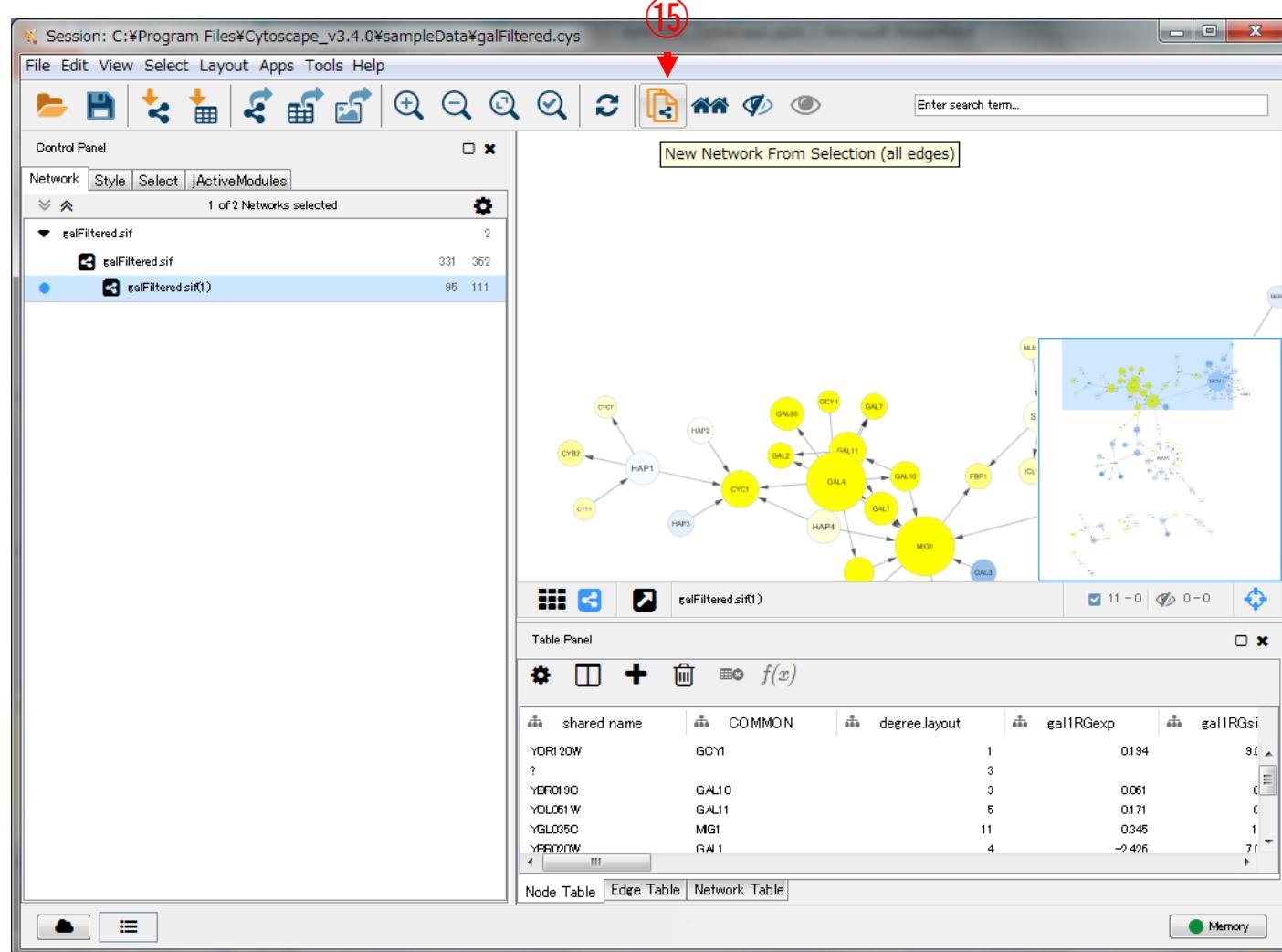
サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 6 of 8



- ⑬ メインネットワークビューで、Shiftキーを押しながらGAL1, 4, 7, 10を選択
 ⑭ アイコンメニュー「First Neighbors of Selected Nodes(Undirected)」もしくはメインメニュー「Select」「Nodes」「First Neighbors of Selected Nodes」「Undirected」を選択

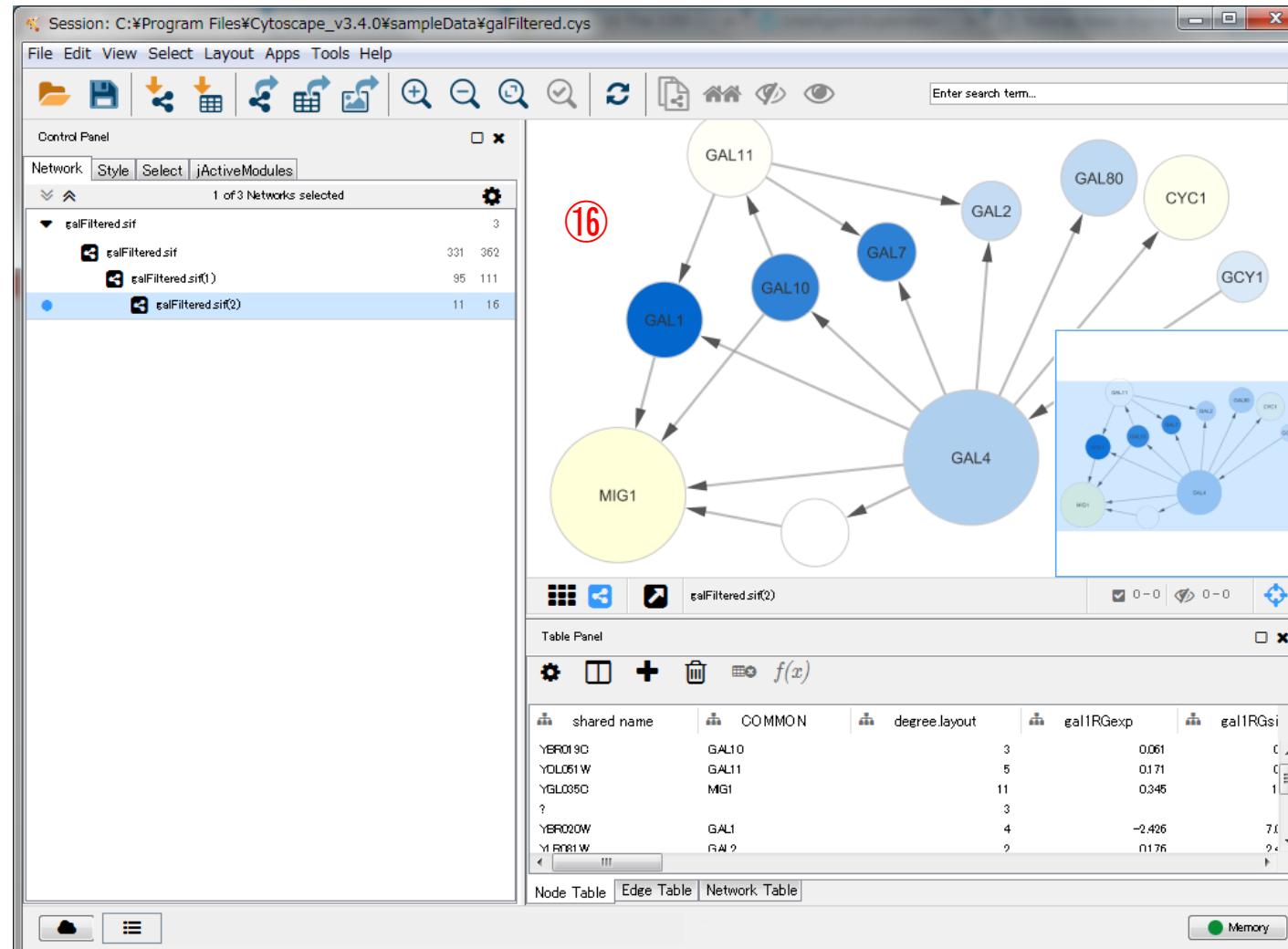
低発現遺伝子（青色ノード）の周辺にあるGAL4, 11に注目し、それらと直接相互作用する遺伝子（タンパク質）を検索する。

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 7 of 8



⑯アイコンメニュー「New Network From Selection」をクリック。もしくは、メインメニュー「File」>「New」>「Network」>「From selected Nodes, all edges」を選択。

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 8 of 8



⑯ GAL4, 11と相互作用する遺伝子（タンパク質）を抽出（メインネットワークビュー上でノードの配置を修正）。



遺伝子制御の関係を確認

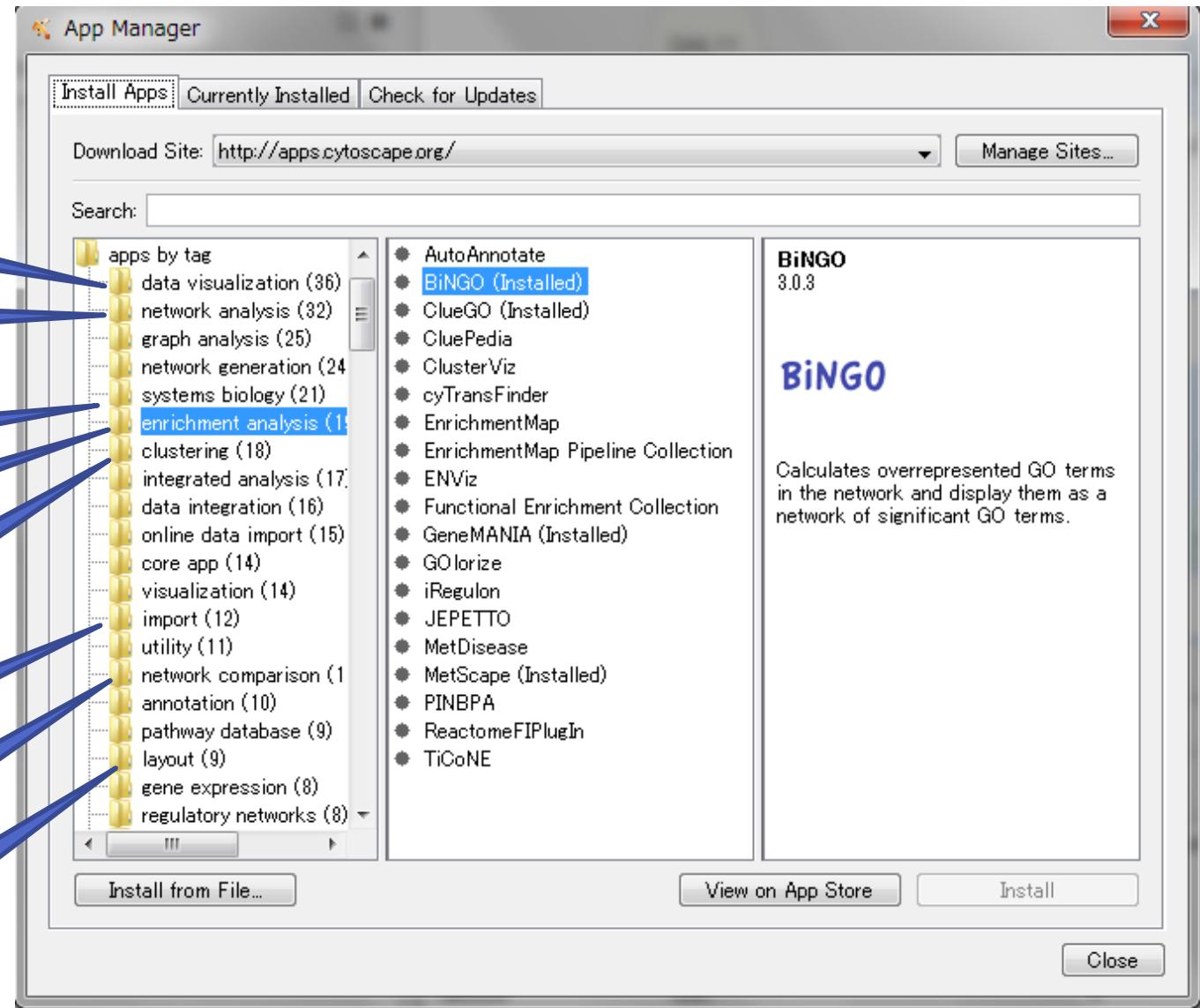
プラグインの紹介

Manage Apps

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

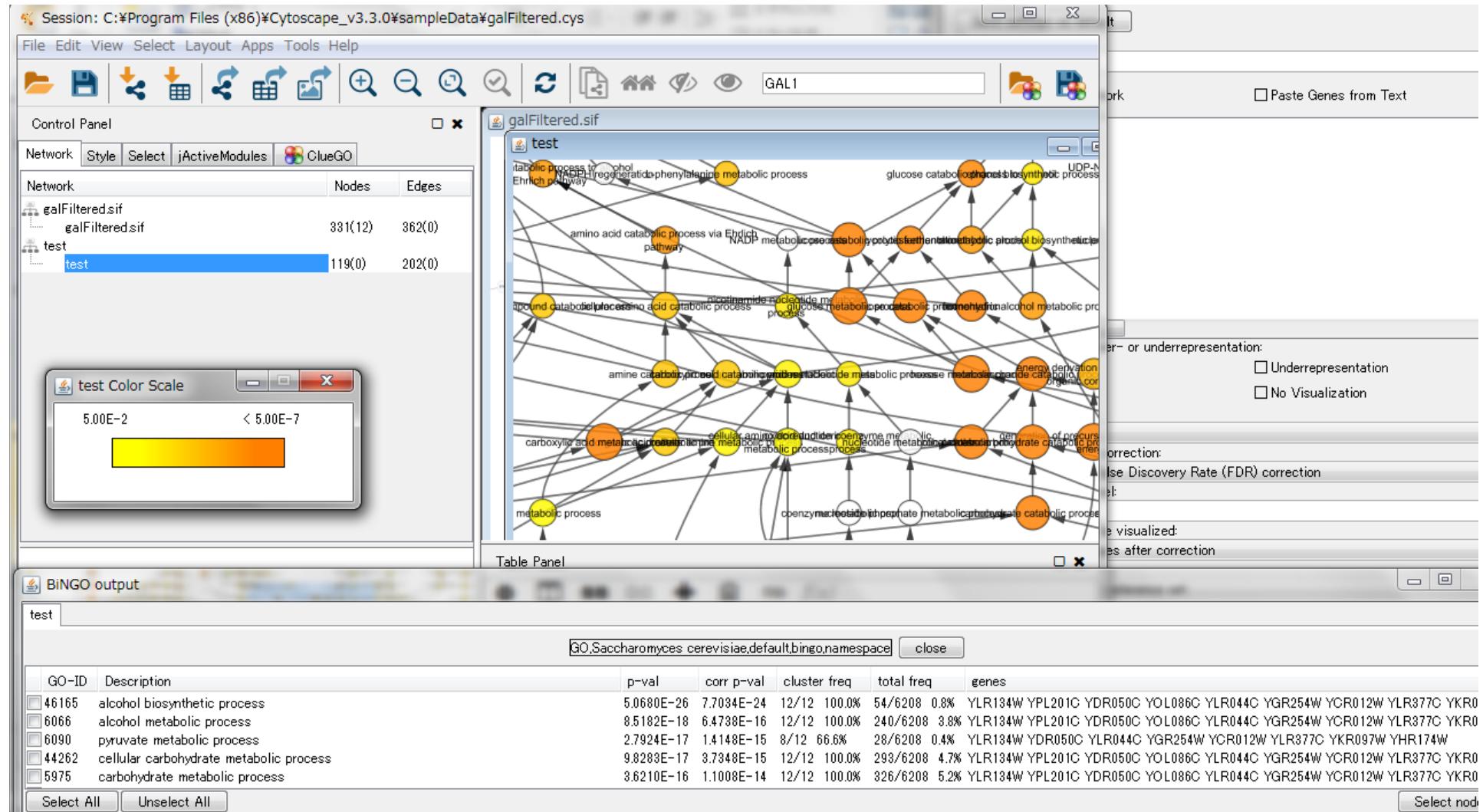
- ① メインメニュー
「Apps」「App Manager」を選択

- データ可視化
- ネットワーク解析
- システムズバイオロジー
- エンリッチメント解析
- クラスタリング
- インポート
- ネットワーク比較
- レイアウト



BiNGO

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



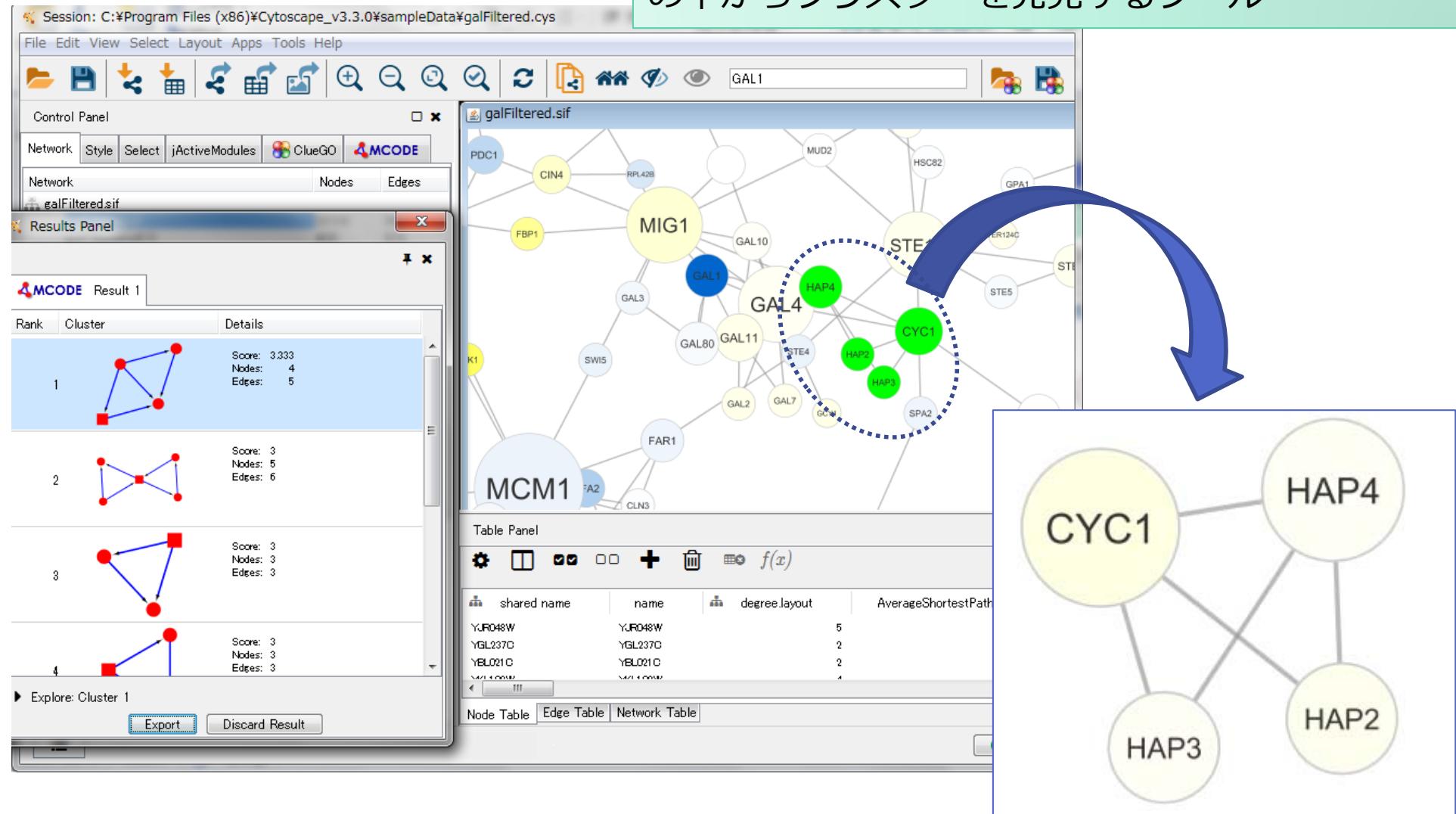
類似のツール：ClueGO



© 2016 統合データベース講習会 Licensed Under CC 表示 2.1 日本

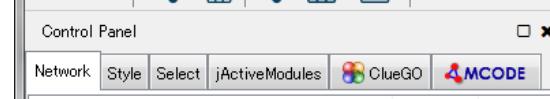
MCODE

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



jActiveModules

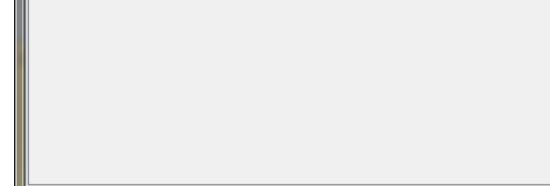
Session: C:\Program Files (x86)\Cytoscape_v3.3.0\sampleData\galFiltered.cys



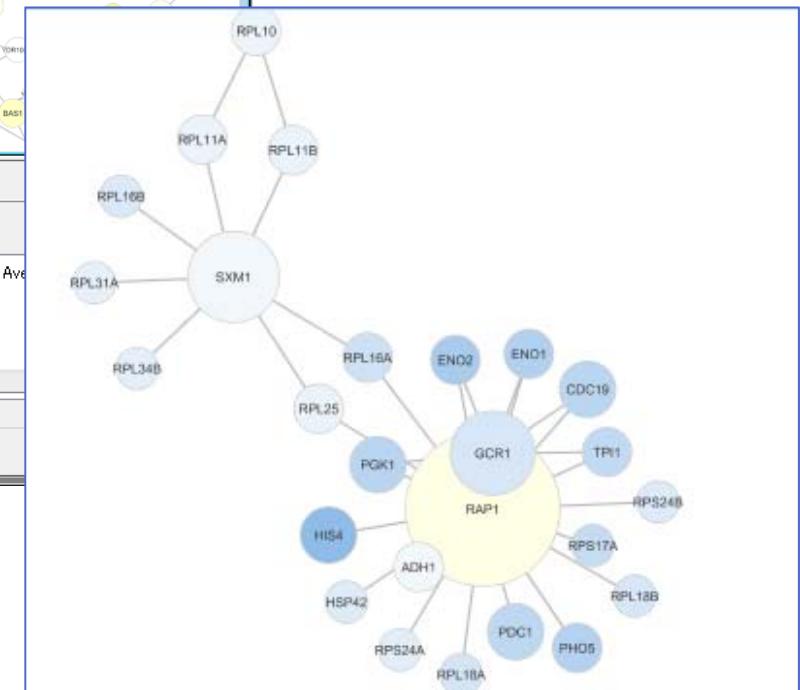
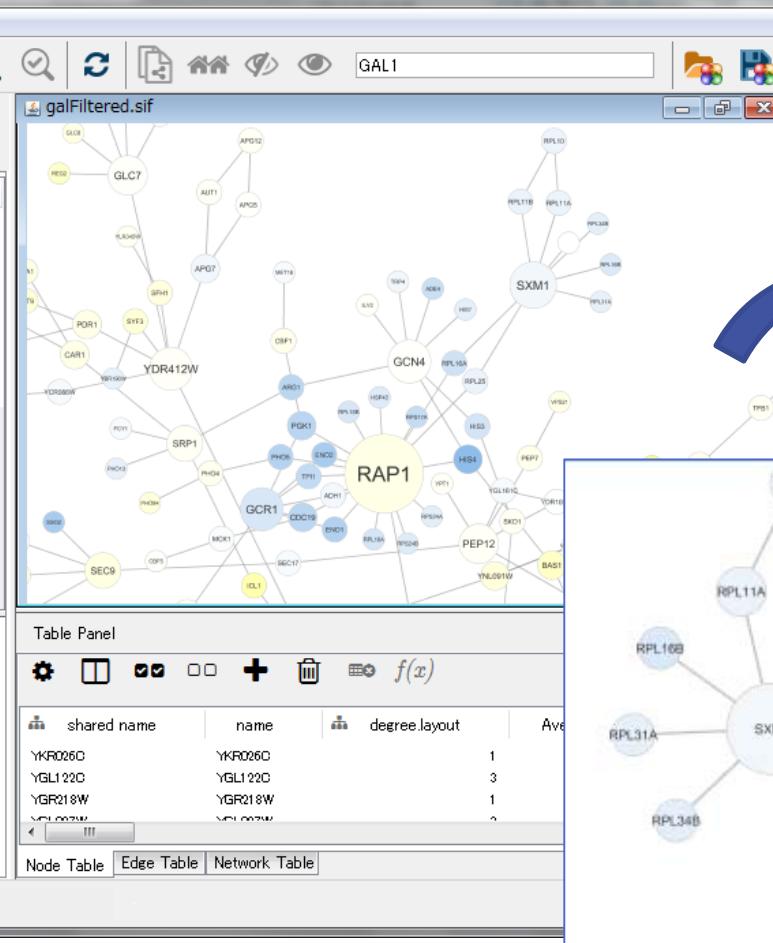
	Nodes	Edges
galFiltered.sif	331(0)	362(0)
Module_2_1	26(0)	32(0)
Module_2_2	25(0)	29(0)
Module_2_3	27(0)	31(0)
Module_2_4	21(0)	20(0)
Module_2_5	5(0)	4(0)

jActiveModules Search Result 2
jActiveModules Search Result 2

5(0) 4(0)



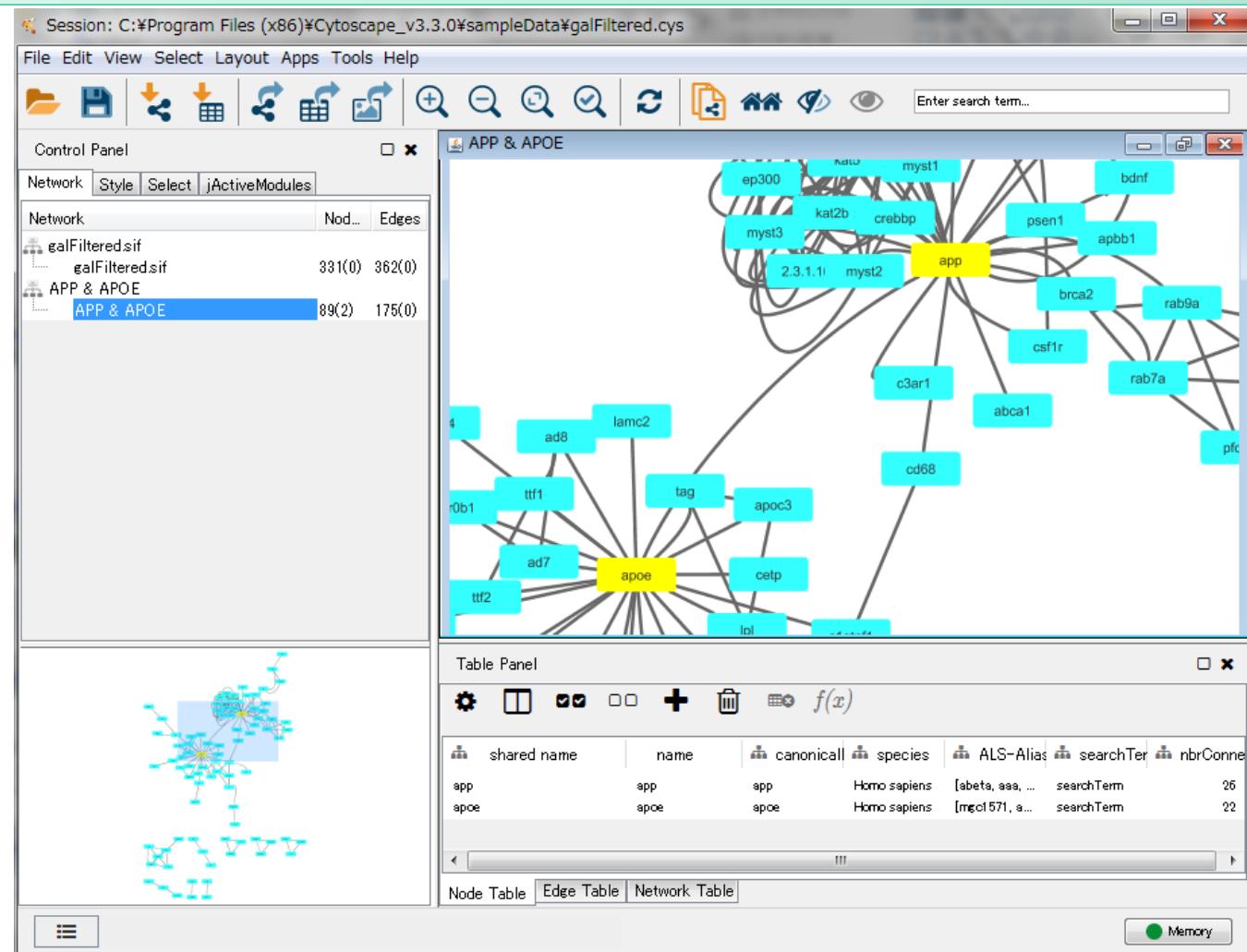
遺伝子発現量などの情報をもとに、大規模なネットワークの中からクラスターを発見するツール



© 2016 統合データベース講習会 Licensed Under CC 表示 2.1 日本

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、ネットワーク作成、表示するツール



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（履歴）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。

4. ネットワーク上で選択したノードの色を変更する

1. Controlパネルの「Style」で、「Node」タブを指定し、「Properties」をクリック。
2. 「Paint」>「Selected Paint」を選択。
3. 「Selected Paint」の欄で適当な色を指定。

5. ノード色に連続的な変化をつける作業を簡単にする。

1. メインメニュー「Tools」>「NetworkAnalyzer」>「Network Analysis」>「Generate Style from Statistics」を選択。
 1. 発現量に応じてノード色に連続的な変化をつける。スライド26-30 参照
 2. <http://med.bioinf.mpi-inf.mpg.de/netanalyzer/help/2.7/>

参考

情報提供、共有サイト 1 of 2

- 統合TV
 - Cytoscapeを使い倒す～インストール・基本操作編～（Cytoscape 3.x）
 - <http://doi.org/10.7875/togotv.2015.063>
 - Cytoscapeを使って実験データを可視化する（Cytoscape 3.x）
 - <http://doi.org/10.7875/togotv.2015.064>
- 『繋がり』を見る： Cytoscapeと周辺ツールを使ったグラフデータ可視化入門（大野氏@UCSD（第10回 データマイニング+WEB 勉強会@東京）
 - <http://www.slideshare.net/keiono/cytoscape>
- Cytoscapeによる細胞内インタラクトームの解析（斎藤氏、大野氏@UCSD）
 - <http://chianti.ucsd.edu/~kono/cy3intro/>

情報提供、共有サイト 2 of 2

- Qiita (プログラミングに関する知識を記録・共有するためのサービス)
 - Cytoscapeに関する情報のリスト
 - <http://qiita.com/tags/cytoscape>
- 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/>
- 今日から使える！データベース・ウェブツール 達人になるための実践ガイド100
 - 実験医学増刊Vol.32 No.20, 内藤雄樹 編, ISBN 978-4-7581-0343-5
 - <https://www.yodosha.co.jp/jikkenigaku/book/9784758103435/>

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。