

CYTOSCAPEを使った データの可視化と解析

2017年8月24日 AJACS河内

国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST)
バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC)

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）
- ・解剖学的状態の表示（X線、MRIなど）
- ・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
 - ・…
- ・…

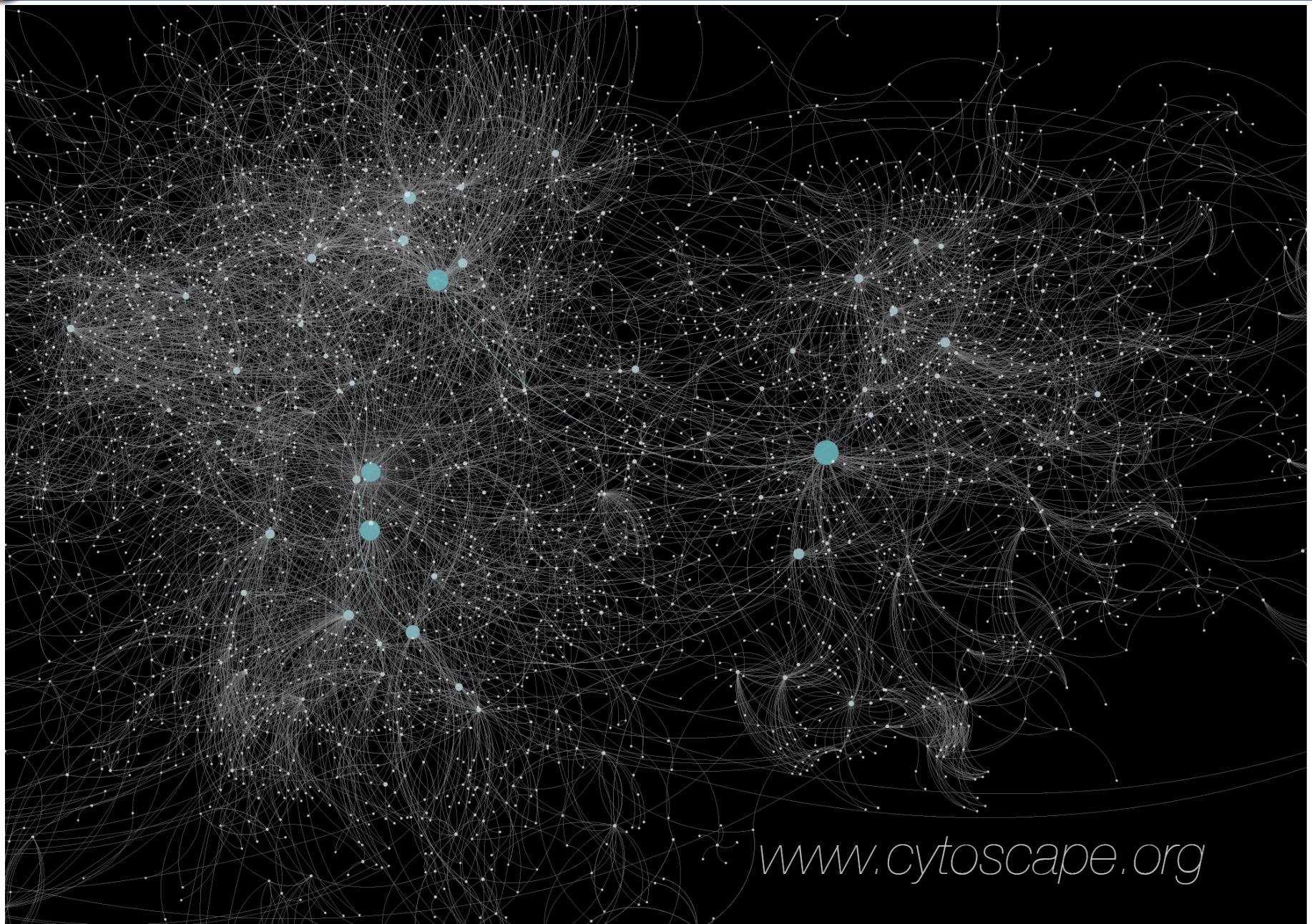
可視化の目的は？

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
(引用：Wikipedia)

Cytoscapeが
取り扱う領域

「モノ」と「モノ」、
「コト」と「コト」、「モノ」と
「コト」の関係をグラフ（点と
線）で可視化。

理解を深めることを支援する



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17～40）**
 - 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41～52）**
 - 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53～58）**
- **アプリのインストールと紹介（スライド59～64）**
- **データ解析の例（スライド65～77）**
 - 解析例1（スライド65～71）
 - 解析例2（スライド72～76）
- **TIPS（スライド78～80）**
- **参考（スライド81～85）**

各ページ右上のは今回紹介する予定のページです。

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（2017年8月15日現在）

- 3.5.1

- <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（アプリ）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>

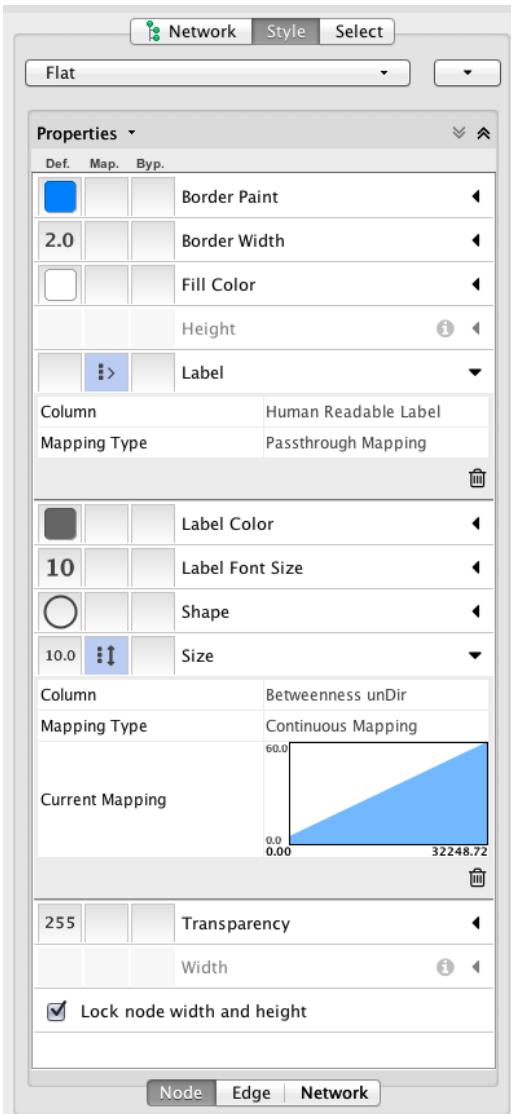


セッションファイルの取扱

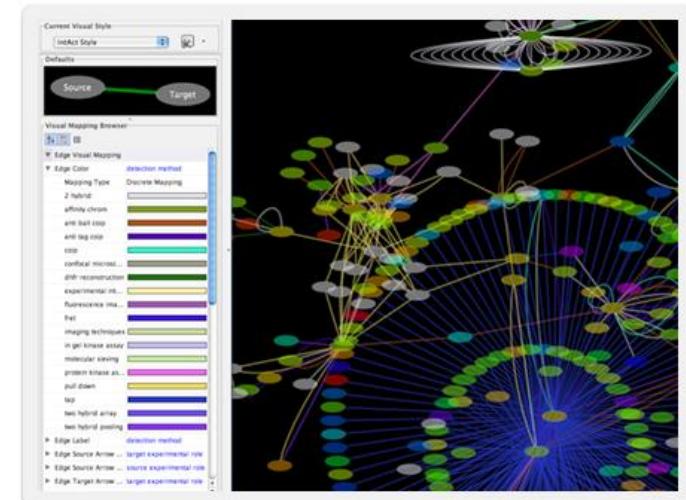
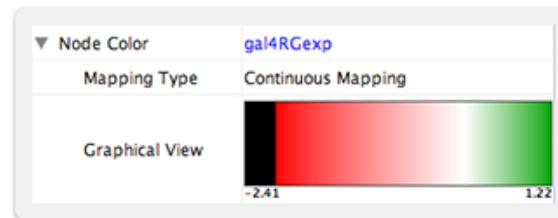
グラフ（パスウェイ、ネットワーク）のノード、エッジの属性、画面サイズ、解析の経過を保存



柔軟なデータ可視化機能



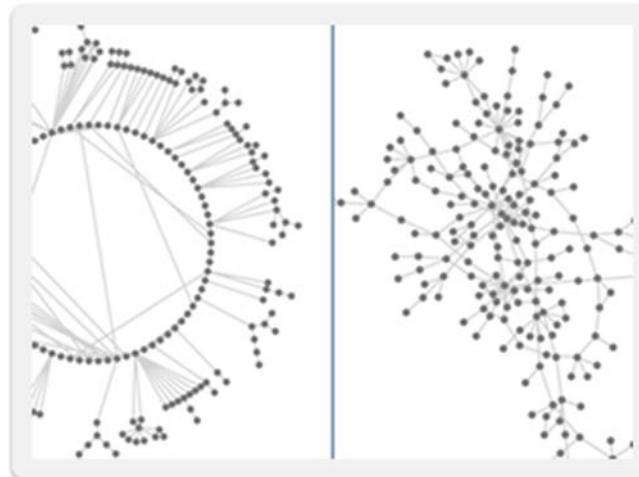
- Visual Style : 名前、タイプ、度数、頻度、発現量などの属性データを、ノードやエッジの色、大きさ、形、フォントタイプで表現。



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 search interface for a pathway database. At the top, there is a search bar with the query "cell wall (sensu the fungi re...)" 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

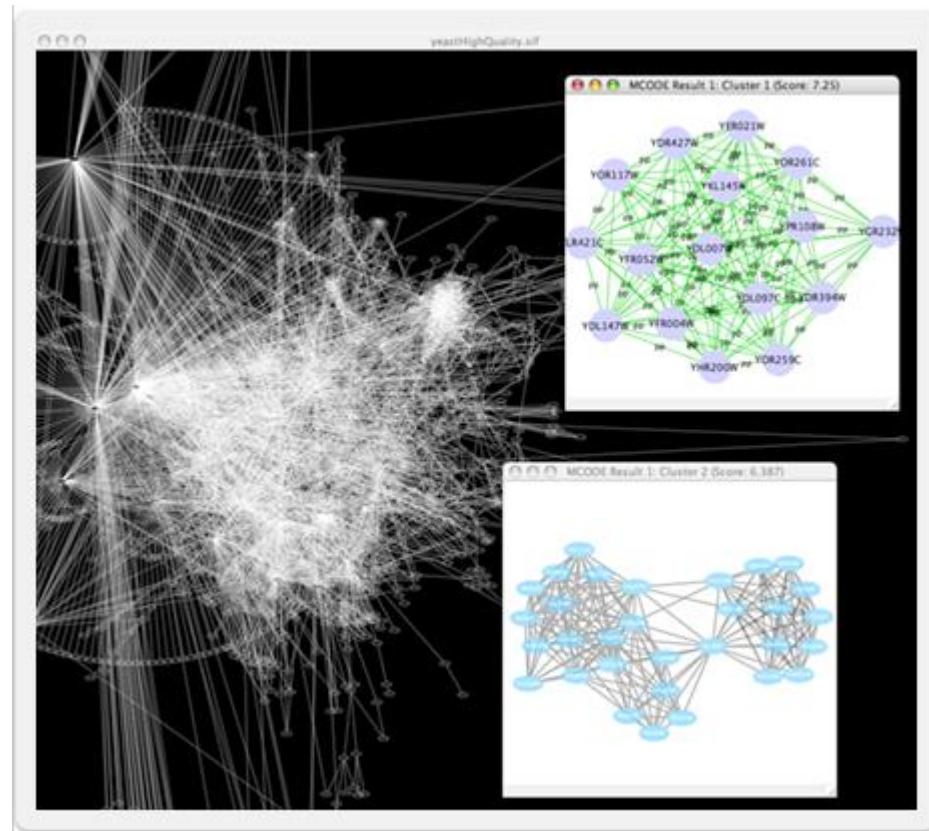
Below the results, there is a search bar containing the query "(KEGG AND mapk*) AND nucleus". The interface includes a "Data Panel" tab and several icons at the bottom left.

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...]

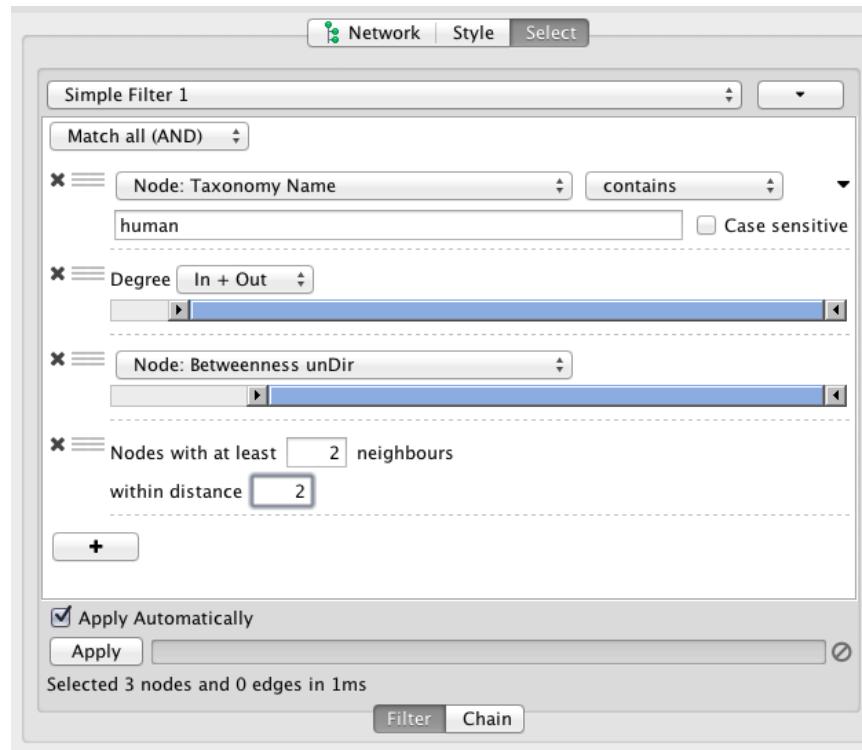
- ノードやエッジ（の属性）に対するキーワード検索を実装
- And/or検索、前方一致、後方一致などにも対応

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。

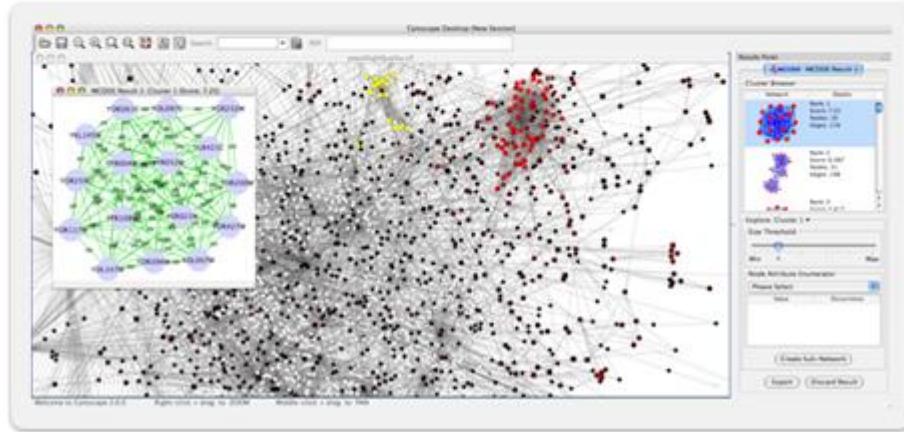
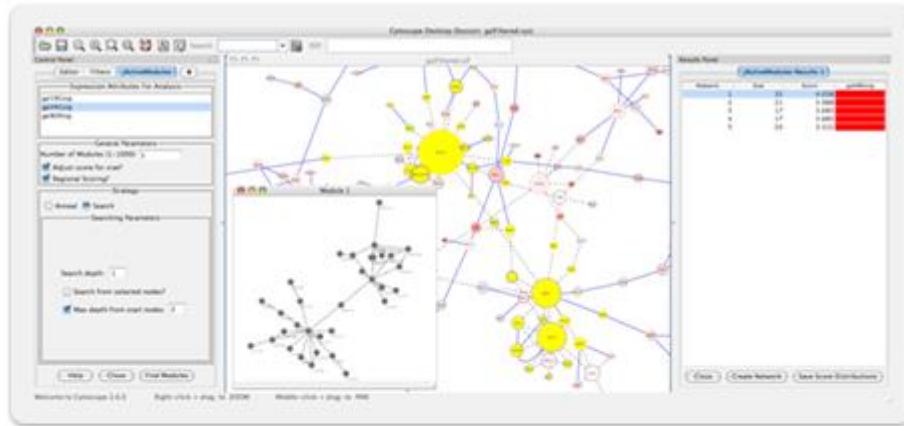


フィルタリング機能



- 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

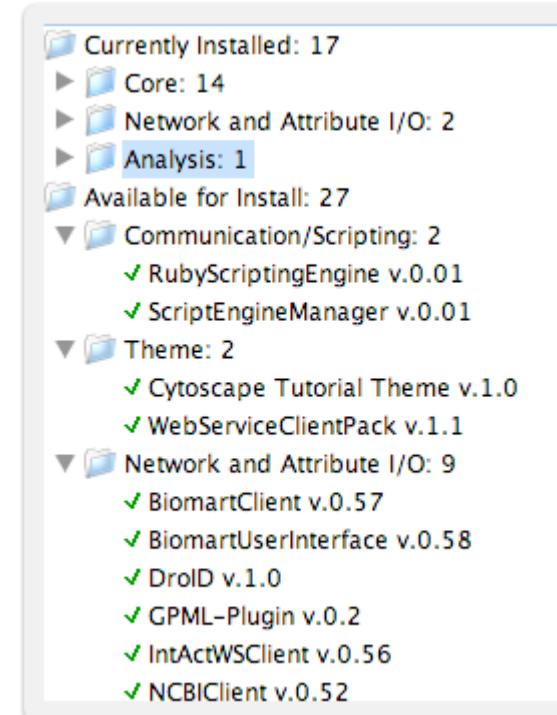
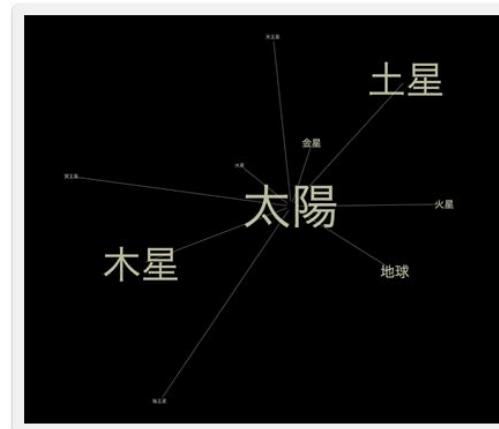


- （特定のプラグインを用いることで、）遺伝子ネットワーク内で特徴的に発現しているパスウェイの部分構造（サブパスウェイ）や、PPIにおける複合体、およびProtein similarity networkにおけるプロテインファミリーのクラスター発見を可能にする。

Apps (アプリ) 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。
- ・アプリ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アプリとして活用できることも！

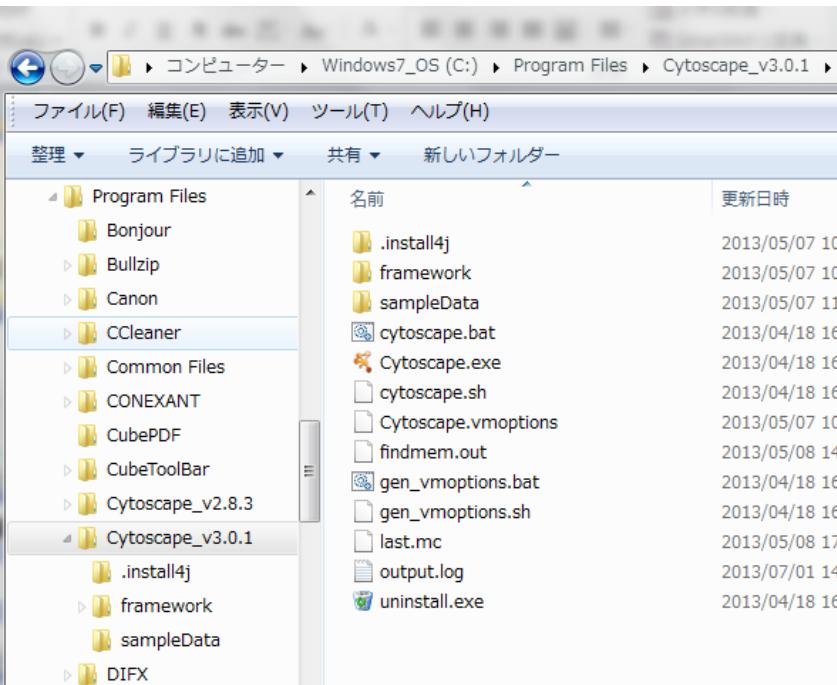
多言語対応



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。



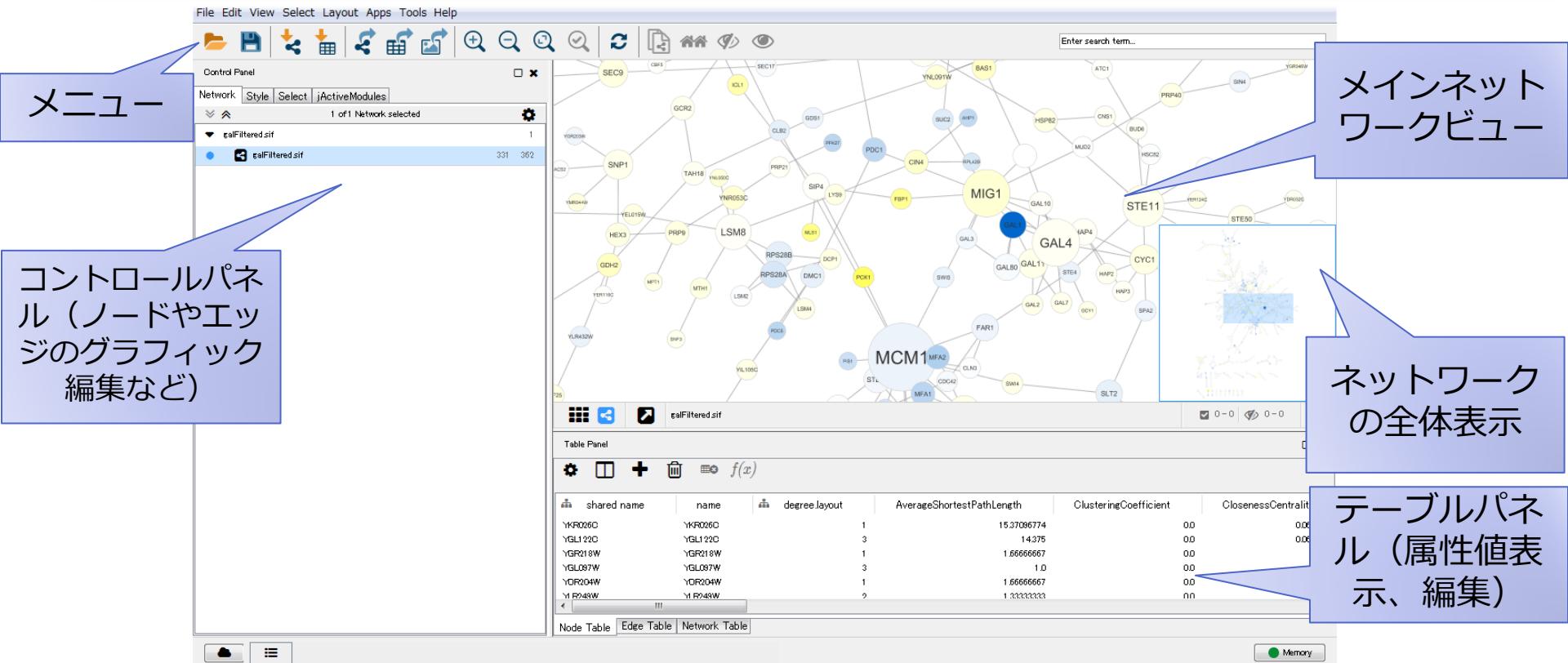
**-Xms2G
-Xmx4G**

<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_v3.5.1）を選択（ダブルクリック）して起動してみましょう。

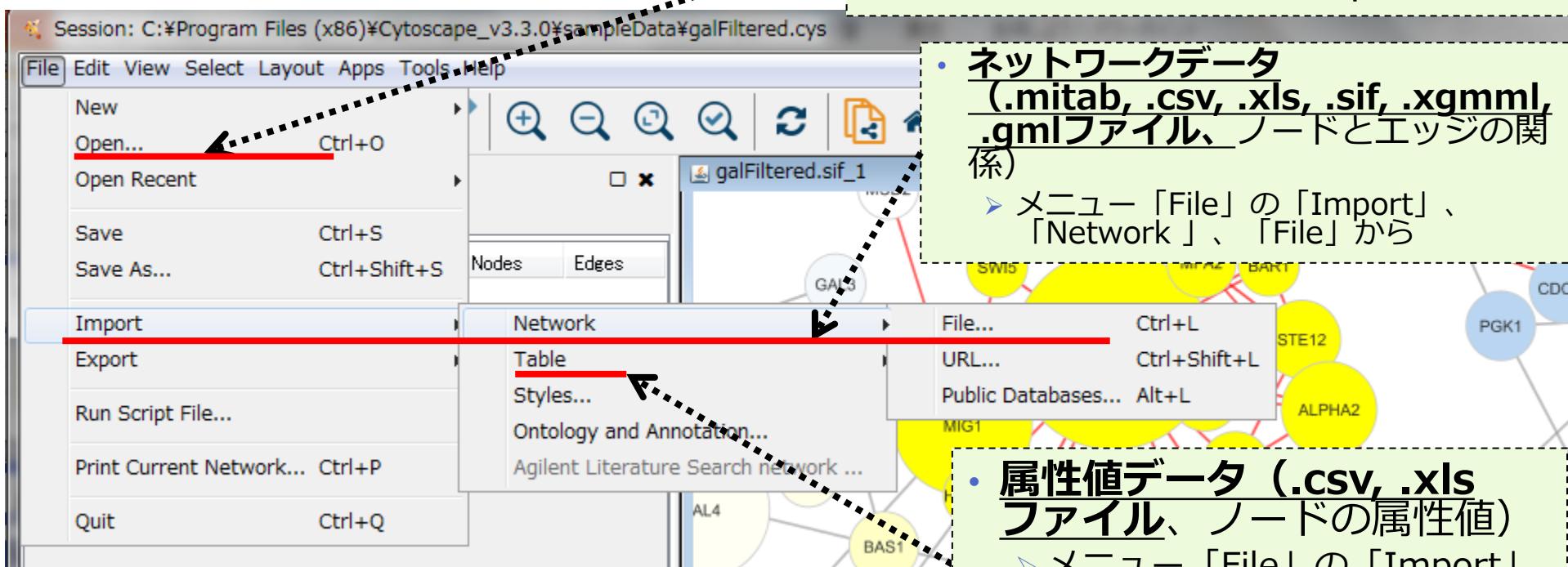


- * Welcome to Cytoscapeのウインドウは、右下の「Close」を押してください。
- * 図はgalFiltered.cysファイルを開いた後の表示。

ファイル別のデータの読み込み

- .cysファイル

➤ メニュー「File」の「Open」から



- ネットワークデータ
(.mitab, .csv, .xls, .sif, .xgmml, .gmlファイル、ノードとエッジの関係)

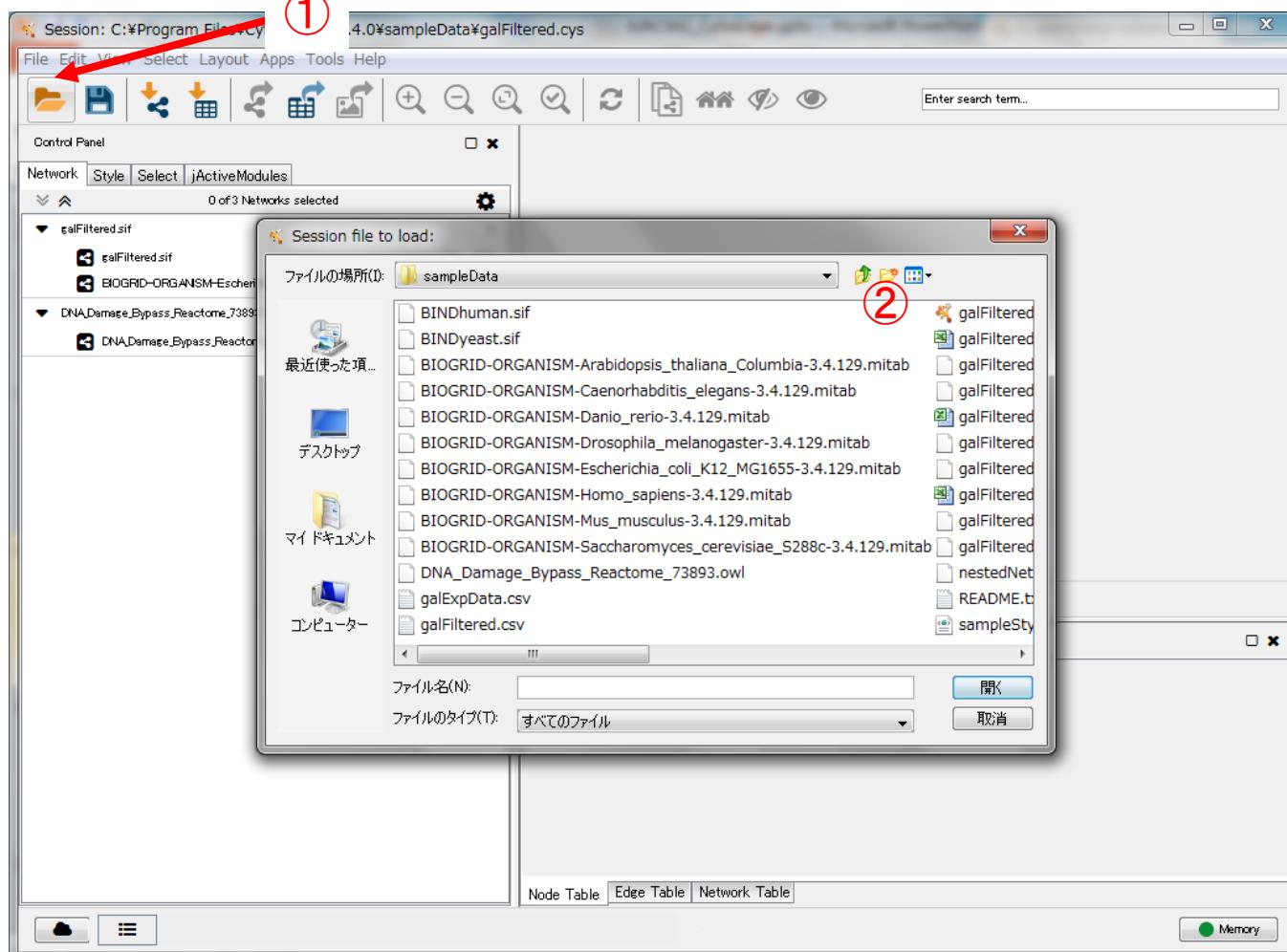
➤ メニュー「File」の「Import」、「Network」、「File」から

- 属性値データ (.csv, .xls
ファイル、ノードの属性値)

➤ メニュー「File」の「Import」、「table」、「File」から

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、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。
- http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Tutorial:Basic_Expression_Analysis_in_Cytoscape

メインネット
ワークビュー

ノード（遺伝子）の情報を確認する

The screenshot shows the Cytoscape interface. The main window displays a network graph with nodes represented by circles and edges by lines. A central node is labeled 'RAP1'. Nodes are colored yellow or grey. Some nodes have labels like 'GCR1', 'PHO4', 'PEP12', 'RPL16A', etc. A red circle labeled '①' points to the graph area. The bottom right corner of the graph window has a small inset showing a zoomed-in view of the network.

The left sidebar shows a 'Control Panel' with tabs for 'Network', 'Style', 'Select', and 'jActiveModules'. Under 'Network', there are three entries: 'galFiltered.sif' (selected), 'BOGRID-ORGANISM-Escherichia_coli_K12_MG1655-3.4.129.mtab138', and 'DNA_Damage_Bypass_Reactome_73893.owl (Default)'. The 'galFiltered.sif' entry shows statistics: 331 nodes and 362 edges.

The bottom panel is a 'Table Panel' titled 'Node Table'. It contains a table with columns: shared name, name, degree.layout, AverageShortestPathLength, and Clus. The table lists several nodes with their respective values.

shared name	name	degree.layout	AverageShortestPathLength	Clus
YCL030C	YCL030C	3	6.77822581	
YDR171W	YDR171W	1	7.28629032	
YBR093C	YBR093C	2	7.27016129	
YER074W	YER074W	1	7.28629032	
YIL069C	YIL069C	1	7.28629032	
YNL112W	YNL112W	2	7.99177419	

A red circle labeled '②' points to the 'Node Table' tab at the bottom of the Table Panel. Another red circle labeled '③' points to the 'AverageShortestPathLength' column in the table.

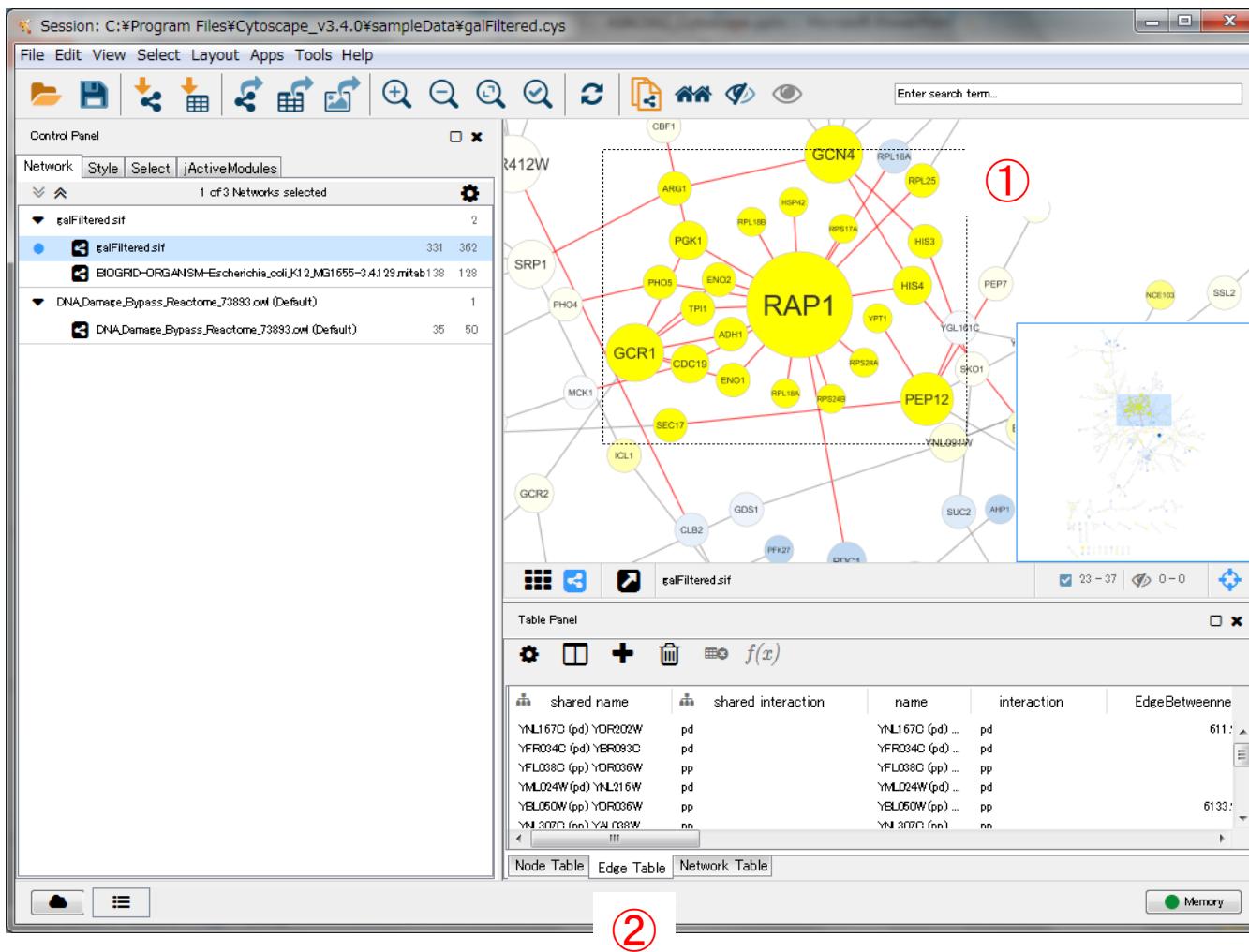
① メインネットワークビュー上で、Shiftキーを押しながら、複数のノード（接点）を選択。もしくはマウスで範囲指定して選択。

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

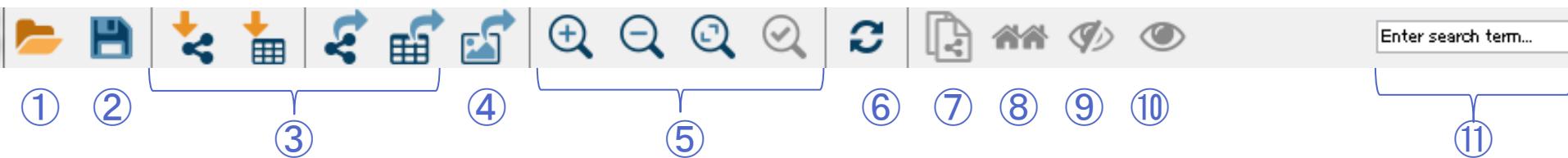


①メインネットワークビュー上で、Shiftキーを押しながら、複数のエッジ（接線）を選択。もしくはマウスで範囲指定して選択。

②テーブルパネルの「Edge Table」を選択。

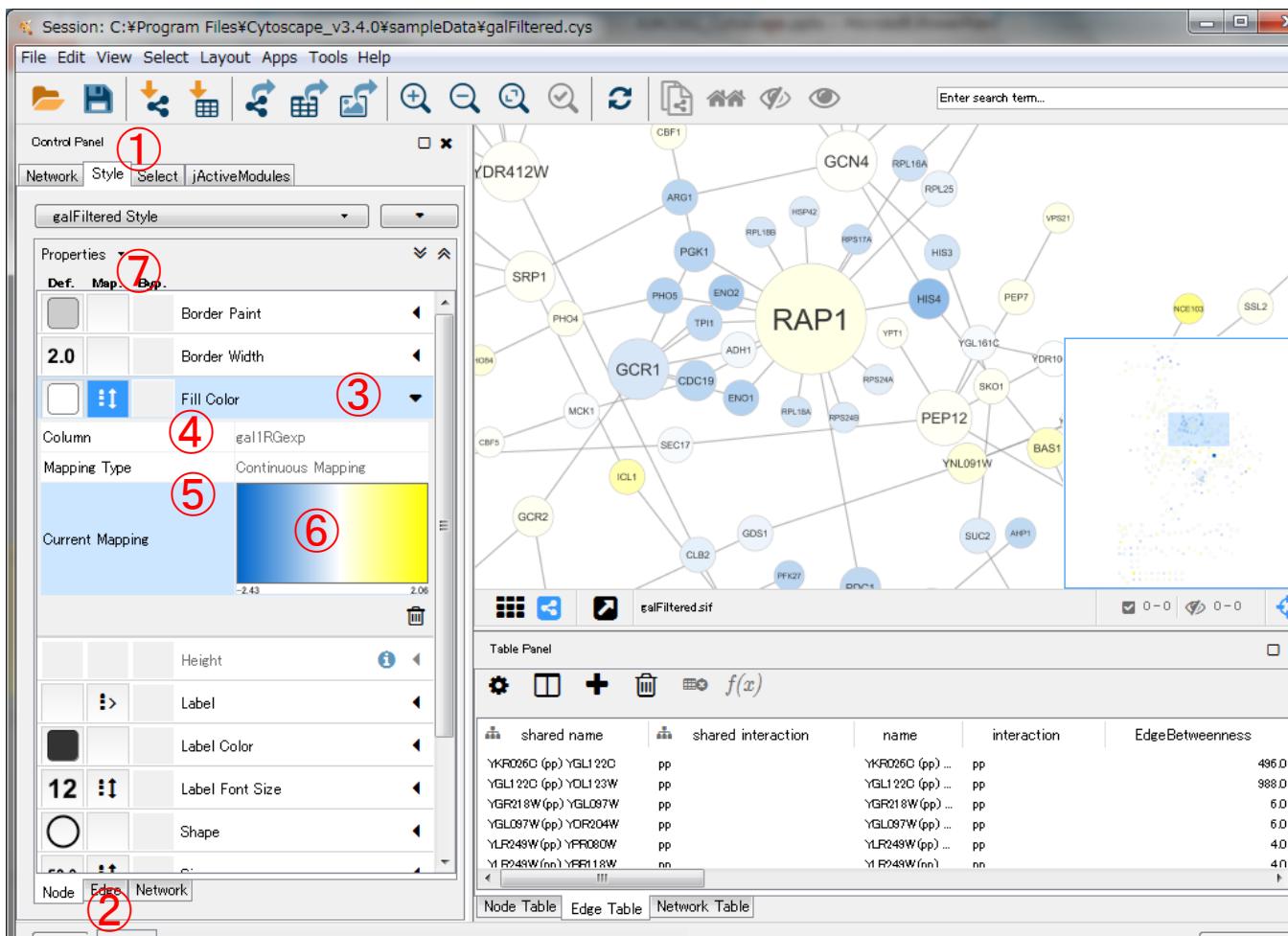
③エッジ（相互作用）の属性情報を確認

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

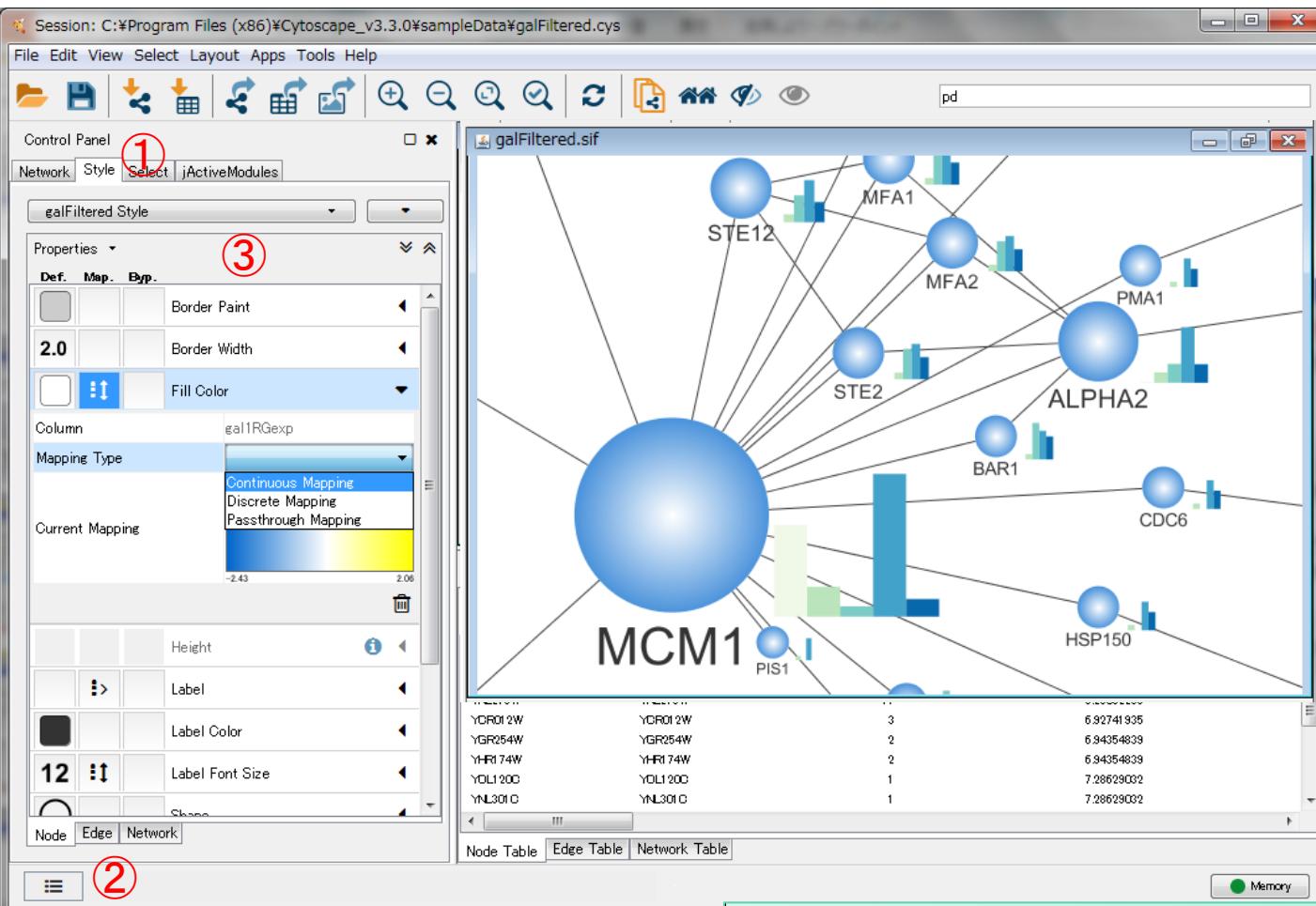


⑦Fill Colorなど目的とする属性が見つからないときは「Properties」をクリックしてみる。

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)



① Control 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

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

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

Control Panel

Network Style Select jActiveModules

galFiltered Style

Properties ▾

Def. Map. Byp.

<input type="checkbox"/>	Border Paint
2.0	Border Width
<input type="checkbox"/>	Fill Color

Column gal1RGexp

Mapping Type Continuous Mapping

Current Mapping

Height

Label

Label Color

Label Font Size 12

Shape

Node Edge Network

Continuous Mapping Editor for Node Fill Color

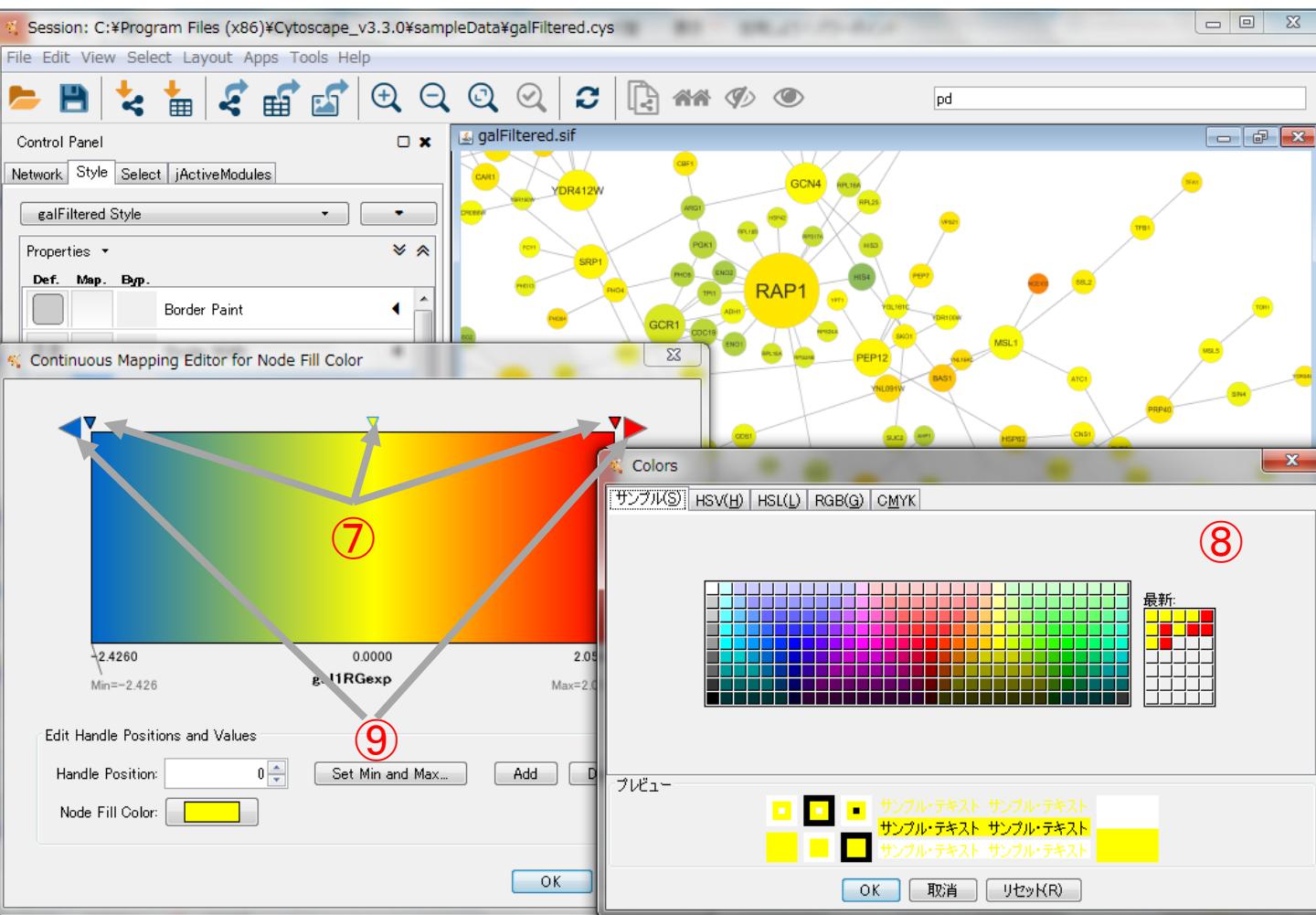
Min=-2.4260 Max=2.0580

Handle Position: 0 Set Min and Max... Add Delete

Node Fill Color:

OK Cancel Memory

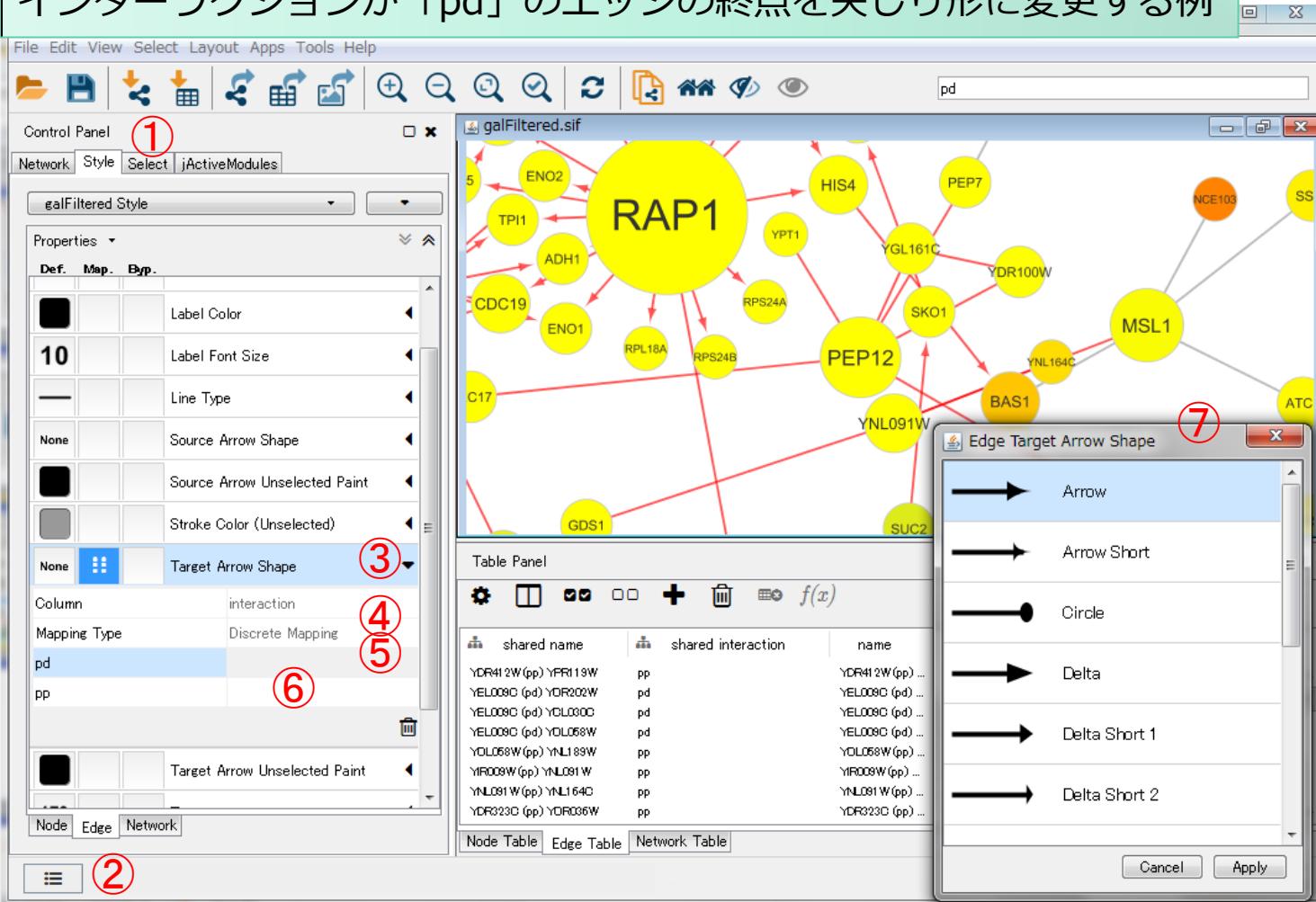
Styleを使ったノード色の編集 3 of 3



- 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

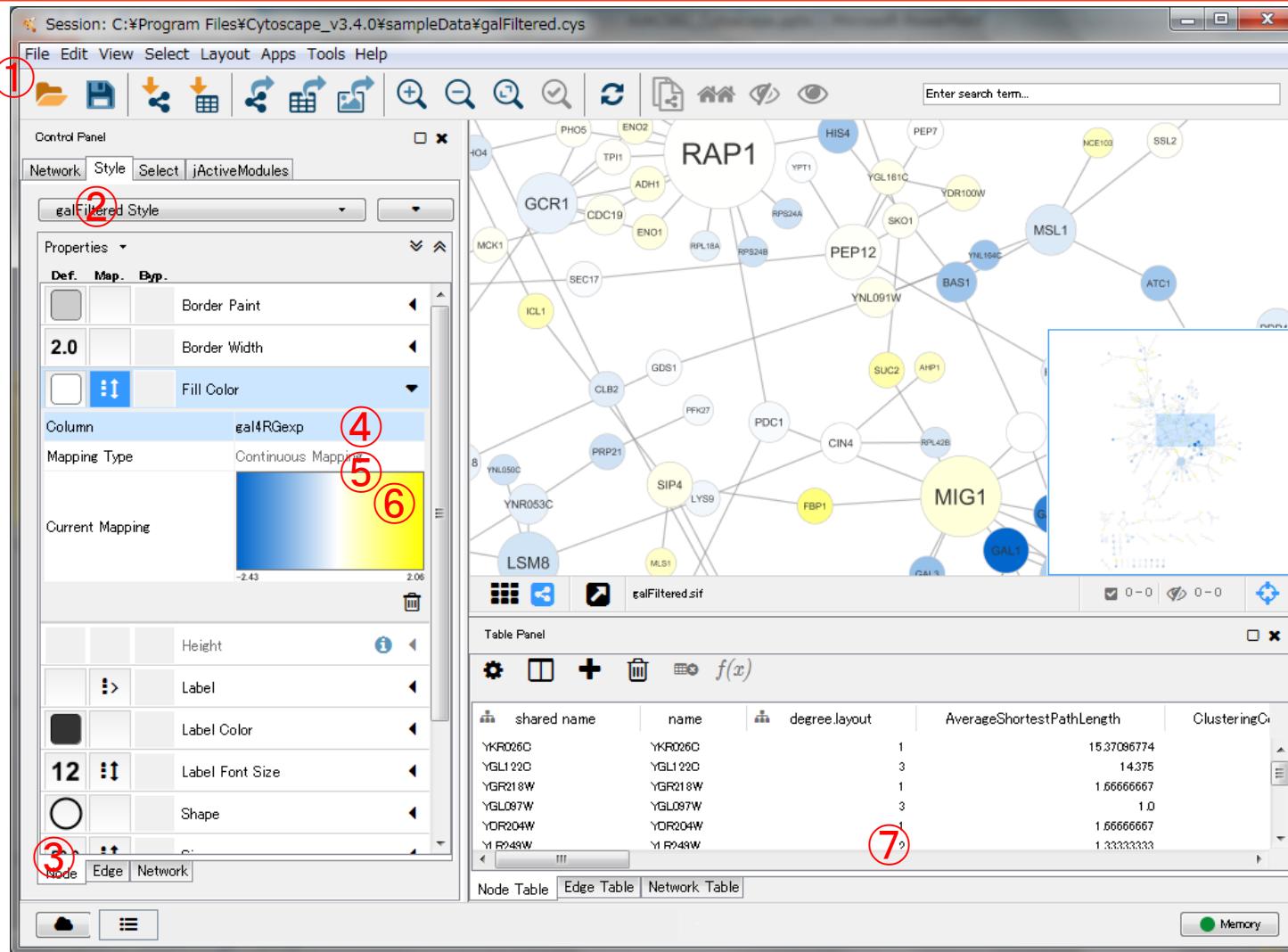


- ① Control Panel で「Style」を選択
- ② 「Edge」タブを選択
- ③ 「Target Arrow Shape」行を開く(三角印を選択)
- ④ Column欄で「Interaction」を選択
- ⑤ Mapping Type 欄で「Discrete Mapping」を選択
- ⑥ pd (タンパク質-DNA相互作用) 欄横の空欄をダブルクリック
- ⑦ 開いたウインドウで「Arrow」を選択。

ここまで終わったら、メインメニュー「File」>「Save As...」で適当な名前を付けて（例、20170208）これまでの編集結果を消去します。

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 centered around node RAP1. The Control Panel on the left is open, displaying several filter options. Red numbers 1 through 8 are overlaid on the panel to indicate specific steps:

- Control Panelで「Select」を選択
- 「+」を押して「Column Filter」を選択
- 「Choose Column」を押し、「Edge:interaction」を選択
- 「contains」を「is」に変更。
- クリエイター欄に「pd」を入力
- 「Apply」を押す。
- 「Network」タグを選択し、
- 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

Table Panel

shared name	shared interaction	name	interaction	Edge Betweenne
YGR088W (pd) YLR256W	pd	YGR088W (pd) ...	pd	93
YPR113W (pd) YMR043W	pd	YPR113W (pd) ...	pd	93
YCL067C (pd) YL015W	pd	YCL067C (pd) ...	pd	93
YCL067C (pd) YDR461W	pd	YCL067C (pd) ...	pd	93
YCL067C (pd) YFL026W	pd	YCL067C (pd) ...	pd	93
YAL108W (nd) YAL075W	nd	YAL108W (nd) ...	nd	93

Selected 0 nodes and 111 edges in 31ms

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 クリエイター欄に「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

サブパスウェイ (部分パスウェイ) の抽出 1 of 8

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.4.0\sampleData\galFiltered.cys

File Edit View **Select** Layout Apps Tools Help

Evidence from Literature
Mouse Drag Selects
Nodes
Edges
Show all nodes and edges
Hide selected nodes and edges
Hide unselected nodes and edges
Select all nodes Ctrl+Alt+A
Deselect all nodes Ctrl+Alt+Shift+A

Control Panel
Network Style
Default filter
Edge: pd

First Neighbors of Selected Nodes
Invert node selection
Hide selected nodes
Hide unselected nodes
Show all nodes
Select all nodes Ctrl+A
Deselect all nodes Ctrl+Shift+A
Nodes connected by selected edges **Ctrl+7**
From ID List file... Ctrl+I

CLB2, PFK27, PRP21, YNR053C, LSM8, SIP4, LYS9, PDC1, CIN4, FBP1, MIG1, GAL1, NCE103, SSL2, YGR088W, YPR113W, YOL067C, YOL067D, YOL067O, YLR256W, YMR043W, YLO15W, YDR461W, YFL026W, YAI038W, YPI075W

Table Panel

shared name	shared interaction	name	interaction	Edge Betweenness
YGR088W (pd)	YLR256W	YGR088W (pd) ...	pd	
YPR113W (pd)	YMR043W	YPR113W (pd) ...	pd	
YOL067C (pd)	YLO15W	YOL067C (pd) ...	pd	
YOL067D (pd)	YDR461W	YOL067D (pd) ...	pd	
YOL067O (pd)	YFL026W	YOL067O (pd) ...	pd	
YAI038W (rnd)	YPI075W	YAI038W (rnd) ...	rnd	9341

Node Table Edge Table Network Table Memory

Selected 0 nodes and 111 edges in 31ms

Apply when filter changes
Apply Filter

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

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.4.0\sampleData\galFiltered.cys

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

New... Open... Open Recent Save Save As... Import Export Close Window Run Script File... Print Current Network... Quit Ctrl+O Ctrl+S Ctrl+Shift+S Ctrl+W Ctrl+P Ctrl+Q

Network > Session From selected nodes, all edges Ctrl+N From selected nodes, selected edges Ctrl+Shift+N Clone Current Network Empty Network

Enter search term...

(2)

Nodes: GCR1, CDC19, ENO1, RPL18A, RPS24A, SEC17, JCL1, CLB2, PDC1, CIN4, MIG1, YNR053C, LSM8, SIP4, LYS9, FBP1, GAL1, GAL4, YGR088W, YPR113W, YCL067C, YCL067D, YFL026W, YAL002W, YPR043W, YIL015W, YDR461W, YPR025W, YAL075W, PEP7, GL181C, YDR100W, NCE103, SSL2, MSL1, ATC1.

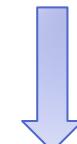
Table Panel

Apply when filter changes Selected 0 nodes and 111 edges in 31ms

Filter Chain

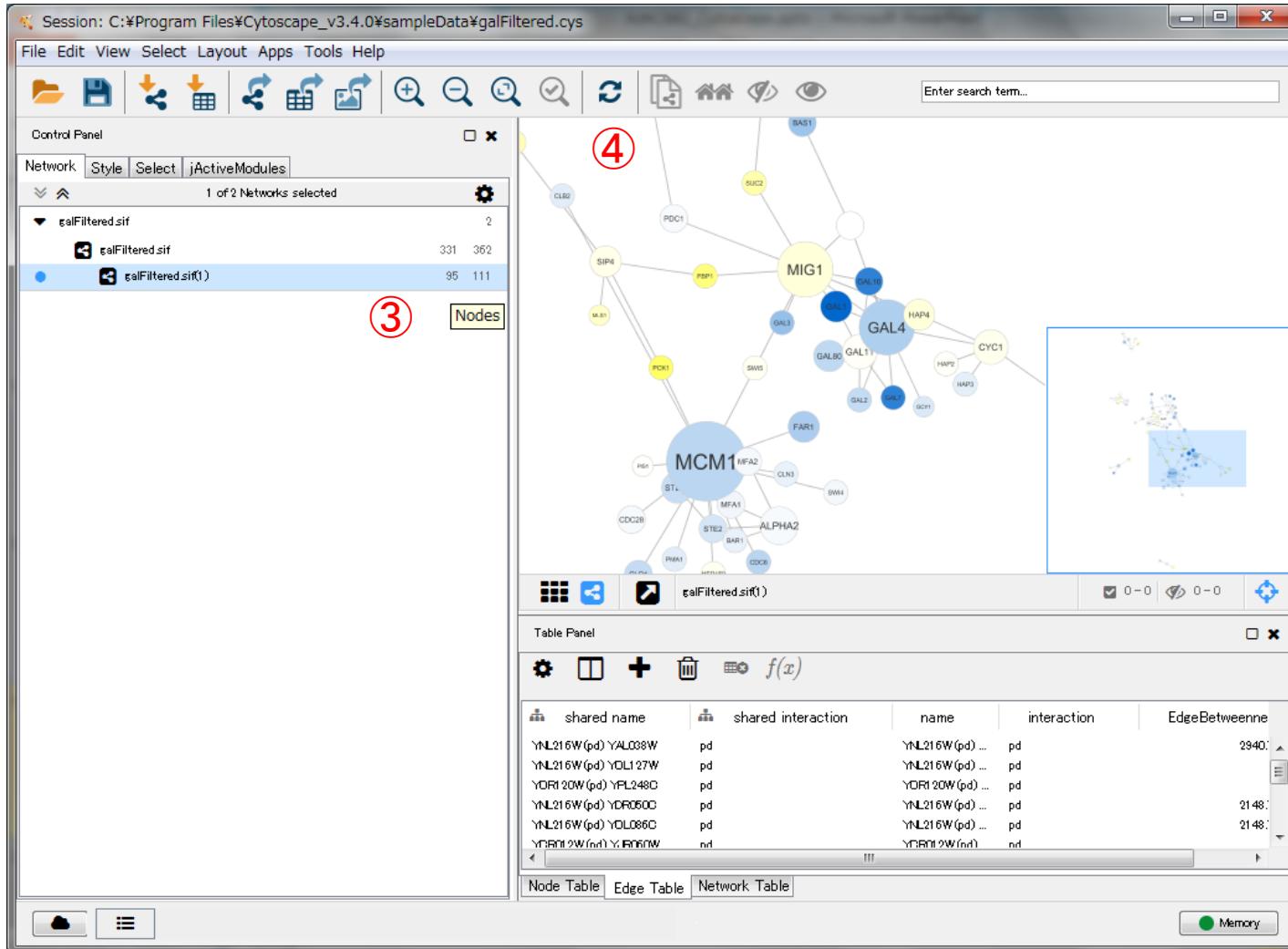
Node Table Edge Table Network Table

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

The screenshot shows the Cytoscape interface with a network graph. The Control Panel on the left is open, specifically the 'Style' tab under 'Network'. A red circle labeled '5' is on the 'Style' tab button. The 'Target Arrow Shape' section is highlighted with a red box, containing a dropdown menu with options: 'Arrow', 'Arrow Short', 'Circle', 'Delta', 'Delta Short 1', and 'Delta Short 2'. A red arrow points from the 'Target Arrow Shape' section in the Control Panel to this dropdown menu. A red circle labeled '6' is on the 'Edge' tab button in the bottom left of the Control Panel.

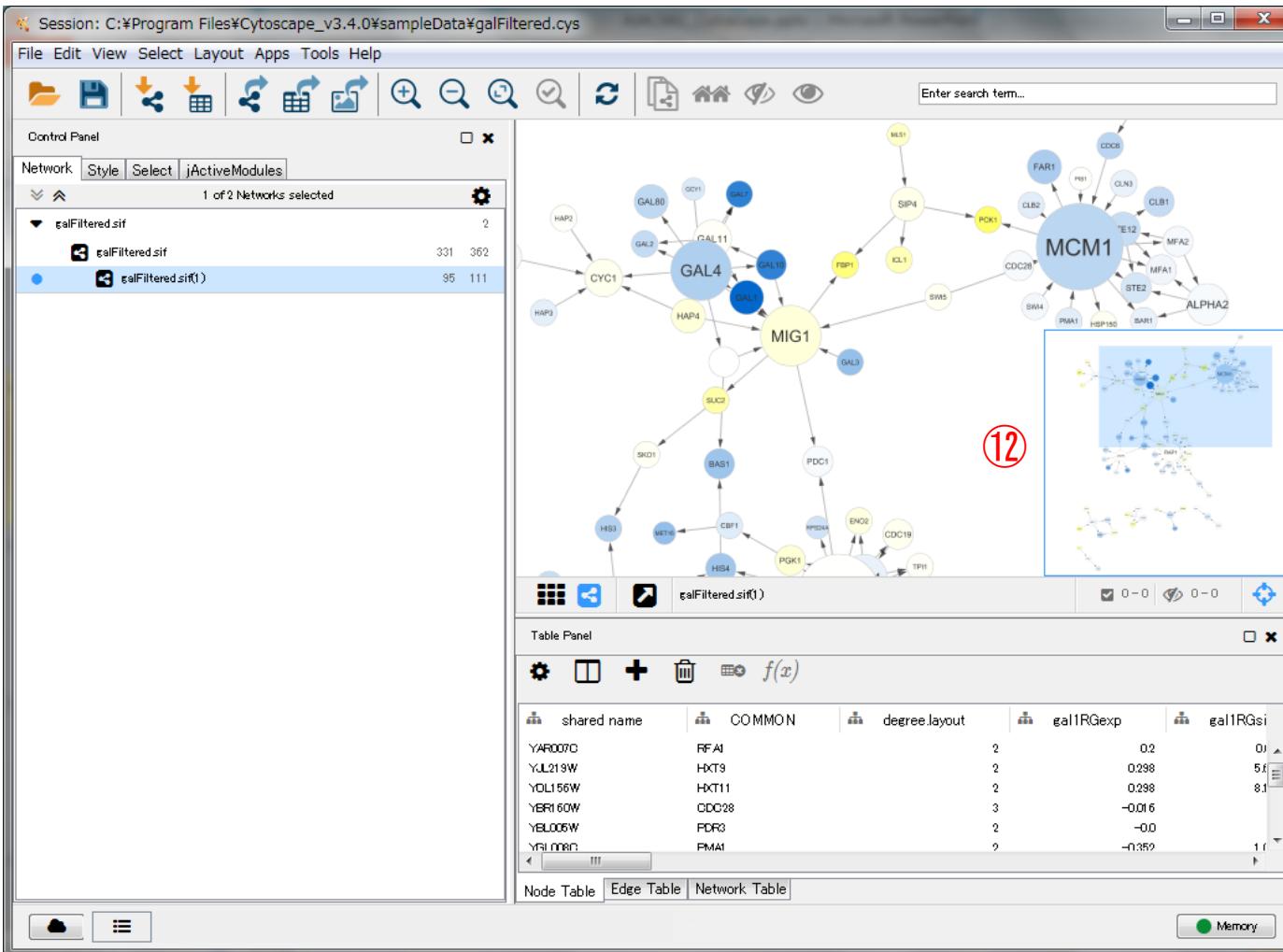
エッジの一端が矢じり形になっていることを確認



- 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

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.4.0\sampleData\galFiltered.cys

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

Evidence from Literature
Mouse Drag Selects
Nodes
Edges
Show all nodes and edges
Hide selected nodes and edges
Hide unselected nodes and edges
Select all nodes and edges Ctrl+Alt+A
Deselect all nodes and edges Ctrl+Alt+Shift+A

Control Panel
Network Style

galFiltered.sif
galFiltered

First Neighbors of Selected Nodes
Invert node selection
Hide selected nodes
Hide unselected nodes
Show all nodes
Select all nodes Ctrl+A
Deselect all nodes Ctrl+Shift+A
Nodes connected by selected edges Ctrl+7
From ID List file... Ctrl+I

Undirected Ctrl+6
Directed: Incoming
Directed: Outgoing

Enter search term...

Nodes
edges
CYC1
HAP1
HAP2
HAP3
HAP4
CYB2
CYT1
GAL10
GAL11
GAL12
GAL13
GAL4
GALY
MIG1

Table Panel

shared name	COMMON	degree.layout	gal1RGexp	gal1RGsig
YER019C	GAL10	3	0.061	0.088
YBR020W	GAL1	4	-2.426	7.0101
YPL248C	GAL4	11	0.1	0.11
YBR018C	GAL7	2	0.153	7.8855

Node Table Edge Table Network Table

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。

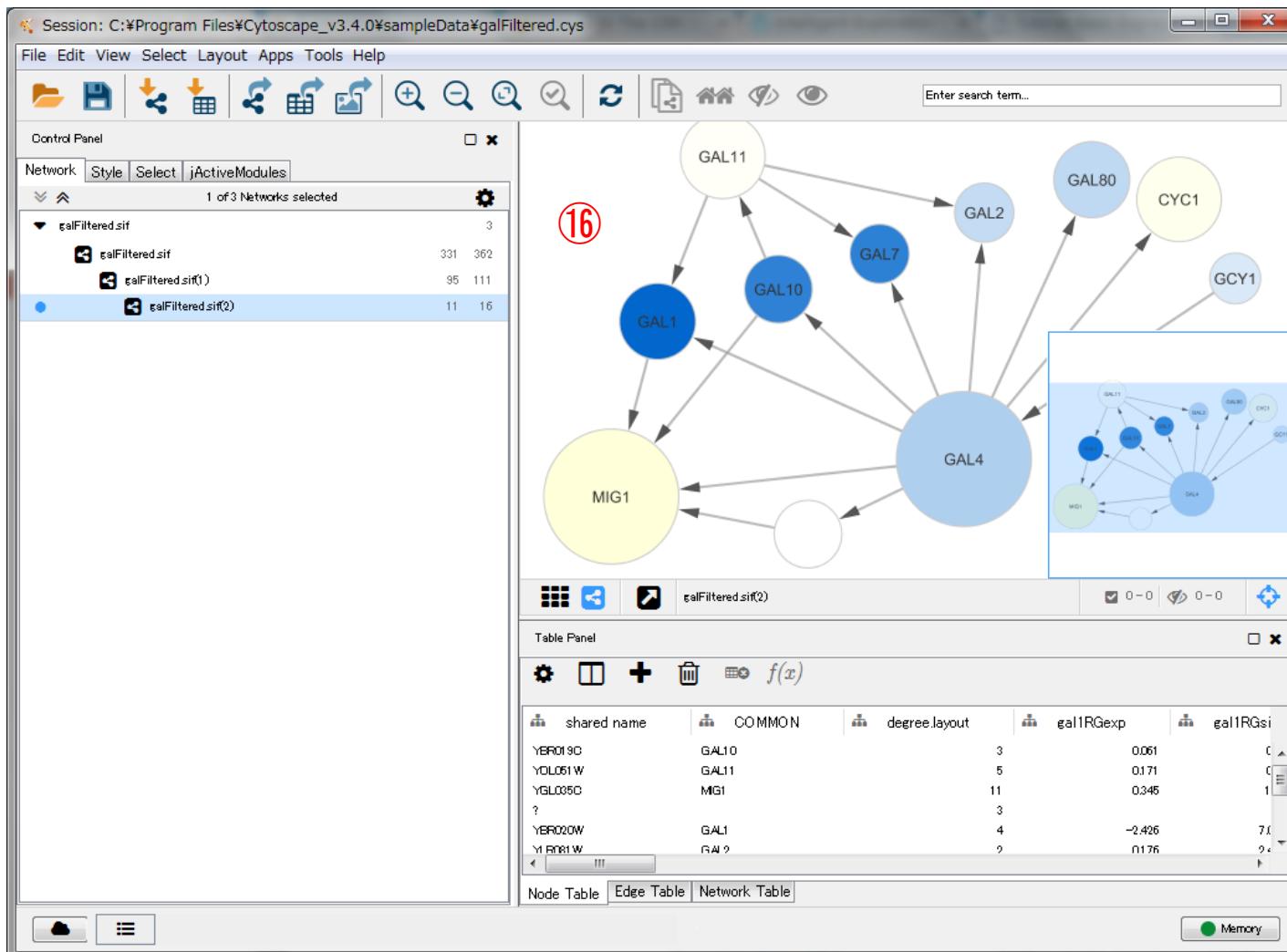
サブパスウェイ（部分パスウェイ）の抽出 7 of 8

The screenshot shows the Cytoscape interface. At the top, a red circle labeled '15' with a downward arrow points to the 'New Network From Selection' icon in the toolbar. The main window displays a network graph with nodes like CYC1, HAP1, CYC3, GAL1, GAL4, and MG1. A subgraph is highlighted in blue. Below the graph is a table panel titled 'f(x)' containing the following data:

shared name	COMMON	degree.layout	gal1RGexp	gal1RGsi
YDR120W	GCY1	1	0.194	9.0
?		3		
YBR019C	GAL10	3	0.061	0
YOL051W	GAL11	5	0.171	0
YGL035C	MG1	11	0.345	1
YPR021W	GAL1	4	-0.406	7.1

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

パスウェイの描き方

パスウェイデータの作り方

1. 既存のパスウェイデータを活用（活用例、パスウェイに実験データを重ねる）
 - 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. 実験データからネットワークを構築する（例、共発現ネットワーク）

インポート機能を使ったデータの取り込み1/3

The screenshot shows the Cytoscape interface with a network graph of yeast proteins. The 'File' menu is open, and the 'Import' option is highlighted. A red circle labeled '①' points to the 'Import' button in the menu.

File Edit View Select Layout Apps Tools Help

New... Ctrl+O

Open... Ctrl+S

Open Recent

Save... Ctrl+Shift+S

Save As...

Import

Network

Table

Styles...

Ontology and Annotation...

Agilent Literature Search network ...

Print Current Network... Ctrl+P

Quit Ctrl+Q

Mapping Type Continuous Mapping

Current Mapping

Height

Label

Label Color

Label Font Size

Shape

Node Edge Network

Session: C:\Program Files\Cytoscape_v3.4.0\sampleData\galFiltered.cys

Enter search term...

File... Ctrl+L

URL... Ctrl+Shift+L

Public Databases... Alt+L

From URL

①

Table Panel

shared name shared interaction name interaction EdgeBetweenness

YKR026C (pp) YGL122C	pp	YKR026C (pp) ...	pp	496.0
YGL122C (pp) YOL123W	pp	YGL122C (pp) ...	pp	988.0
YGR218W (pp) YGL097W	pp	YGR218W (pp) ...	pp	6.0
YGL097W (pp) YDR204W	pp	YGL097W (pp) ...	pp	6.0
YLR249W (pp) YPR080W	pp	YLR249W (pp) ...	pp	4.0
YLR249W (nn) YPR118W	nn	YLR249W (nn) ...	nn	4.0

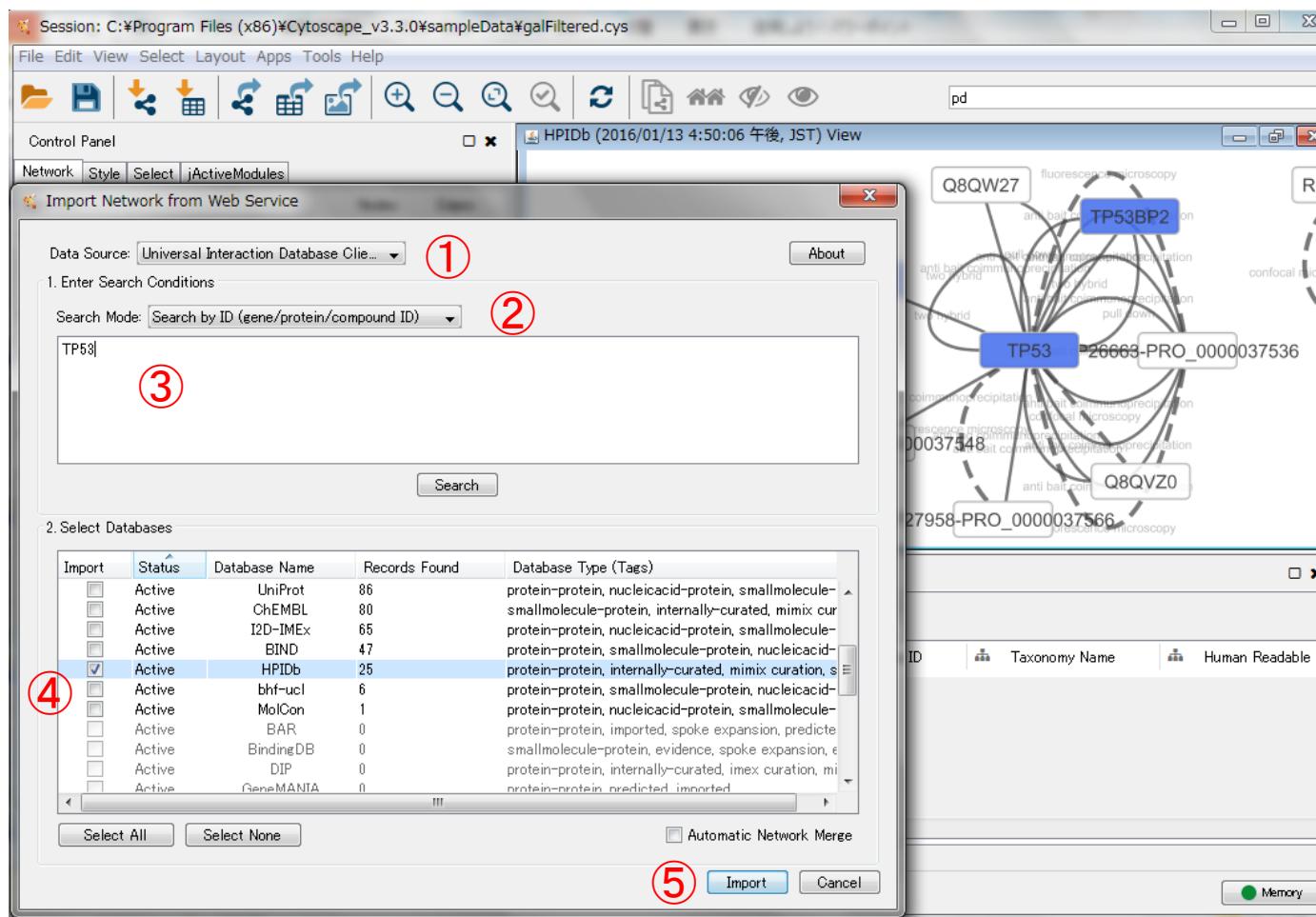
Node Table Edge Table Network Table Memory

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60参照）。

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 the following components:

- File Menu:** File, Edit, View, Select, Layout, Apps, Tools, Help.
- Control Panel:** Includes icons for file operations like Open, Save, Import, and zoom.
- Network Table:** Shows a list of pathways and their details. A pathway named "Apoptosis-related network due to altered Notch3 in ovarian cancer" is highlighted.
- Import Network from Web Service Dialog:**
 - ① Data Source:** Set to "WikiPathways".
 - ② Species:** Set to "Homo sapiens".
 - ③ Only:** Checkmark is selected.
 - ④ Pathway:** A dropdown menu showing various pathway names, with "Apoptosis-related network due to altered Notch3 in ovarian cancer" selected.
 - ⑤ Import as Network:** A button at the bottom left of the dialog.
- Network View:** Displays a complex biological network graph with nodes representing genes and proteins and edges representing interactions.
- Table View:** A table view showing the network structure with columns for name, GraphID, GeneID, Datasource, and WP.type.

- 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。もしくは該当リストをダブルクリック。

Data Sourceを“WikiPathways”にする場合、事前にApp Manger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

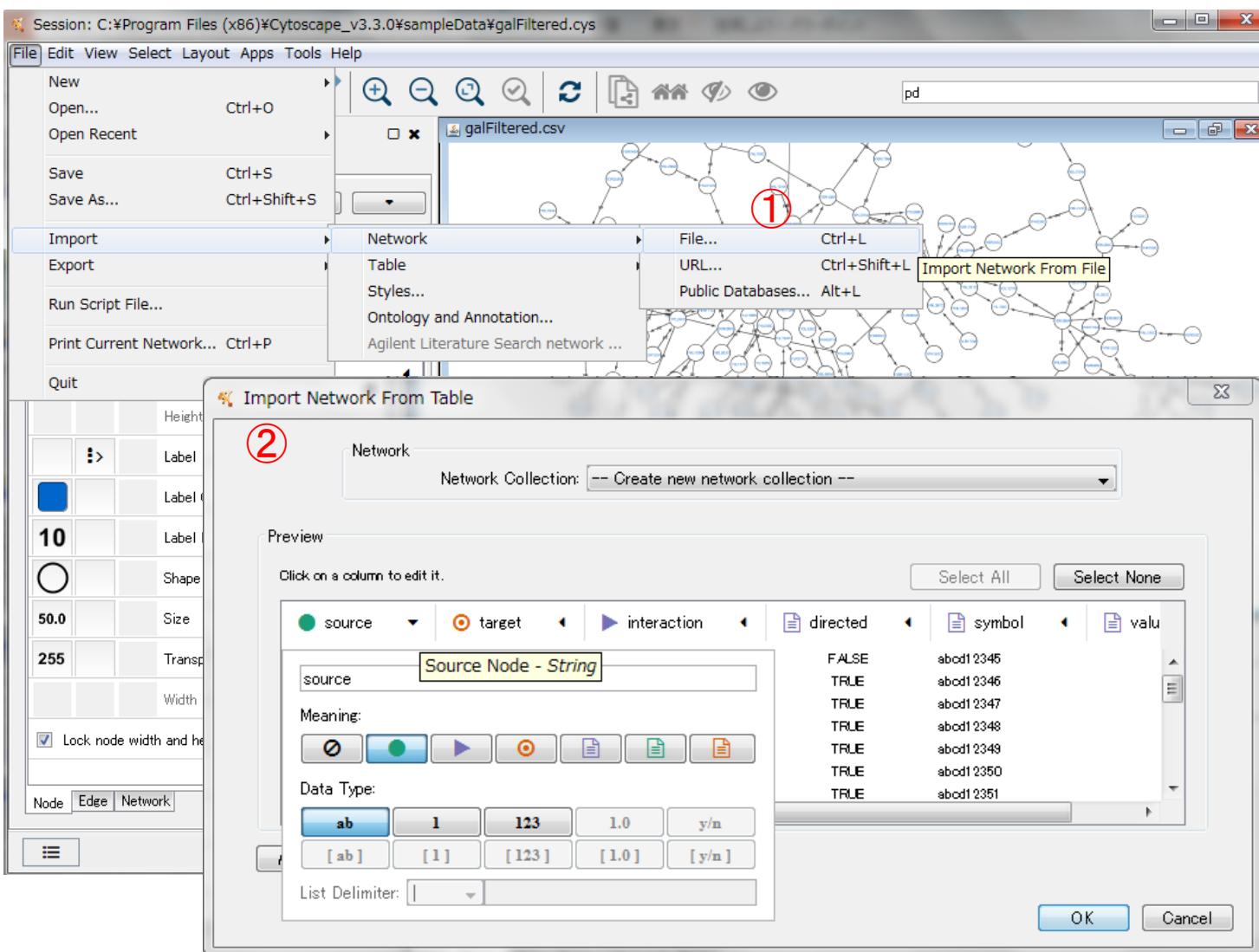
Source	Edge	Target
YDR309C	pp	YLR229C

・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

GenelD	Symbol	Expression
YDR309C	GIC2	0.427
YLR229C	CDC42	0.074

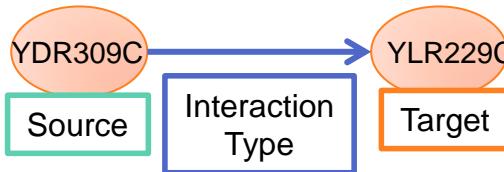
テキストエディタ、Excelを使って作成したパスウェイデータを読み込む



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

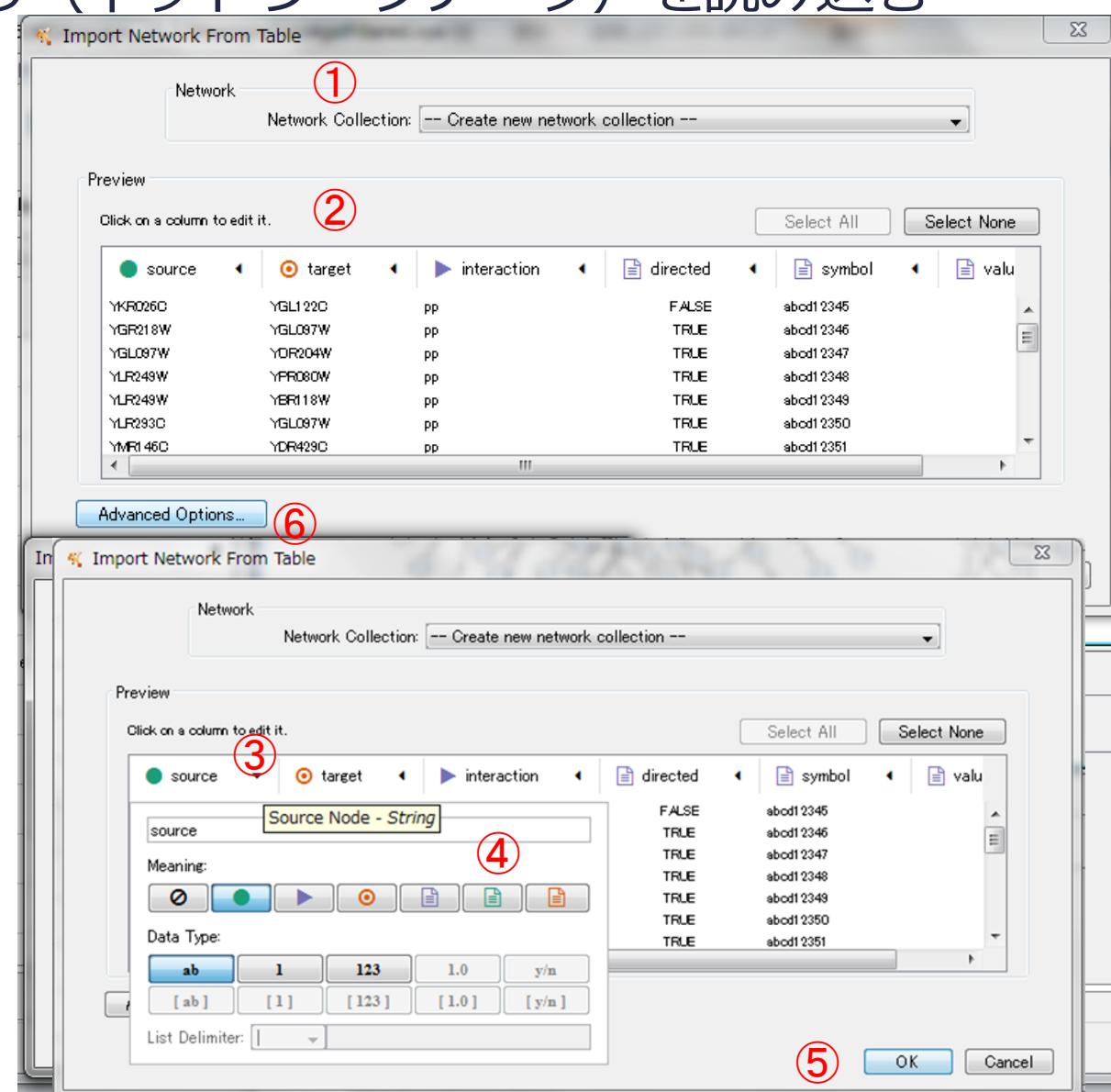
②Import Network From Tableが開く

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

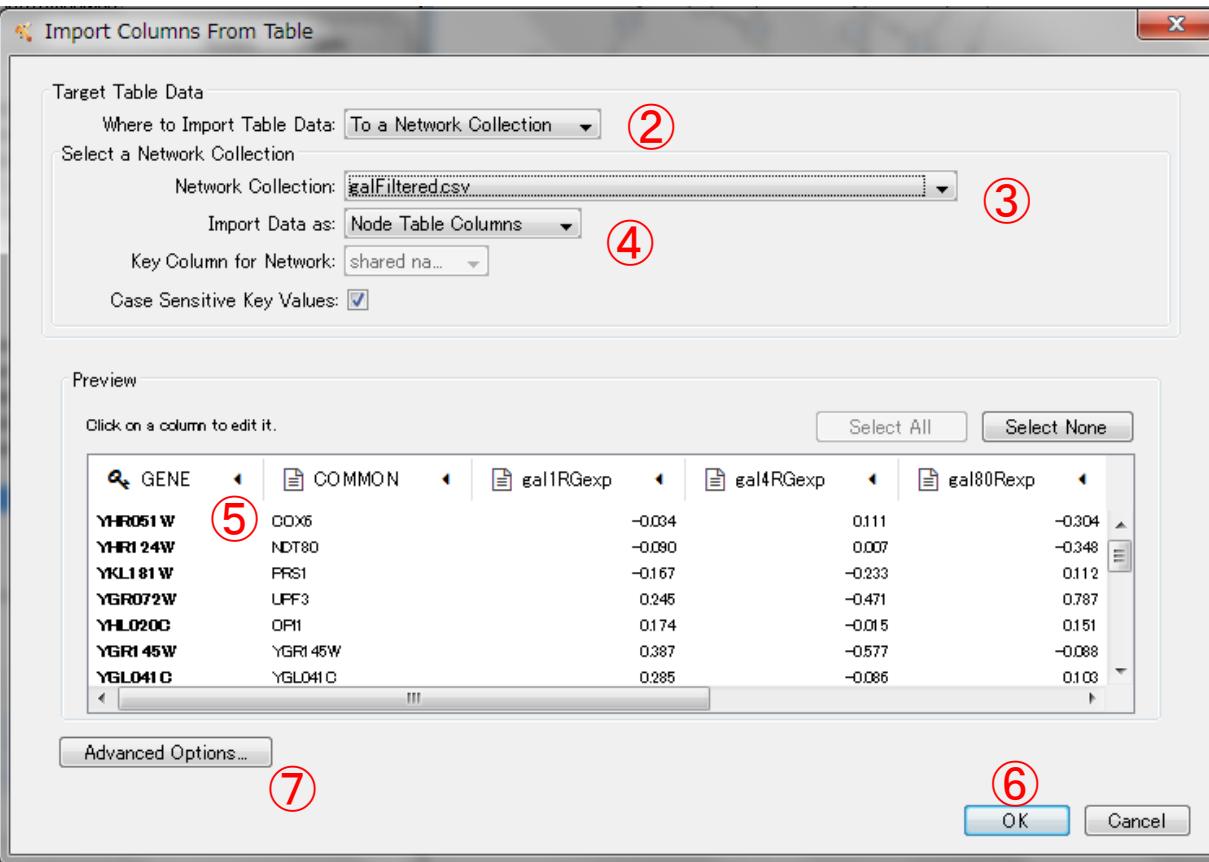


- ① Network Collectionのプルダウンメニューで「Create new network collection」を選択。
- ② インポートする表データに対して「Source」、「Target」になるカラム（列）を指定する。
- ③ この時、各カラムの右にある◀を押して、
- ④ カラムのMeaning（SourceやTarget、Interaction（エッジ）、何の属性か）およびDataType（数値データか、文字列データかなど）を指定する。
- ⑤ 最後にOKボタンを押す。

- 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。

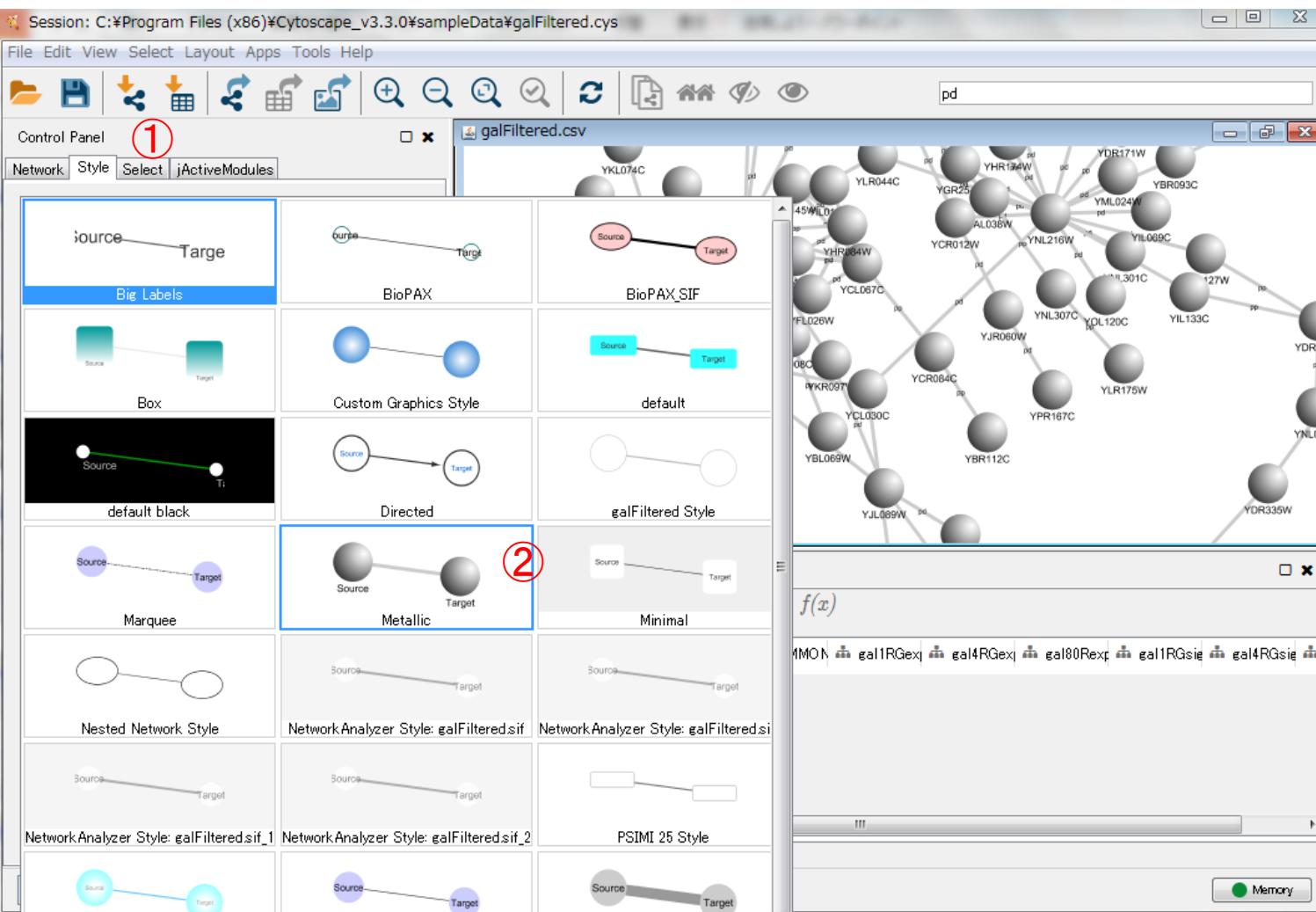


ノードの属性値を読み込む



- 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



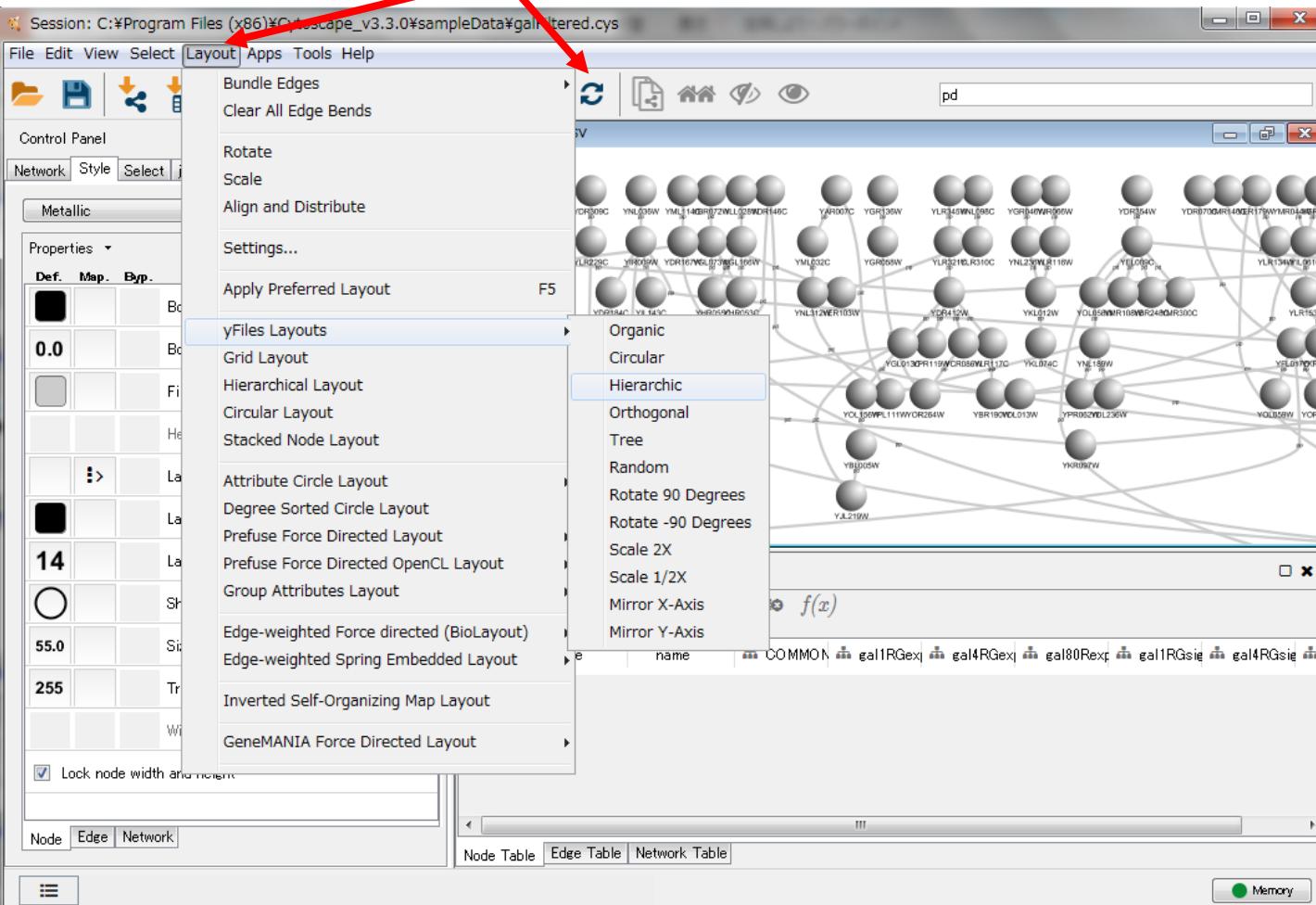
Styleの変更

- 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



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

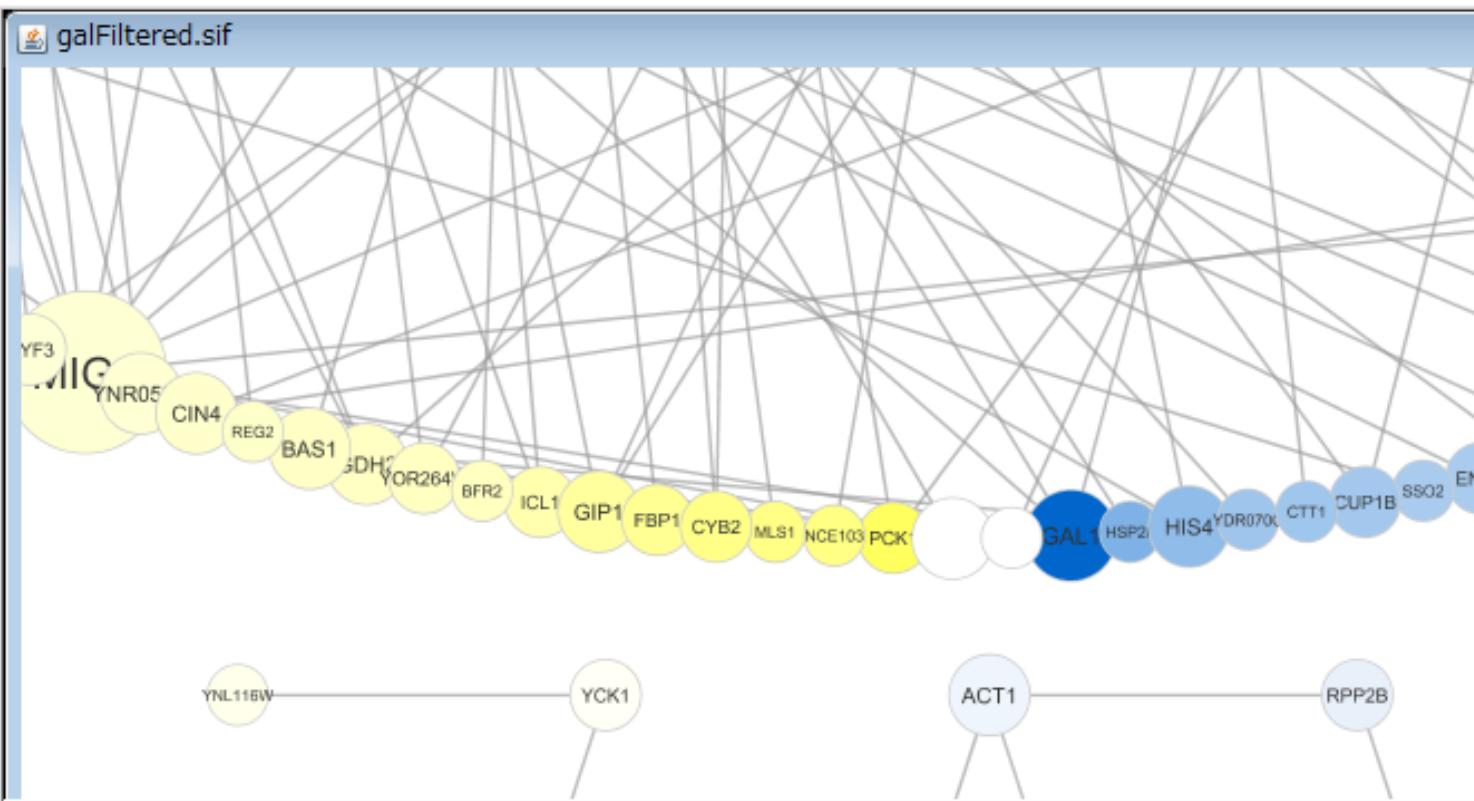
- コントロールパネル（画面左上）の「Style」タブを使う
- スライド26～29「Styleを使ったノード色の編集」を参照
 - ラベルの編集
 - 例、プロパティー「Label」を編集して、ネットワーク上のノードの表示名を「COMMON」に変更。
 - エッジ形状の編集
 - 例、プロパティー「Line Type」を編集して、Interactionが「pd」のエッジを「Dots」に変更。

レイアウト機能

サンプルデータ： galFiltered.cys

Attribute Circle Layout

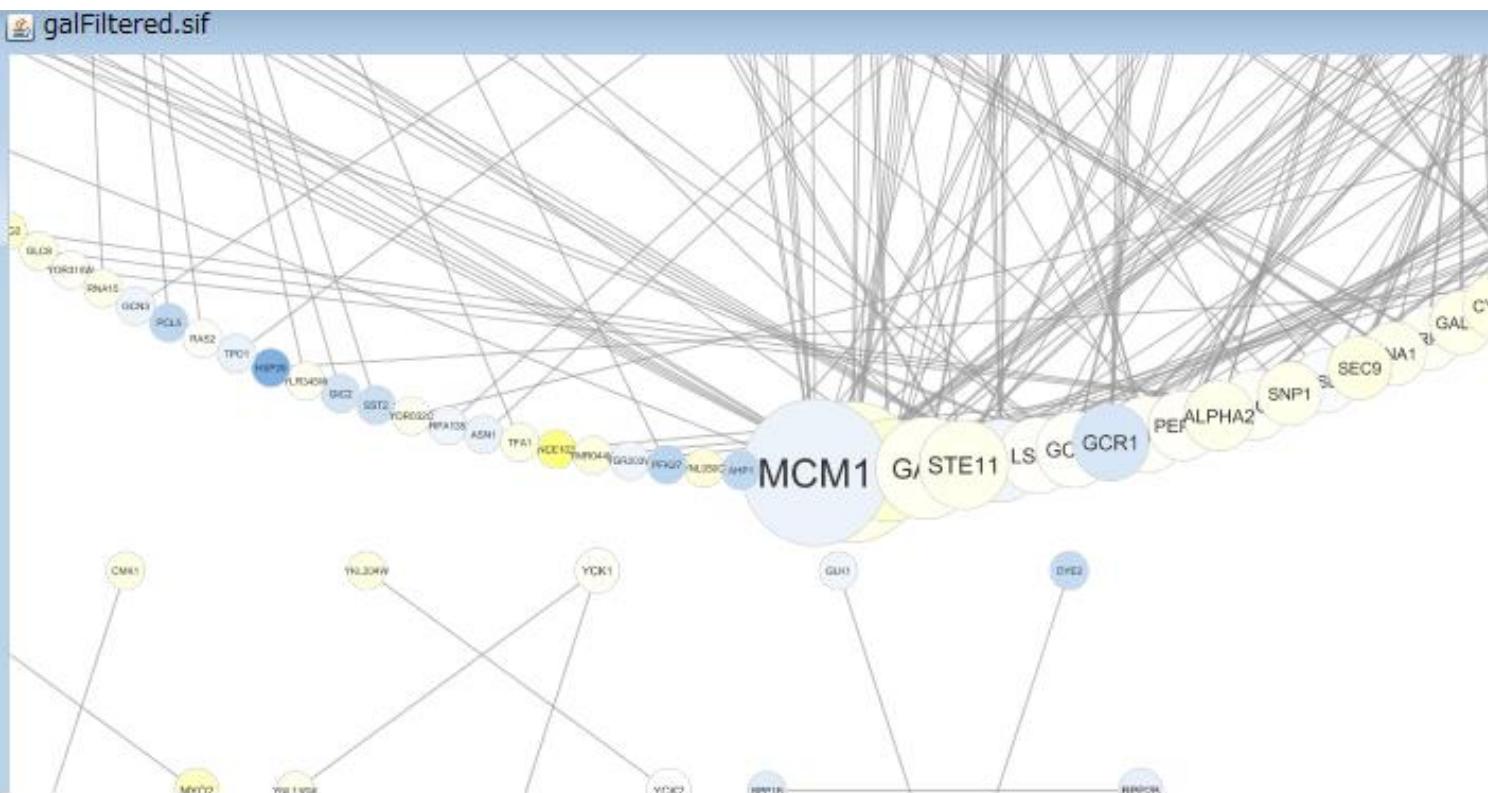
ノードの属性値の順に環状グラフの下部から時計回りに配置するレイアウト



- 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

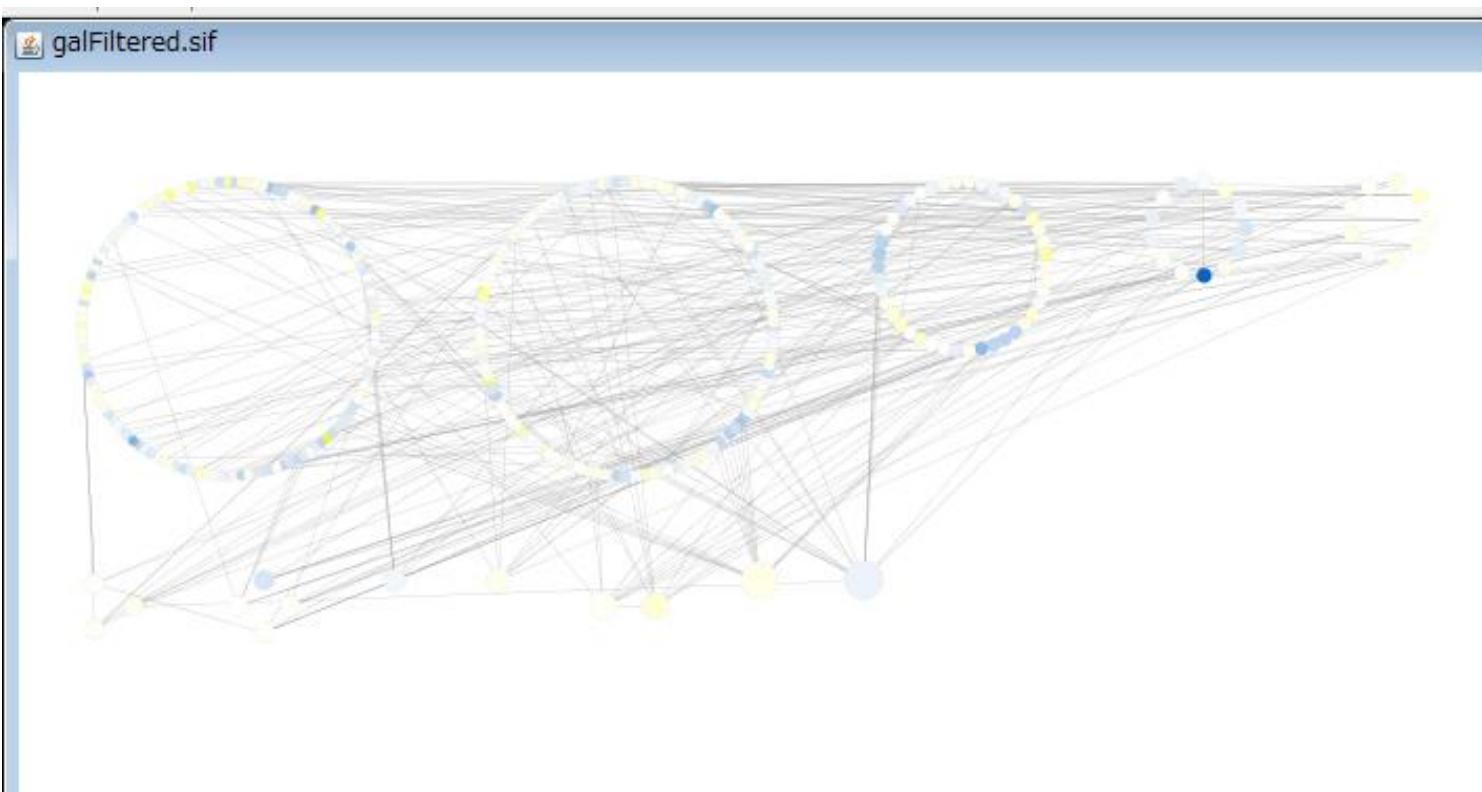
ノードが持つエッジ数の多いものからの環状グラフの下部から反時計回りに配置するレイアウト



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

Group Attribution Layout

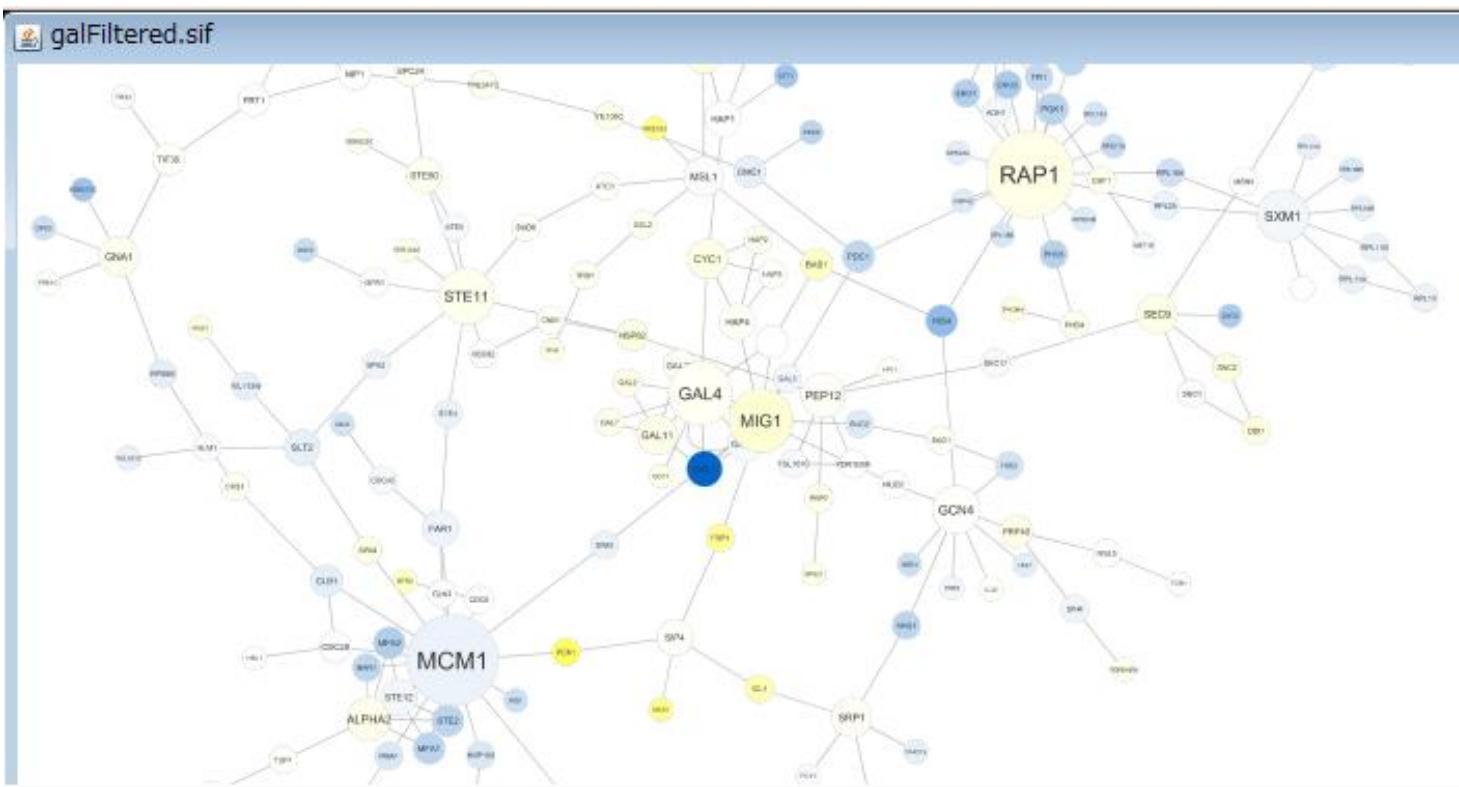
ノードの属性値（Attribute）で同値のものを同じ環状グラフに配置するレイアウト



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



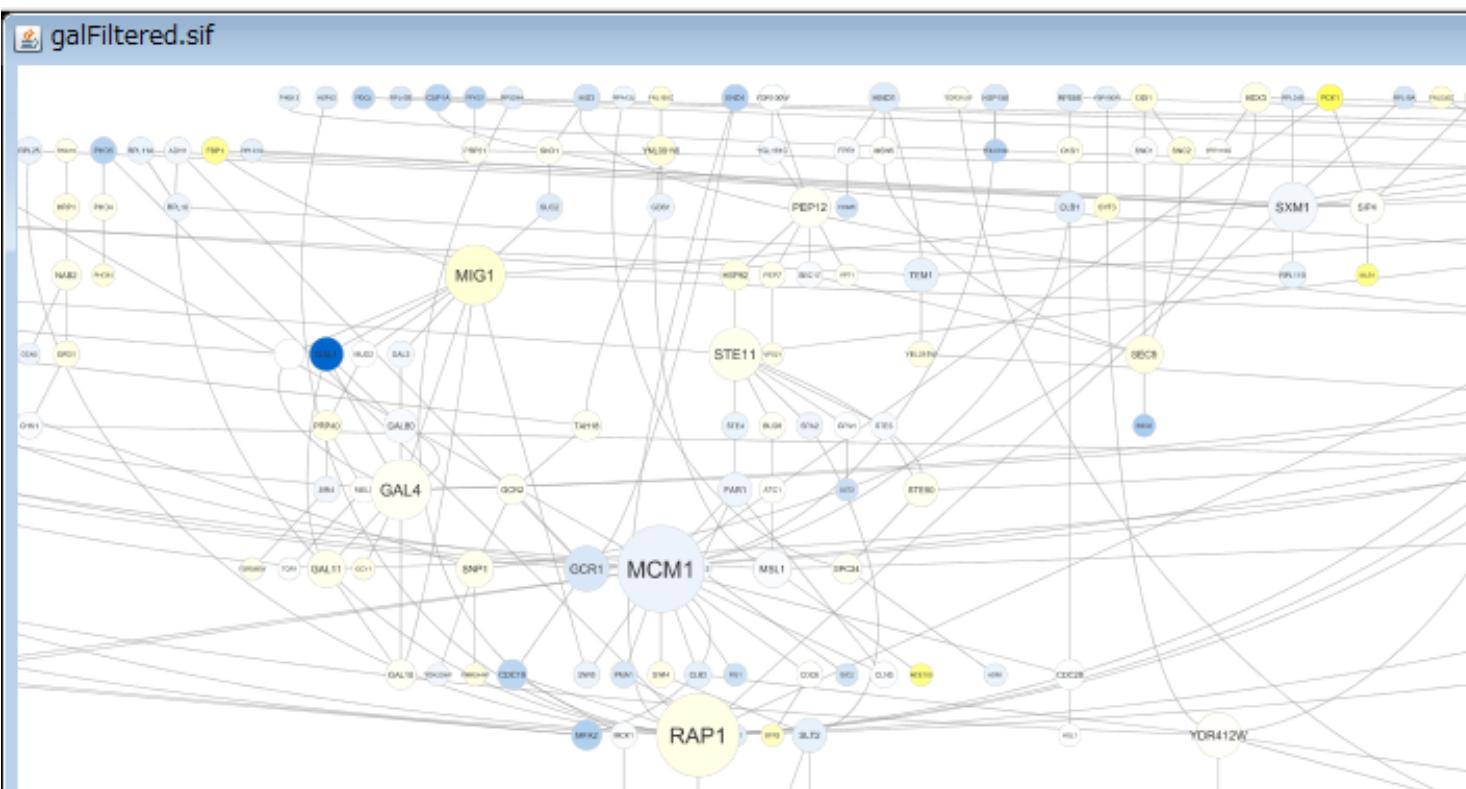
①メニュー
「Layout」、
「Cytoscape
Layouts」
「Prefuse
Force
Directed
Layout」を
選択。



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。

アプリのインストールと紹介

アプリのインストール

アプリの導入、管理、実行は「App Manager」で行う。

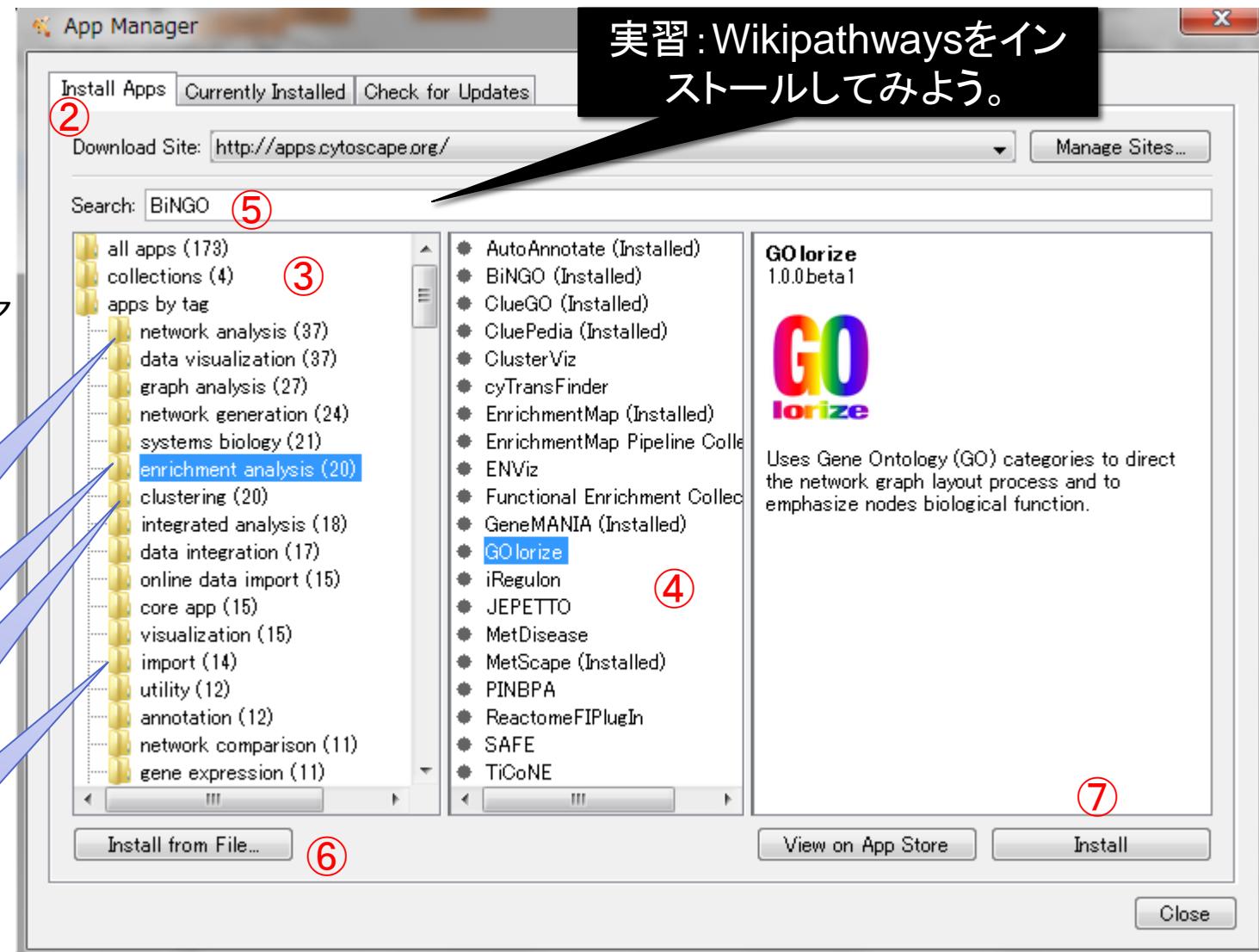
- ① メインメニュー「Apps」「App Manager」を選択。
- ② Install Appsタブを選択。
- ③ 右カラムでカテゴリを選択
- ④ 真ん中のカラムでアプリを選択
- ⑤ あるいはSearchでアプリ名をタイプ
- ⑥ あるいはInstall from File...でファイルを指定
- ⑦ インストールボタンを押す

ネットワーク解析

エンリッチメント
解析

クラスタリング

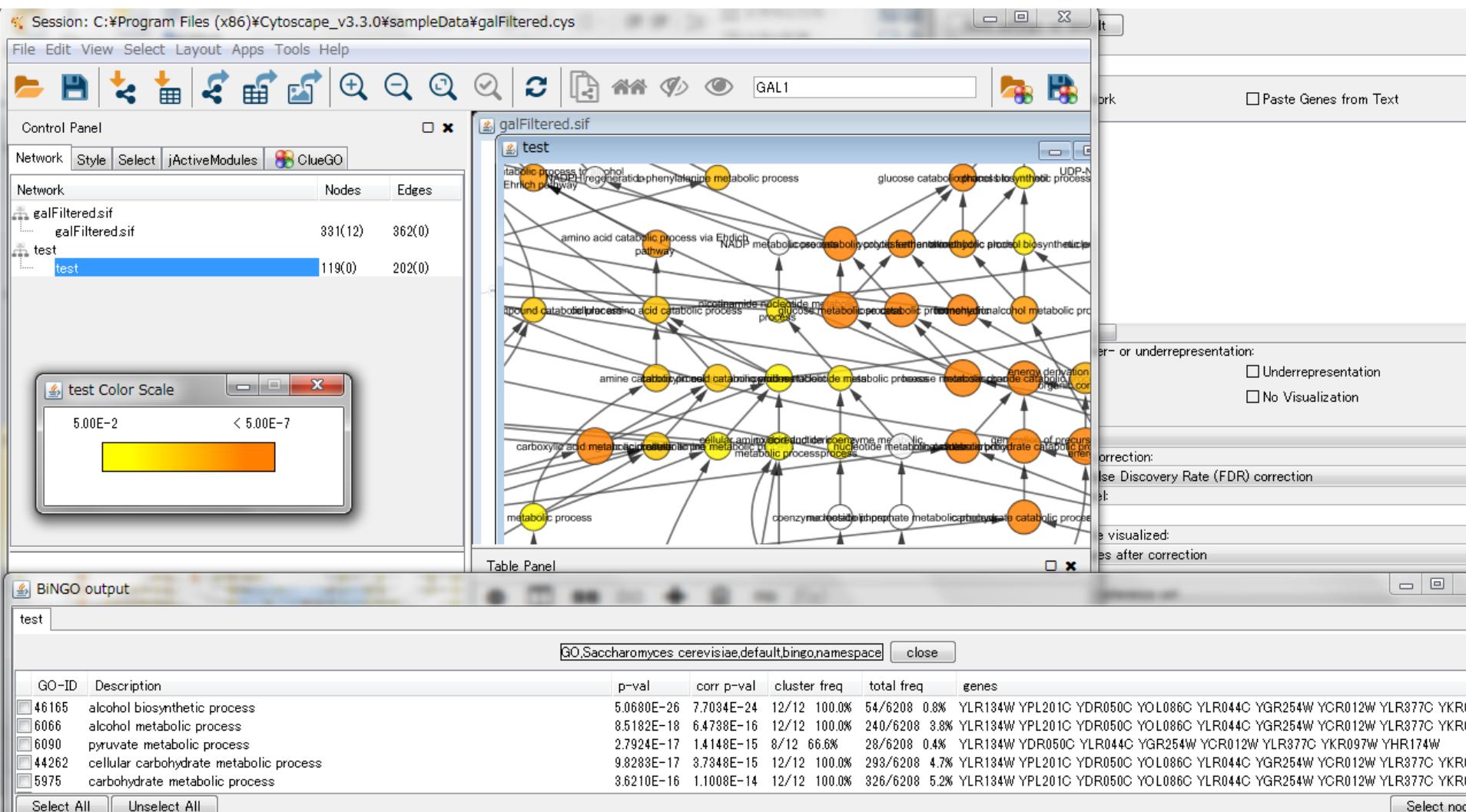
インポート



BiNGO

過剰発現など

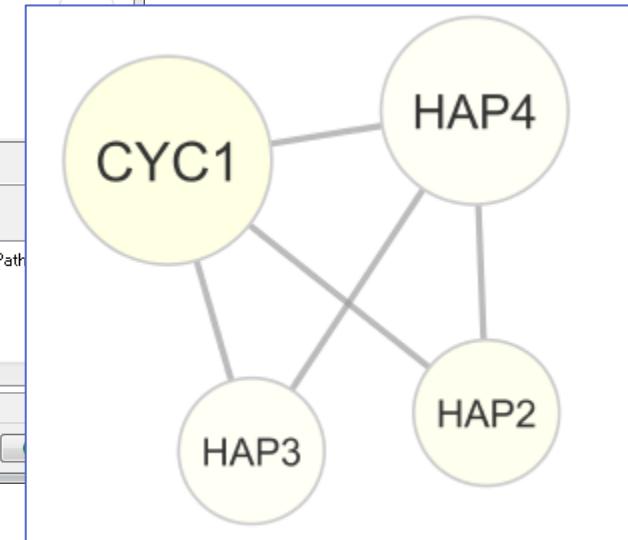
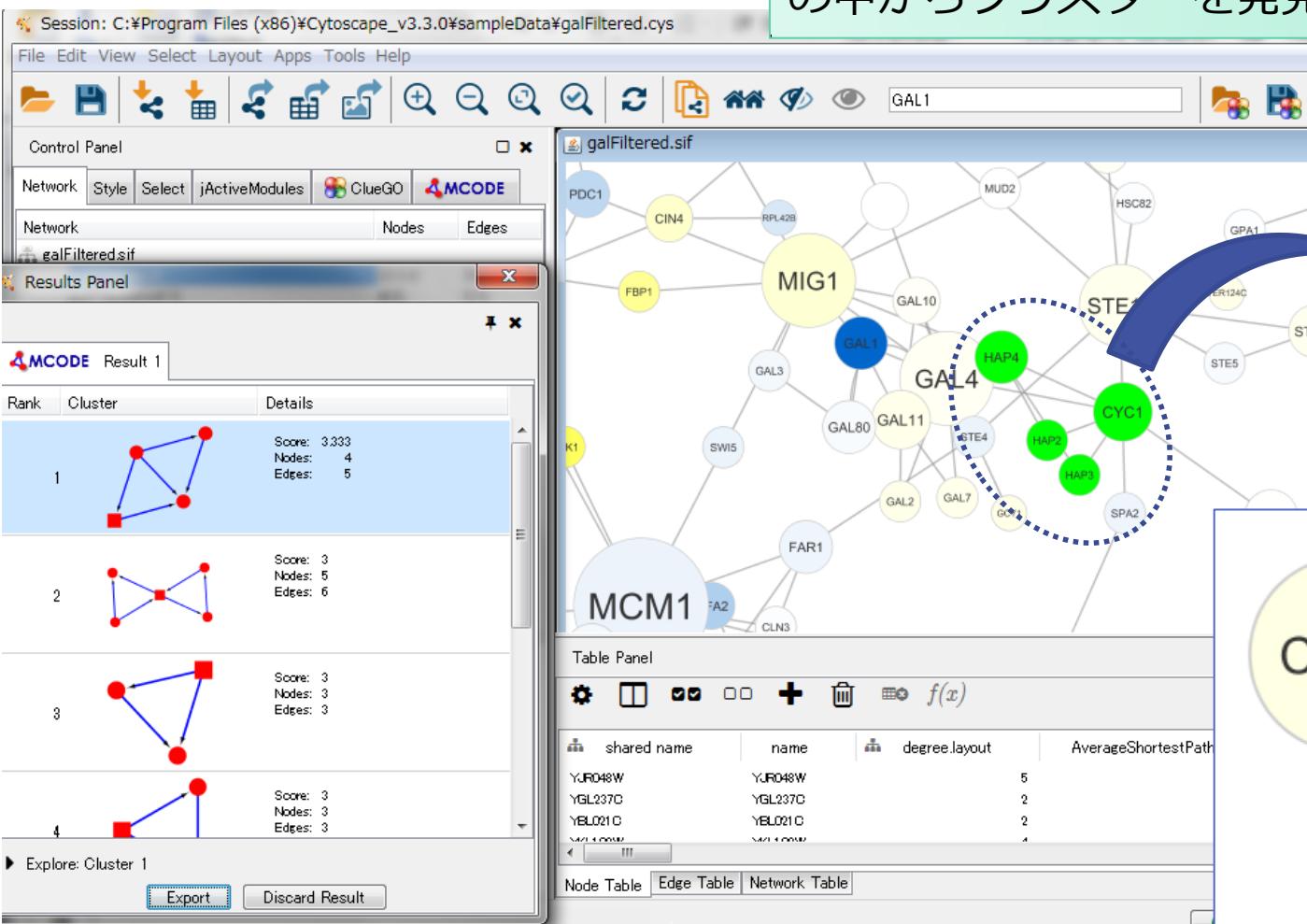
発現変動遺伝子群(DEGs)など遺伝子クラスターを対象に、Gene Ontologyを使って機能予測するツール



類似のツール : ClueGO

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

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

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

File Edit View Select Layout Apps Tools Help



Control Panel

Network Style Select jActiveModules ClueGO AMCODE

Network Nodes Edges

	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	5(0)	4(0)
jActiveModules Search Result 2	5(0)	4(0)

GAL1

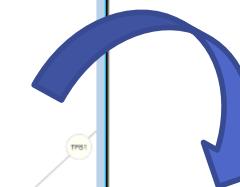
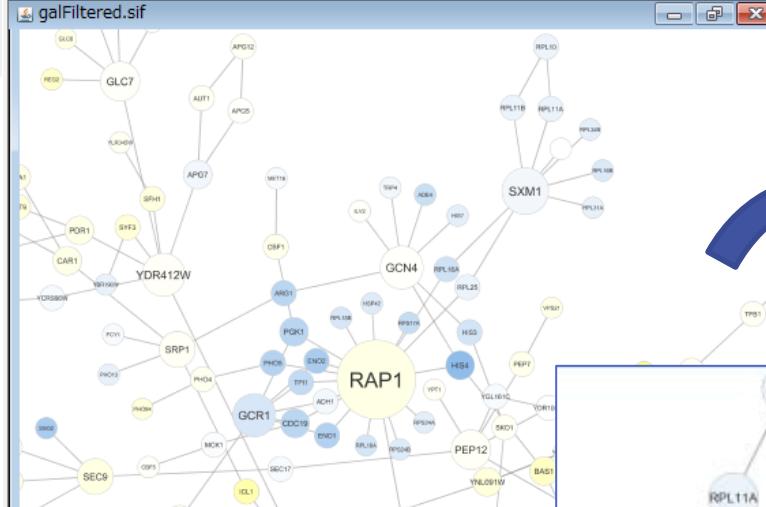
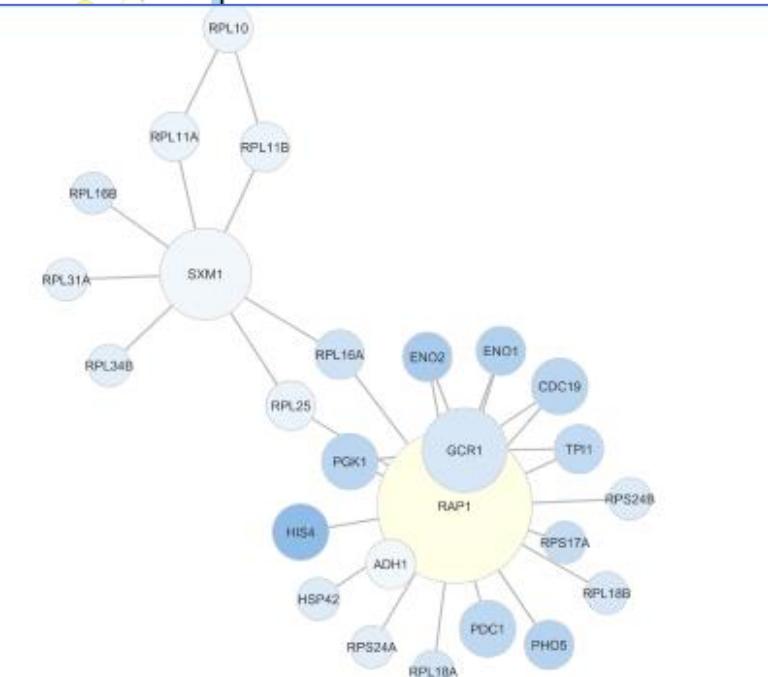


Table Panel

$f(x)$

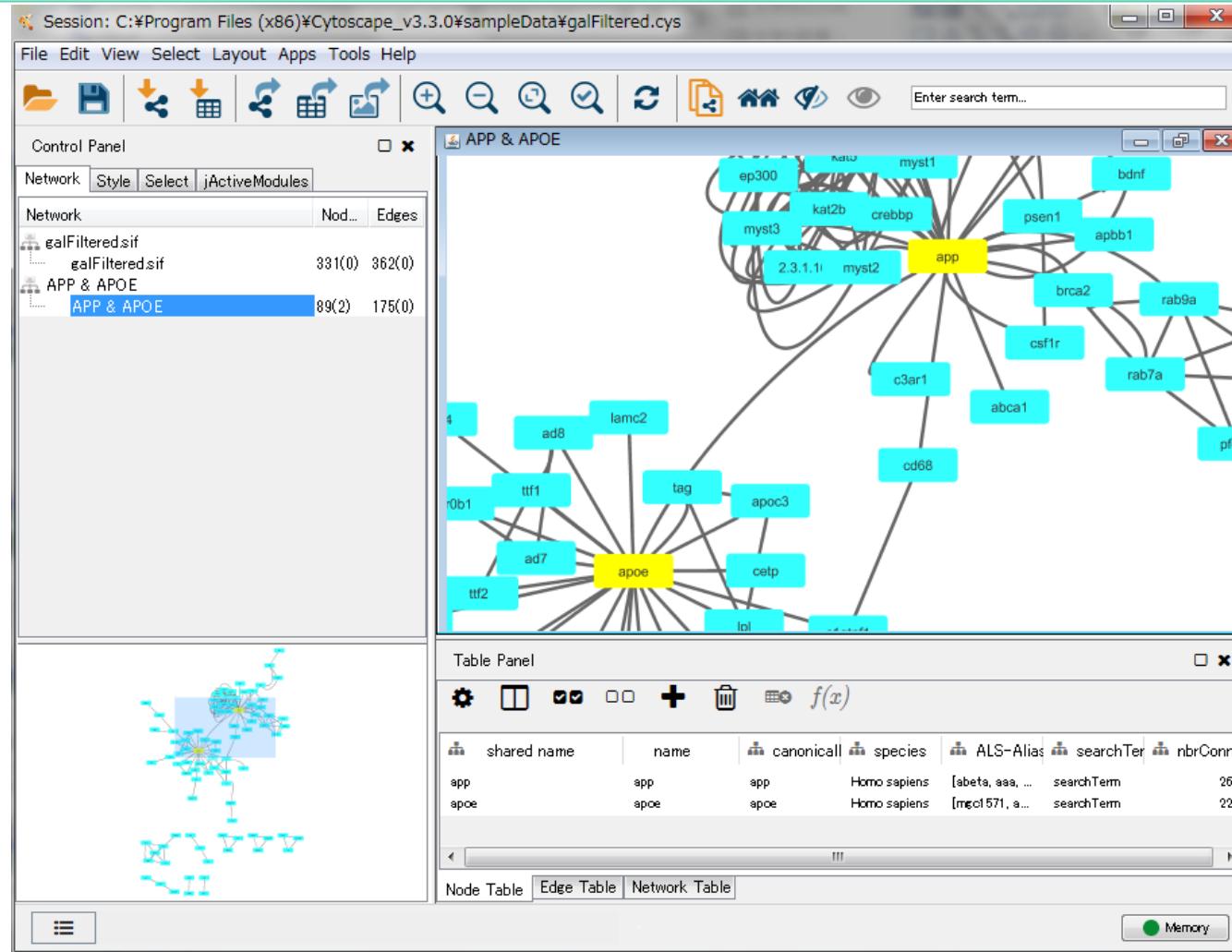
shared name	name	degree.layout	Ave
YKR026C	YKR026C	1	
YGL122C	YGL122C	3	
YGR218W	YGR218W	1	
YCL023W	YCL023W	1	

Node Table Edge Table Network Table



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



データ解析の例

解析例 1

Cytoscapeアプリ “BiNGO”を使った発現変動遺伝子
(Differentially Expressed Genes, DEGs) に対する
機能予測

解析例 1 の概要

血栓症、骨髄増殖性疾患（多血症、本態性血小板血症）

- **目的**：3つの疾患で共通の発現パターン示す遺伝子群の生物学的な機能を、Enrichment解析と呼ばれる統計手法によって予測する。
- **生物種**：Homo sapiens
- **実験手法**：マイクロアレイ遺伝子発現解析
- **解析ツール**：Cytoscapeのアプリ[BiNGO](#)
- **使用するデータベース**：[Gene Ontology](#)
 - App managerからインストールが必要
 - 生物学的機能と遺伝子の関係を階層的に整理したDB（オントロジー）
- **文献**：Jha PK, Vijay A, Sahu A, Ashraf MZ. Comprehensive Gene expression meta-analysis and integrated bioinformatic approaches reveal shared signatures between thrombosis and myeloproliferative disorders. *Sci Rep.* 2016 Nov 28;6:37099. [doi: 10.1038/srep37099](#). PubMed PMID: 27892526; PubMed Central PMCID: [PMC5125005](#).
 - 元データ：[Supplementary Sheet](#) (440K, xls)

解析例 1 で使用するCytoscapeアプリ BiNGOのインストールの方法

- App Managerを使う（スライド59-64参照）
- 下記からアプリをダウンロードする（内容はすべて同じ）。
 - [データサイトBiNGO-1](#)
 - [データサイトBiNGO-2](#)
 - [データサイトBiNGO-3](#)
 - [データサイトBiNGO-4](#) (goo.gl/xK1fnB)
- インストールの方法：
 - メインメニュー「Apps」「App Manager」を選択。
 - Install Appsのタブを選択。
 - 画面左下のInstall from File... で **BiNGO.jar** を指定。

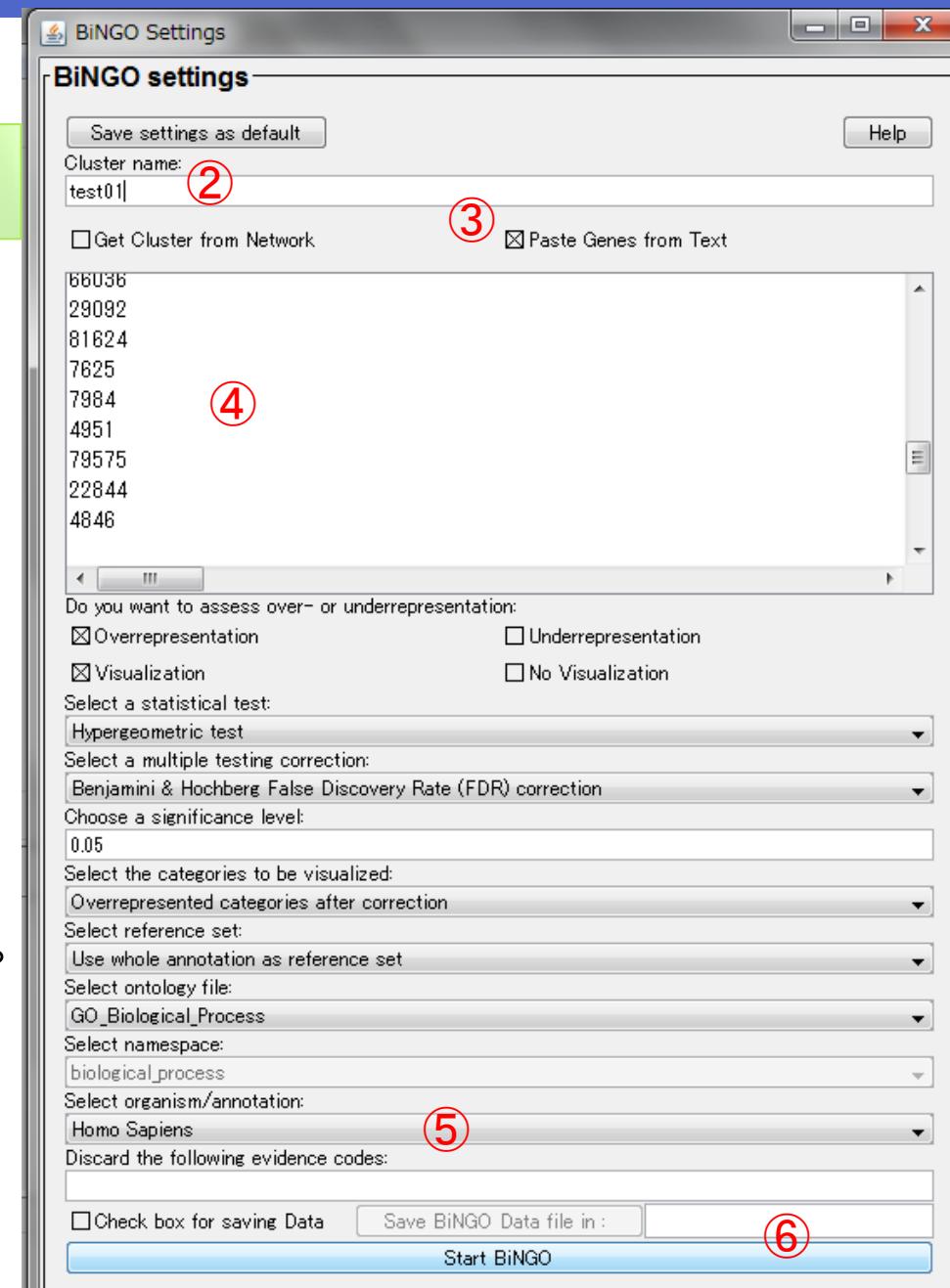
解析例1,2のサンプルデータのダウンロード方法

- 下記からアプリをダウンロードする（内容はすべて同じ）。
 - [データサイトData-1](#)
 - [データサイトData-2](#)
 - [データサイトData-3](#)
 - [データサイトData-4](#) (goo.gl/X1e4DK)
- データの内訳
 - ① **srep37099-s2.xls** (エクセル用、解析例1と2で使用)
 - ② **697OverexpressedGenesPMC5125005b.txt** (テキストエディタ用、①から必要な個所を抜き出したもの)
 - ③ **12864_2016_3228_MOESM7_ESM.xlsx** (エクセル用、予備データ)
 - ④ **Maker_mouse.txt** (テキストエディタ用、③から必要な個所を抜き出したもの)

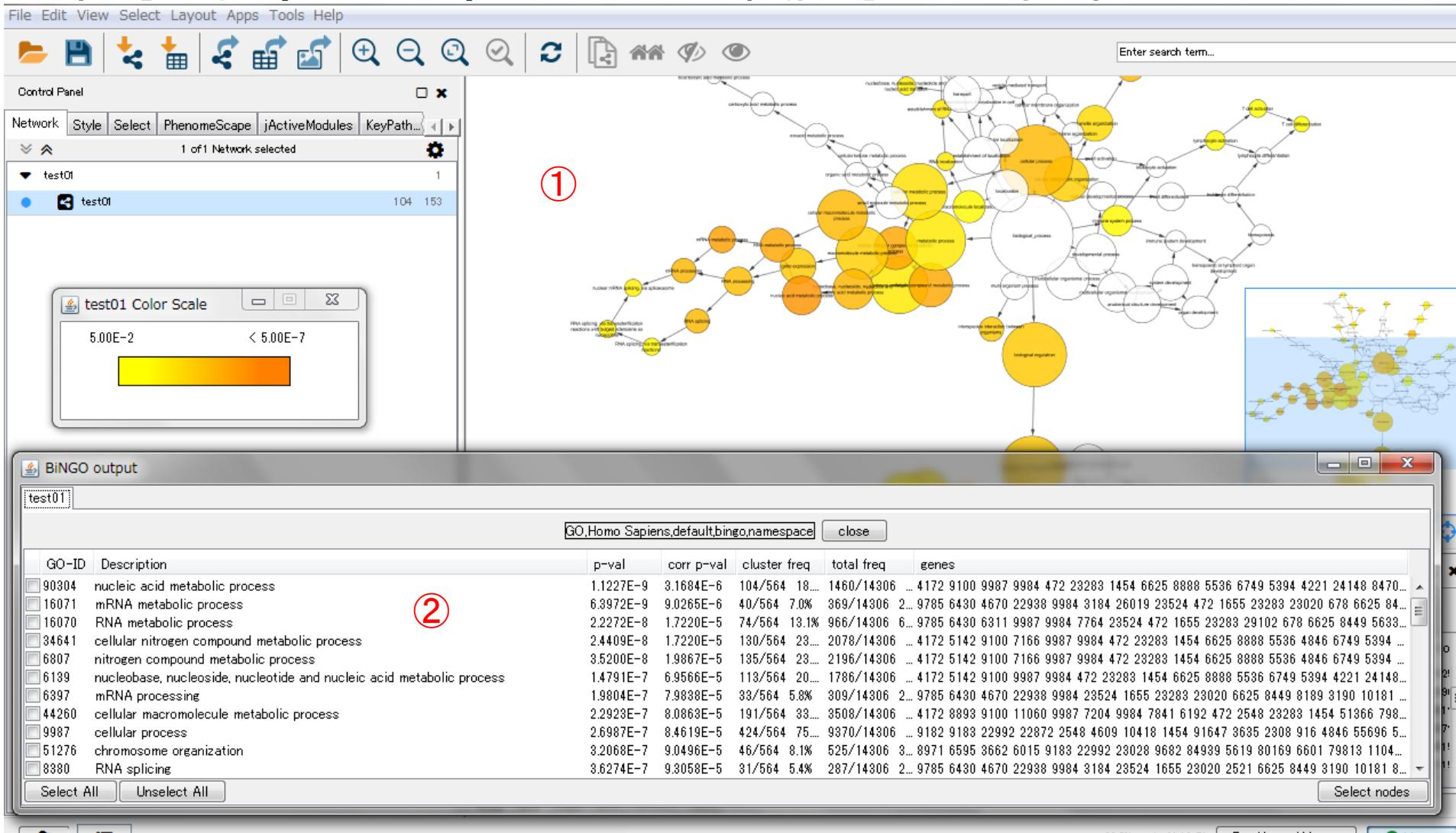
BiNGOの設定

Gene Ontologyを活用し、遺伝子群の持つ生物学的機能を予測するアプリ。

- ①メインメニュー Apps > BiNGOを選択
- ②BiNGOウィンドのCluster nameに任意の名前を入力（例、test01）
- ③Paste Genes from Textにチェック
- ④空欄にGeneIDを入力。ここでは、解析例1のサンプルデータ（srep37099-s2.xls の over and under expd genes タブ）を開き、B5～B304までを選択しコピー、空欄にペースト（本来はB5～B701までを対象にするのが適切であるが、実習では上位300個を選択）。選択したGeneIDは3つの疾患で共通の発現パターン示した遺伝子リスト（DEGs）。
- ⑤Select organism/annotationで Homo sapiensを選択。他は初期設定のまま
- ⑥最後にStart BiNGOボタンを押す。
- ⑦必要に応じてLayoutを変えてみる。



遺伝子群 (DEGs) に対する機能予測の結果



- ① 機能予測の結果を可視化したもの。黄色～橙色が統計的に予測されたGene Ontologyの生物学的機能
- ② 機能予測結果リスト。mRNA processing, immune system processなどが予測されていることを確認。

解析例 2

Cytoscapeアプリ “STRING” によるネットワーク構築
及び “NetworkAnalyzer”によるハブ遺伝子（タンパク質）の発見

解析例 2 の概要 (データは解析例 1 と同じ)

- **目的** : [段階 1] 3つの疾患で共通の発現パターン示す遺伝子群間のネットワークを作成し、[段階 2] ネットワーク解析によってハブ遺伝子（ネットワークの中で「中心的な」役割をする遺伝子）を発見する。
- **生物種** : Homo sapiens
- **実験手法** : マイクロアレイ遺伝子発現解析
- **解析ツール** : Cytoscapeのアプリ [STRING](#)と[NetworkAnalyzer](#)
- **使用するデータベース** : [STRING Database](#)
 - PPI (タンパク質間相互作用) DB
 - インストール不要
- **文献** : Jha PK, Vijay A, Sahu A, Ashraf MZ. Comprehensive Gene expression meta-analysis and integrated bioinformatic approaches reveal shared signatures between thrombosis and myeloproliferative disorders. *Sci Rep.* 2016 Nov 28;6:37099. [doi: 10.1038/srep37099](https://doi.org/10.1038/srep37099). PubMed PMID: 27892526; PubMed Central PMCID: [PMC5125005](#).
 - サンプルデータ : [Supplementary Sheet](#) (440K, xls)
 - App managerからインストールが必要

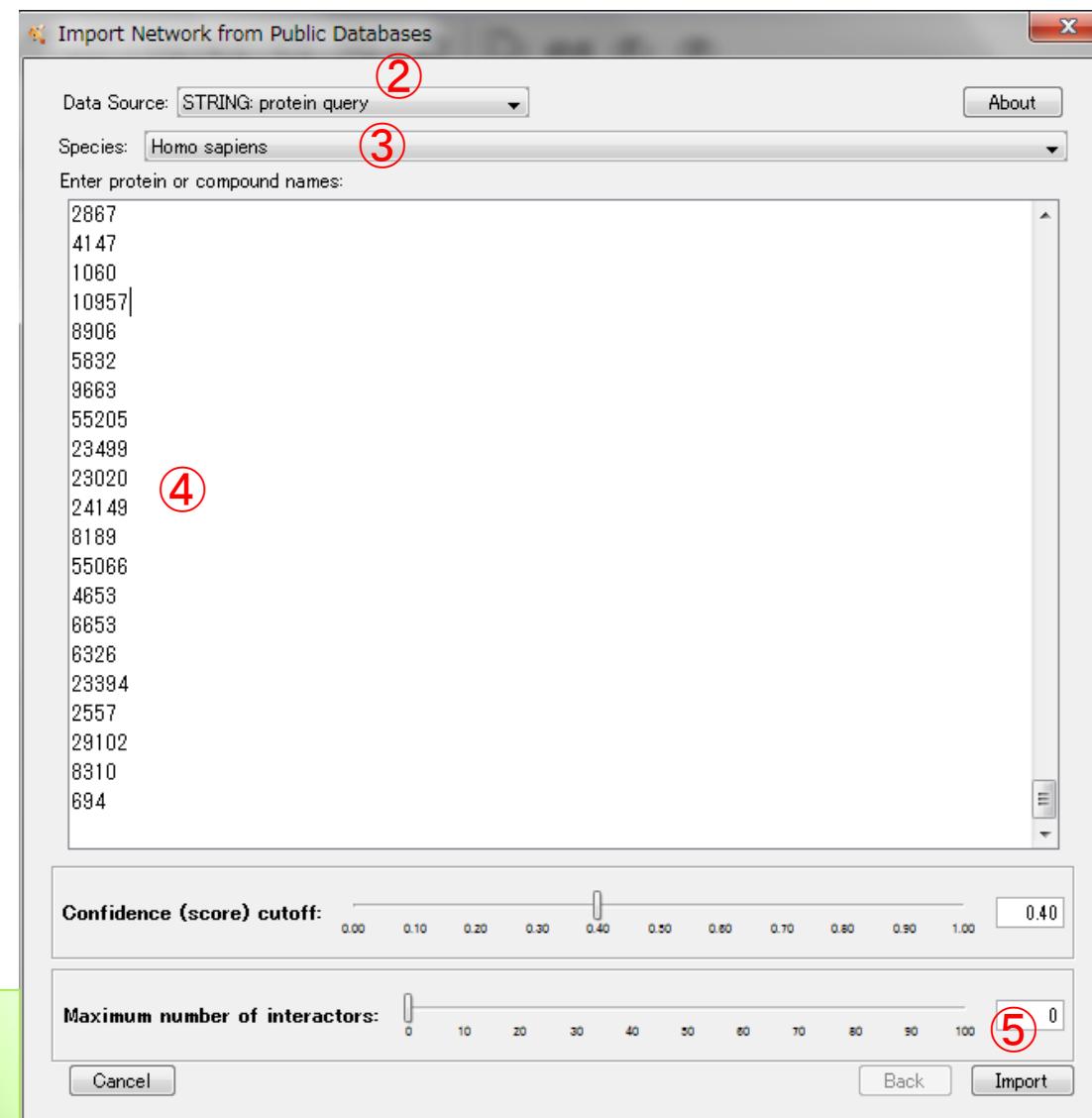
解析例 2 で使用するCytoscapeアプリ STRINGのインストールの方法

- App Managerを使う（スライド59-64参照）
- 下記からアプリをダウンロードする（内容はすべて同じ）。
 - [データサイトSTRING-1](#)
 - [データサイトSTRING-2](#)
 - [データサイトSTRING-3](#)
 - [データサイトSTRING-4](#)（ goo.gl/QwjPwN ）
- ダウンロードしたファイルを以下のようにインストールする
 - メインメニュー「Apps」「App Manager」を選択。
 - Install Appsのタブを選択。
 - 画面左下のInstall from File... で **stringApp-1.0.5.jar**を指定。

[段階1] STRINGによるネットワーク作成

- ① メインメニュー File > Import > Network > Public Databases... を選択。
- ② 開いたウィンドのData Source でSTRING: protein query を選択。
- ③ Species: でHomo sapiens を選択。
- ④ 空欄にGeneIDを入力。ここでは、解析例1と同じサンプルデータ (srep37099-s2.xls の over and under expd genes タブ) を開き、B5～B304の遺伝子IDを選択しコピー、空欄にペースト（本来はB5～B701までを対象にするのが適切であるが、実習では上から300個を選択）。
- ⑤ 他は初期設定のまま。Importを押す。

上記の結果、STRING（タンパク質間相互作用（PPI）DB）の情報を用了、入力した遺伝子群を構成要素とするネットワークが作成される。これにより遺伝子群間の関係が可視化される。



[段階2] NetworkAnalyzerによるハブ遺伝子の発見

① メインメニュー

Tools >
NetworkAnalyzer >
Network Analysis >
Analyze Network...
を選択。

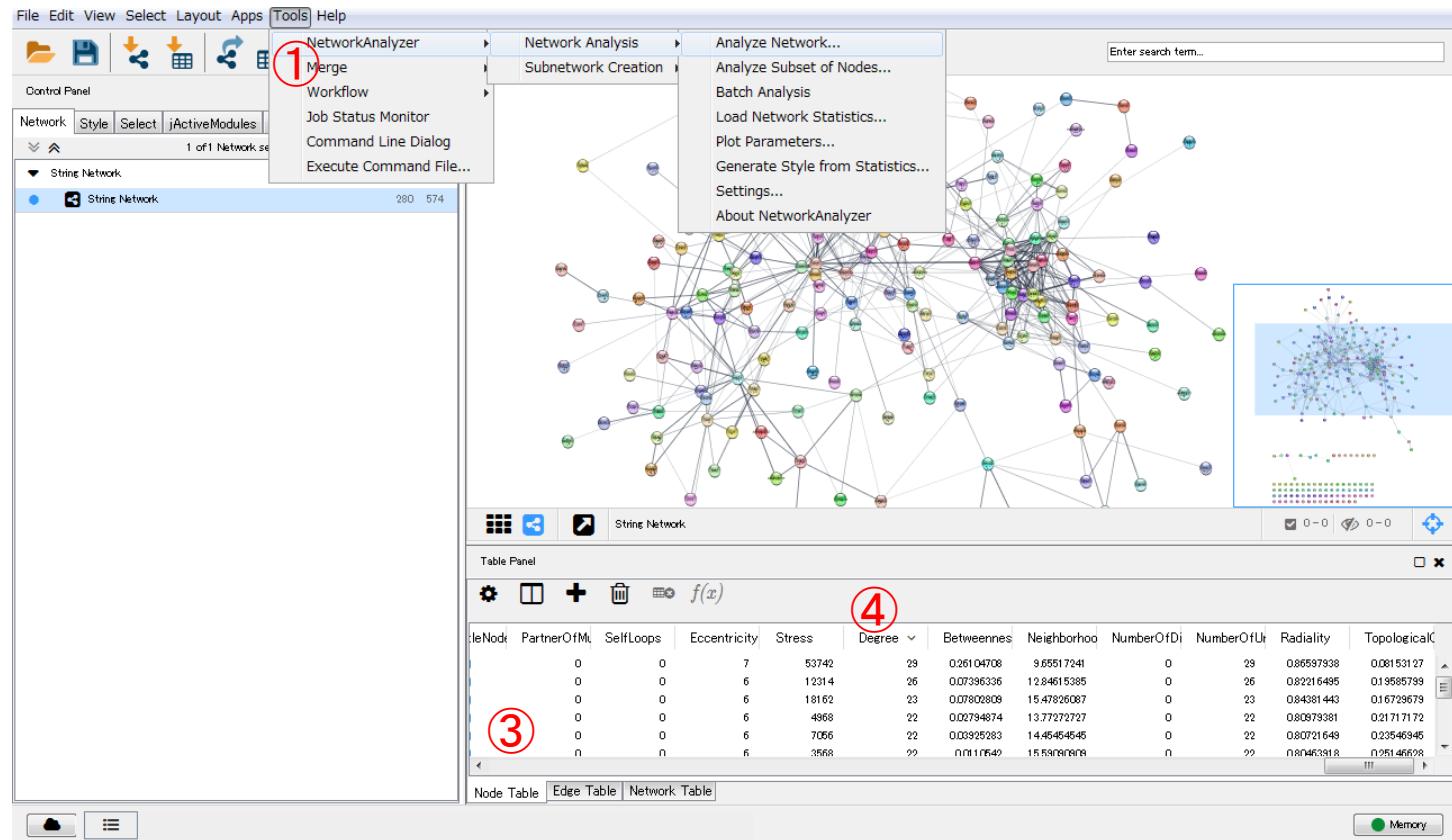
② 開いたウィンドで
OKを押し、解析を開始する。

③ 画面下のTable
Panelで、Node
Tableタブを選択。

④ Degree (次数 (ある遺伝子が繋がっている遺伝子の個数)) のカラム (列) を選択し、降順に並び替える。

⑤ Degree の多い遺伝子 (例、MYC) をハブ遺伝子と認識。

⑥ ハブ遺伝子と隣接する遺伝子を抽出する方法は、本資料 p38-40を参照。



ネットワークの構造の特徴（トポロジー）を解析し、ノード（遺伝子）のDegree（やBetweenness Centralityなどのネットワークの中心性（ネットワークにおける情報伝達やノード間の制御における重要性を示す指標））を確認し、ハブ遺伝子を認識する。

参考：【予備データセット】の概要

- 12864_2016_3228_MOESM7_ESM.xlsx の Table 4 タブ
- **目的**：成体マウスの唾液腺で特異的な遺伝子発現パターンを示した遺伝子群（DEGs）の生物学的な機能を、Enrichment 解析と呼ばれる統計手法によって予測する。
- **生物種**：Mus musculus
- **実験手法**：RNA-seq
- **文献**：Gluck C, Min S, Oyelakin A, Smalley K, Sinha S, Romano RA. RNA-seq based transcriptomic map reveals new insights into mouse salivary gland development and maturation. *BMC Genomics*. 2016 Nov 16;17(1):923. [doi: 10.1186/s12864-016-3228-7](https://doi.org/10.1186/s12864-016-3228-7). PubMed PMID: 27852218; PubMed Central PMCID: [PMC5112738](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5112738/).
 - 元データ：[Additional file 7: Table S1](#)

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/>

6. 起動中のCytoscapeのメモリを開放する。

1. 画面右下のMemoryボタンを押し、Free Unused Memoryボタンを押す。

参考

情報提供、共有サイト 1 of 3

- 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 3

- 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/>

情報提供、共有サイト 3 of 3

- Cytoscapeおよびアプリの活用例の紹介のSNS
 - Cytoscape Publications
 - <http://cytoscape-publications.tumblr.com/>

New!

- バイオインフォマティクスを使い尽くす秘訣教えます！【第5回】
Cytoscapeを使ったパスウェイ、ネットワーク解析
 - 生物工学会誌 – 95巻5号
 - http://www.sbj.or.jp/wp-content/uploads/file/sbj/9505/9505_bioinformatics.pdf

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。

アンケートのお願い

講習会ページ

「NBDC AJACS河内」で検索

NBDC
National Bioscience Database Center

NBDC の広報サイト
バイオサイエンス ×DB=∞

検索

○ Web ◎ <https://events.bioclassedbc.jp/>

ホーム シンポジウム 講習会 展示会 連載

統合データベース講習会 : AJACS河内

統合データベース講習会 : AJACSは、生命科学系のデータベースやツールの使い方、データベースを統合する活動を紹介する初心者向けの講習会です。

今回の講習会では、生命科学系データベースのカタログ、横断検索、アーカイブの使い方に加えて、パスウェイデータベース、遺伝子発現データベース、次世代シーケンサー解析、データ可視化について紹介します。参加者全員がパソコンでコンピュータを使いながらの講習です。

対象： 生命科学分野のデータベースを利用したい、研究に役立てたい方（初心者向け）。

日時： 2017年8月24日（木）9:00-18:00
(開場および受付は、開始時間の30分前)

会場： 関西医科大学第一講義室
(大阪府枚方市新町2-5-1 枚方学舎1階)
[\[アクセス/キャンパスマップ\]](#)

定員： 約50名
※定員超過の場合は抽選となります。

参加費： 無料

PC： ご自身のPCをお持ちください。
※電源、ネットワーク（無線LAN）有。
なお、解析ソフトウェアを用いた講習を予定しております（受講確定後、インストールに関するe-mailをお送りします）。
PC端末の推奨スペック： 64bit、メモリ 8GB以上、CPU 2コア以上、Core2 duo 以上、HDD 50GB以上。

申込： 申し込み受付は終了しましたが、お席に若干の余裕がございますので、受講希望の方は、統合データベース講習会事務局までお問合せください。

■ プログラム

講習資料は[こちらのサイト](#)をご覧ください。
受講者アンケートは[こちら](#)。ご協力をお願いいたします。

8月24日（木）

9:00- 9:05 受入れ機関挨拶
……友田 幸一（関西医科大学長）

9:05-10:30 「NBDCの紹介とNBDCが提供するサービス」
……箕輪 真理（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
／情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター）

10:30-10:40 休憩

10:40-12:10 「パスウェイデータベースの紹介と疾患研究への応用」
……山西 芳裕（九州大学生体防御医学研究所）

12:10-13:10 昼食休憩