

CYTOSCAPEを使った データの可視化(前半)

統合データベース高校特別講習：[hiroo2012](#)

2012年9月15日(土)

(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

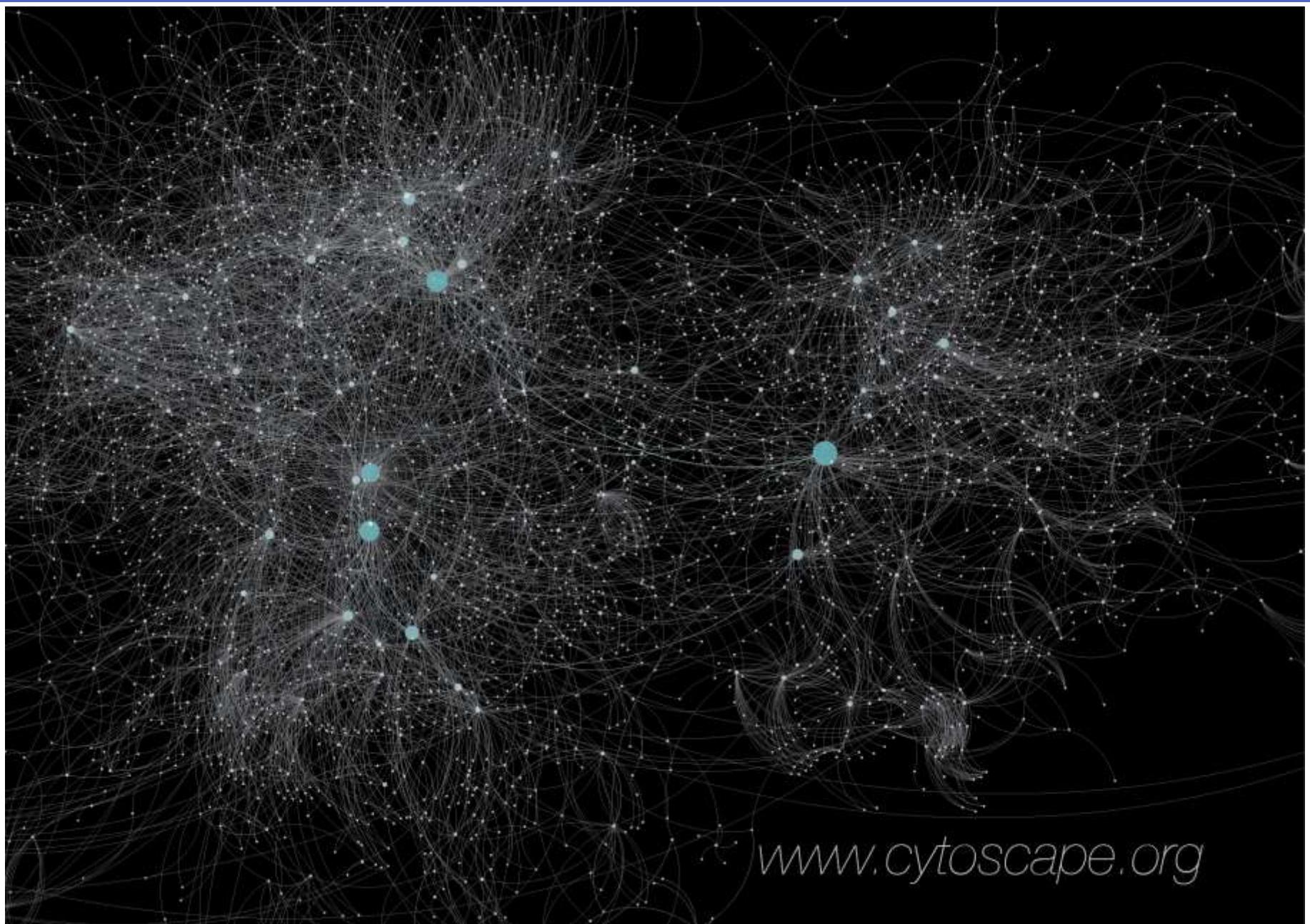
- パスウェイ、ネットワーク
 - 代謝マップ
 - シグナル伝達マップ
 - 遺伝学的相互作用
 - タンパク質-タンパク質相互作用
 - 転写制御ネットワーク
 - ...
- ...

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1～15)

- 特徴、機能

- 基本操作(スライド16～29)

- 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30～45)

- 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

- データ解析の例(スライド46～52)

- プラグイン紹介(スライド53～58)

- TIPS(スライド59, 60)

- 参考資料(スライド61～63)

hiroo

今日の講習会で解説するページ

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/Cytoscape2_8Manual.html
- 最新版(2012年7月10日現在)
 - 2.83
 - <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
- ✓✓• 独自のファイル形式
 - 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
- ✓• 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

- 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

Open Biological
Ontology

ウェブサービスへの技術提供



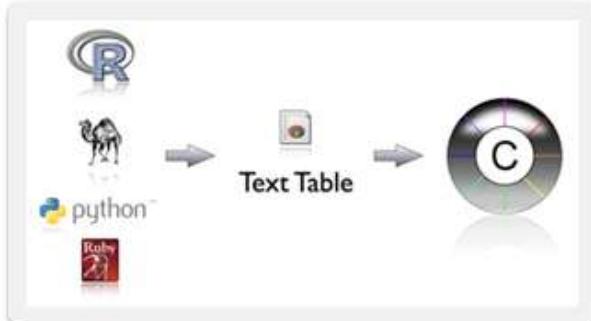
独自のファイル形式

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

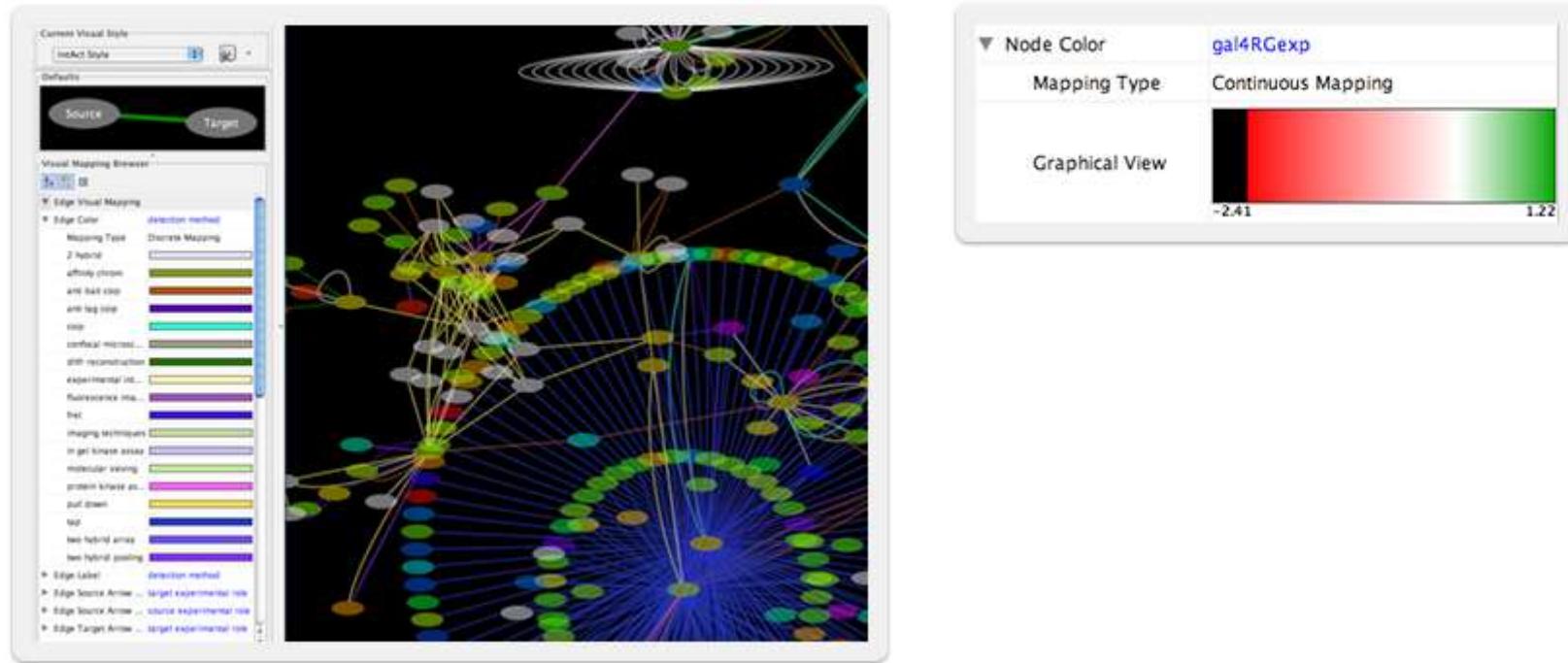


データの相互運用

- 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(VizMapper™)

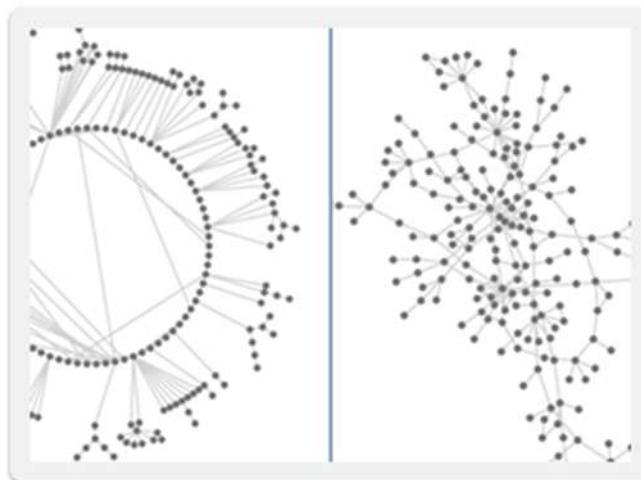


- Visual Style: 名前、タイプ、度数、頻度、発現量などの属性
データを、ノードやエッジの色、大きさ、形、フォントタイプで表現。
- VizMapper™はそのインターフェイス。

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:

Search Result	Count
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

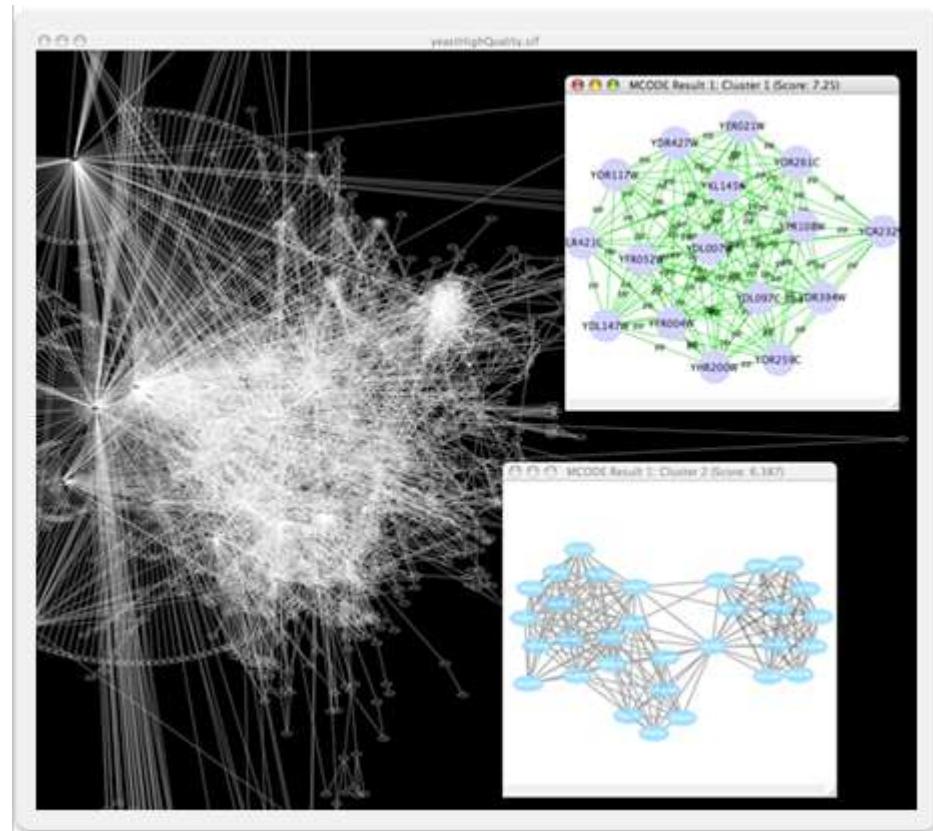
Below the search results, there is a search bar containing the query "(KEGG AND mapk*) AND nucleus". The interface includes a "Data Panel" tab and a table of results:

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...]

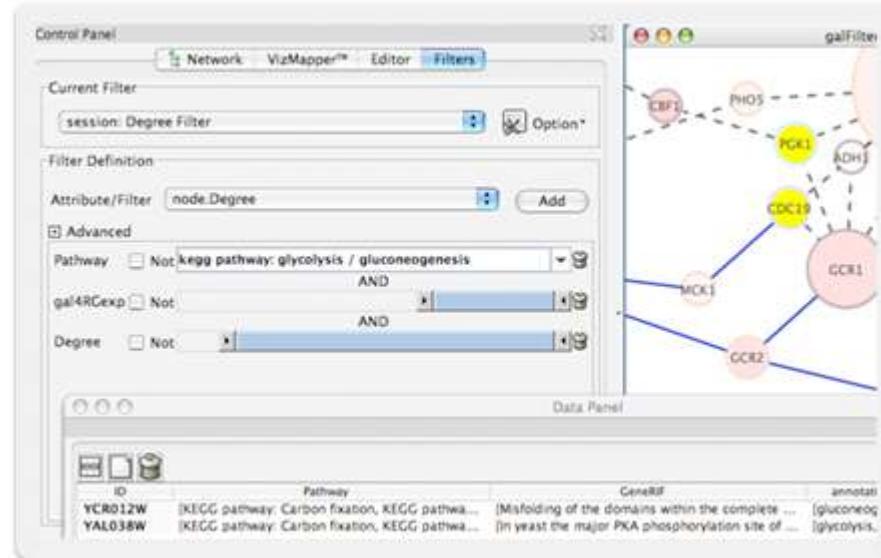
- ノードやエッジ(の属性)に対するキーワード検索を実装
- And/or検索、前方一致、後方一致などにも対応

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。

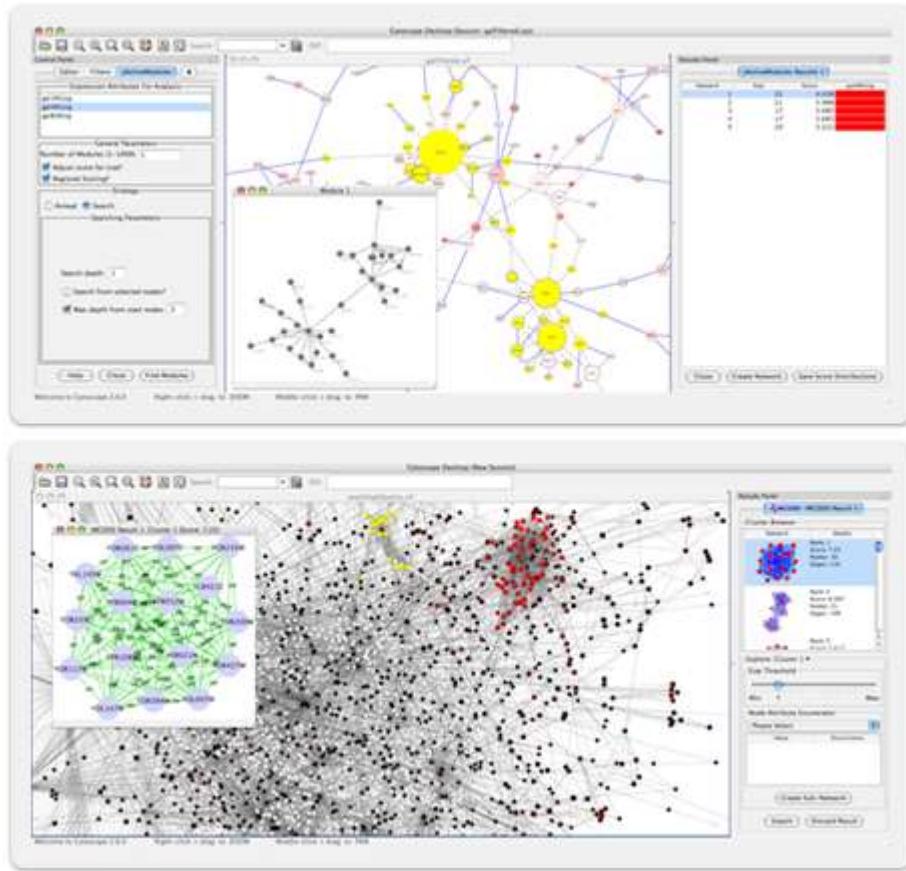


フィルタリング機能



- 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

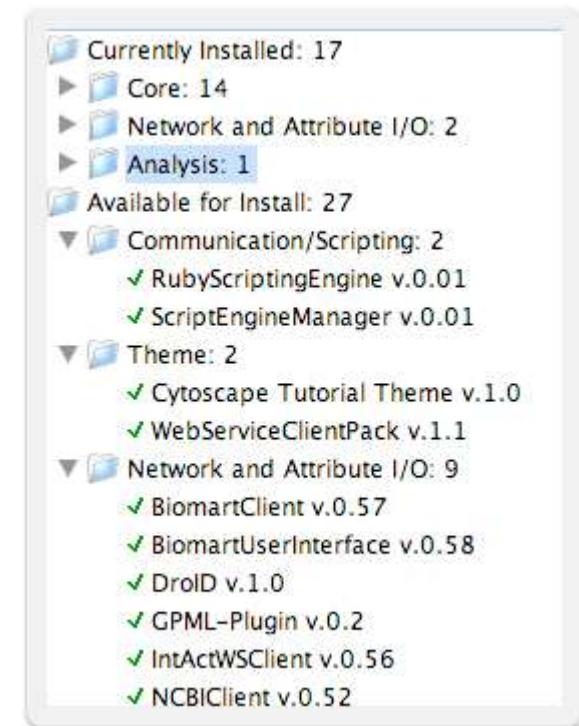
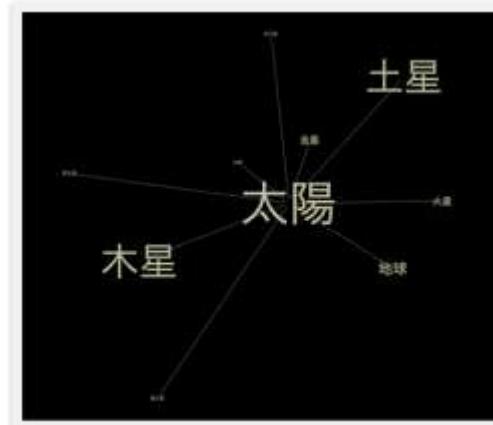


- (特定のプラグインを用いることで、)遺伝子ネットワーク内で特徴的に発現しているパスウェイの部分構造(サブパスウェイ)や、PPIにおける複合体、およびProtein similarity networkにおけるプロテインファミリーのクラスター発見を可能にする。

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！

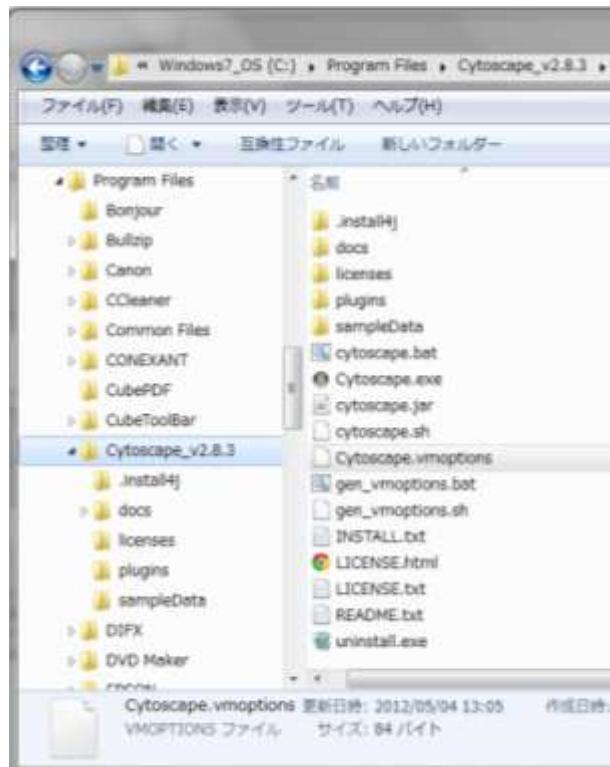
多言語対応



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_v2.8.3にある)をテキストエディタで開き、「Xmx***」を「Xmx1G」に修正。



-Xms10m
-Xmx1G
-Xss10m
-Dswing.aatext=true
-Dawt.useSystemAAFontSettings=lcd

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 (default)
20,000 - 70,000	800M
70,000 - 150,000	1G

レイアウト機能を使った場合に「メモリーエラー」が起こる場合は、Xssを変更する
(Xssはヒープサイズを指定する。例、「Xss***」→「Xss10m」)。

詳細な情報およびMacの場合の対応は、以下を参照

- http://cytoscape.org/manual/Cytoscape2_8Manual.html#Getting Started
- http://wiki.cytoscape.org/How_to_increase_memory_for_Cytoscape#

起動

実習1. Cytoscape.exe(例、C:\ProgramFiles\Cytoscape_v2.8.3)を選択(ダブルクリック)して起動してみましょう。

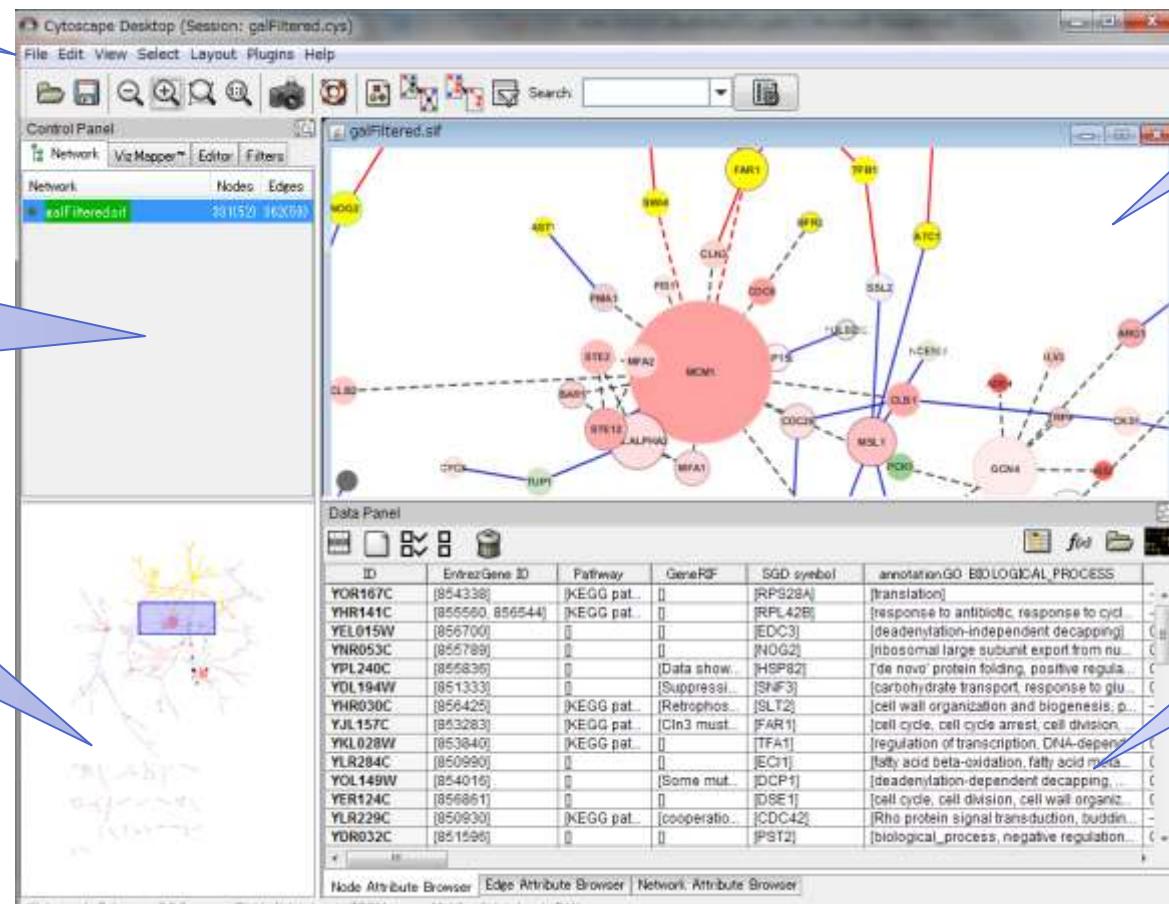
メニュー

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

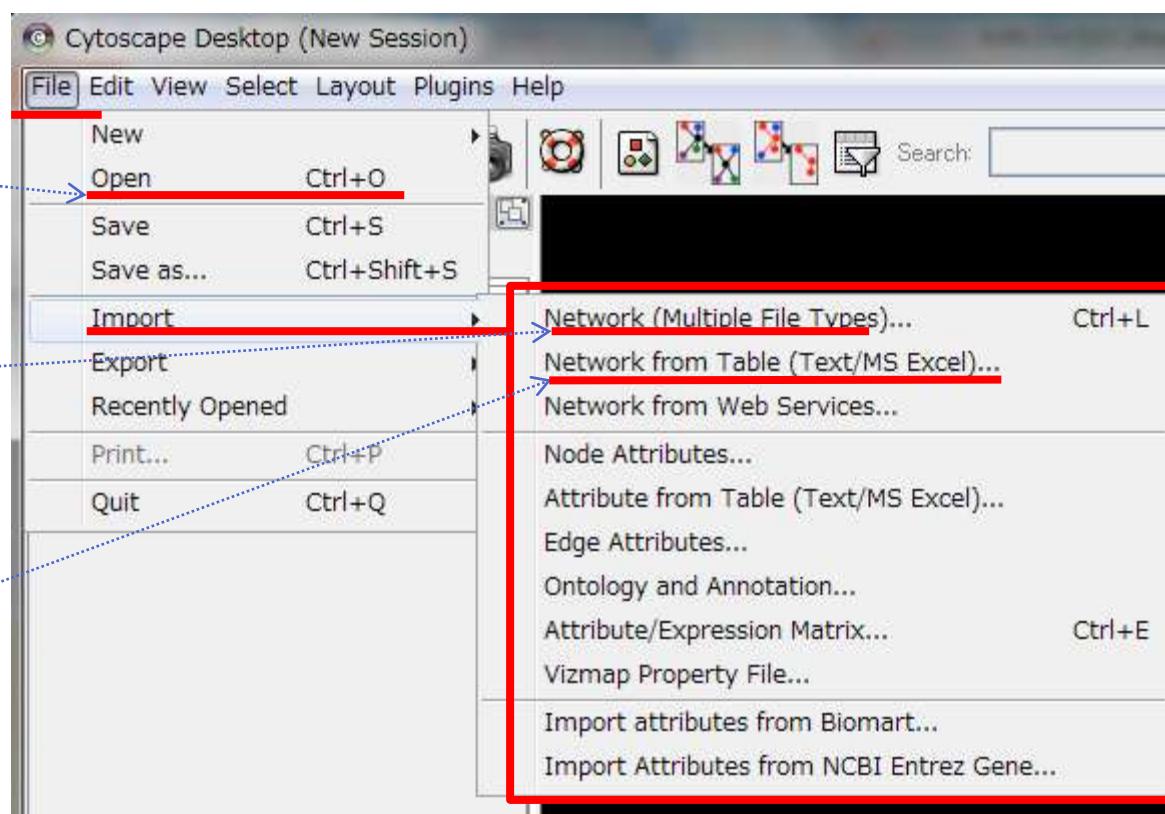
データパネル(属性値表示、編集)



* 図はファイルを開いた後の表示。

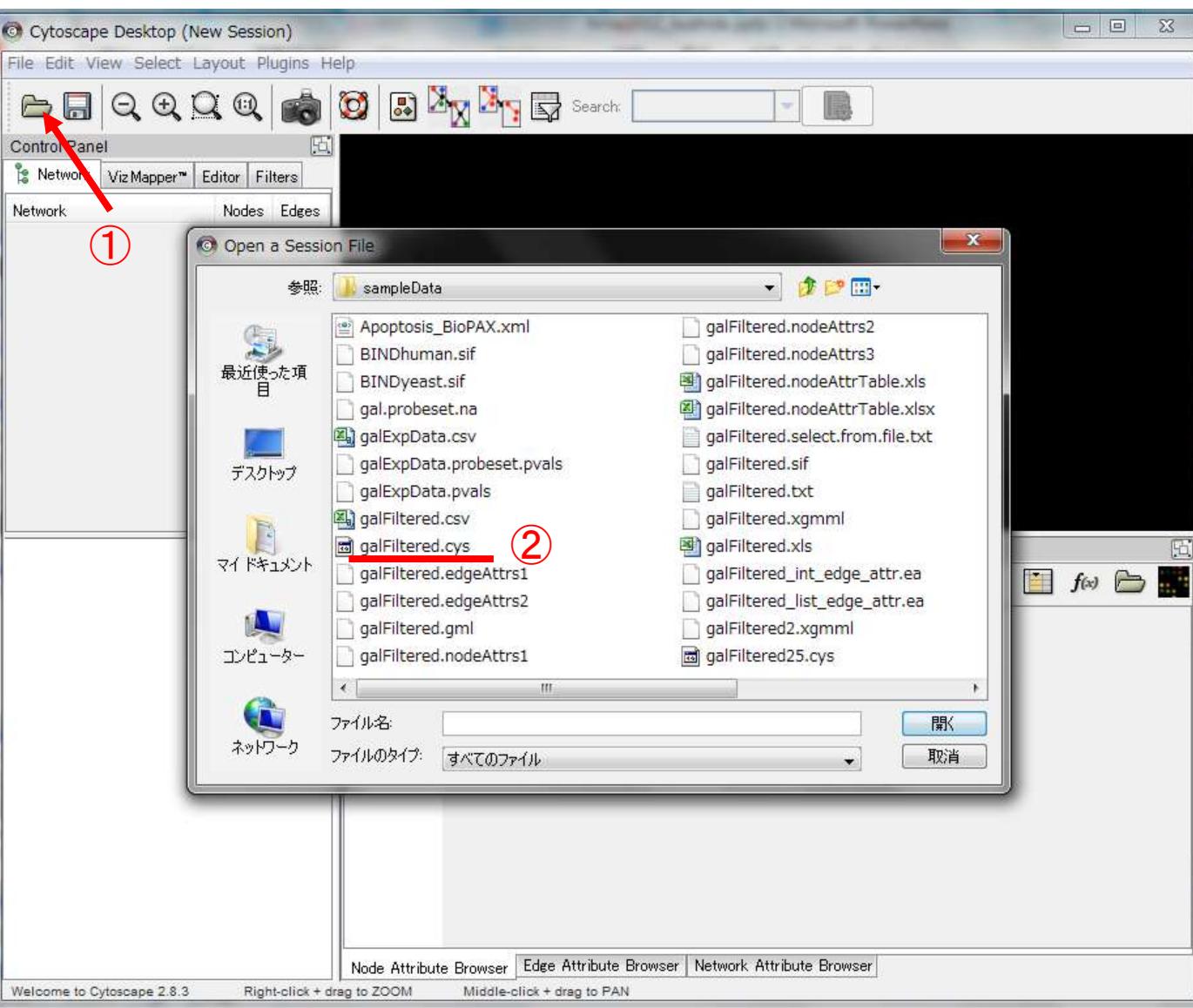
ファイルの種類

- .cysファイル
➤ メニュー「File」の「Open」から
- .sif, .xgmml, .gmlファイル
➤ メニュー「File」の「Import」、「Network (Multiple File Types)」から
- .txt, .xlsファイル
➤ メニュー「File」の「Import」、「Network from Table (Text/MS Excel)」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_v2.8.3\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。

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 desktop interface with a session titled "galFiltered.cys". The main window displays a network graph where nodes are represented by colored circles (yellow, green, pink, red) and edges by lines of various colors (red, blue, purple, black). A large yellow node labeled "MCM1" is at the center. The "Control Panel" on the left shows the network is named "galFiltered.sif" with 331(13) nodes and 362(30) edges. The "Data Panel" below the graph lists 15 rows of data corresponding to the nodes, including their IDs, EntrezGene IDs, Pathways, GeneRIFs, SGD symbols, and annotations. A blue arrow points from the text "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。" to the graph area.

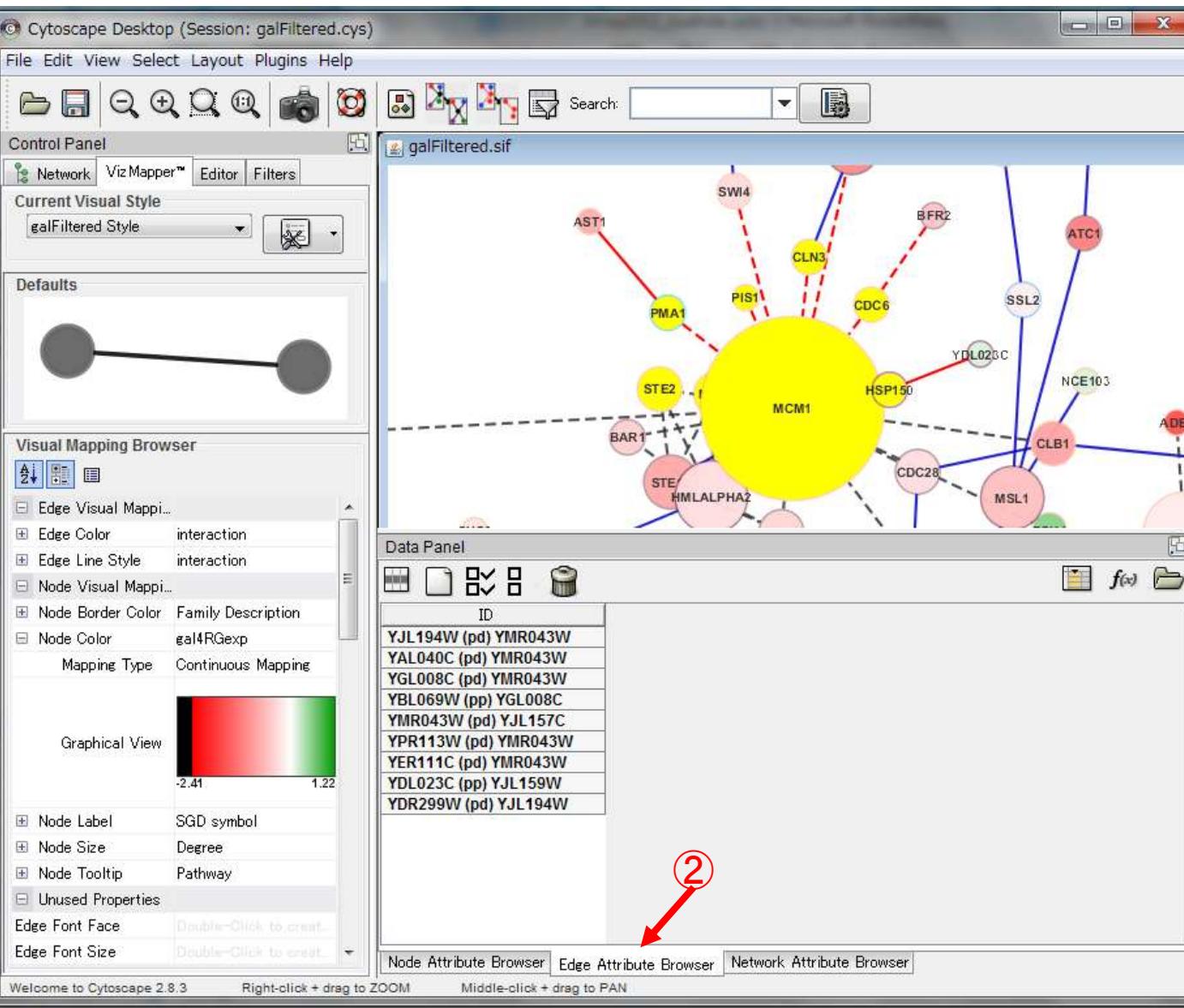
ID	EntrezGene ID	Pathway	GeneRIF	SGD symbol	annotation.GO_BIOLOGICAL_PROCESS
YHR084W	[856484]	[KEGG pathway]	[Ste12 for...]	[STE12]	[conjugation with cellular fusion, i...
YPR113W	[856229]			[PIS1]	[cell cycle, phosphatidylinositol bi...
YJL159W	[853281]		[a soluble ...]	[HSP150]	[cell wall organization and biogen...
YJL194W	[853244]	[KEGG pathway]	[findings s...]	[CDC6]	[DNA replication, G1/S transition o...
YMR043W	[855060]	[KEGG pathway]	[Data sugg...]	[MCM1]	[DNA replication initiation, cell cy...
YBR160W	[852457]	[KEGG pathway]	[Bem2p an...]	[CDC28]	[G1/S transition of mitotic cell cycl...
YGL008C	[852876]	[KEGG pathway]	[a mechani...]	[PMA1]	[cation transport, ion transport, m...
YFL026W	[850518]	[KEGG pathway]	[Amiono ac...]	[STE2]	[G-protein coupled receptor prote...
YIL015W	[854797]		[Results d...]	[BAR1]	[adaptation to pheromone during ...]
YAL040C	[851191]	[KEGG pathway]	[Cln3 must...]	[CLN3]	[G1/S transition of mitotic cell cycl...
YCL067C	[850292, 85040...			[HMLALPHA2]	[donor selection, regulation of tra...
YDR461W	[852072]	[KEGG pathway]	[Amino aci...]	[MFA1]	[pheromone-dependen...]
YNL145W	[855577]	[KEGG pathway]	[post-UV hi...]	[MFA2]	[pheromone-dependent signal tra...

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 データパネルでノード(遺伝子)の属性情報を確認

データパネル
(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 データパネルの「Edge Attribute Browser」を選択。

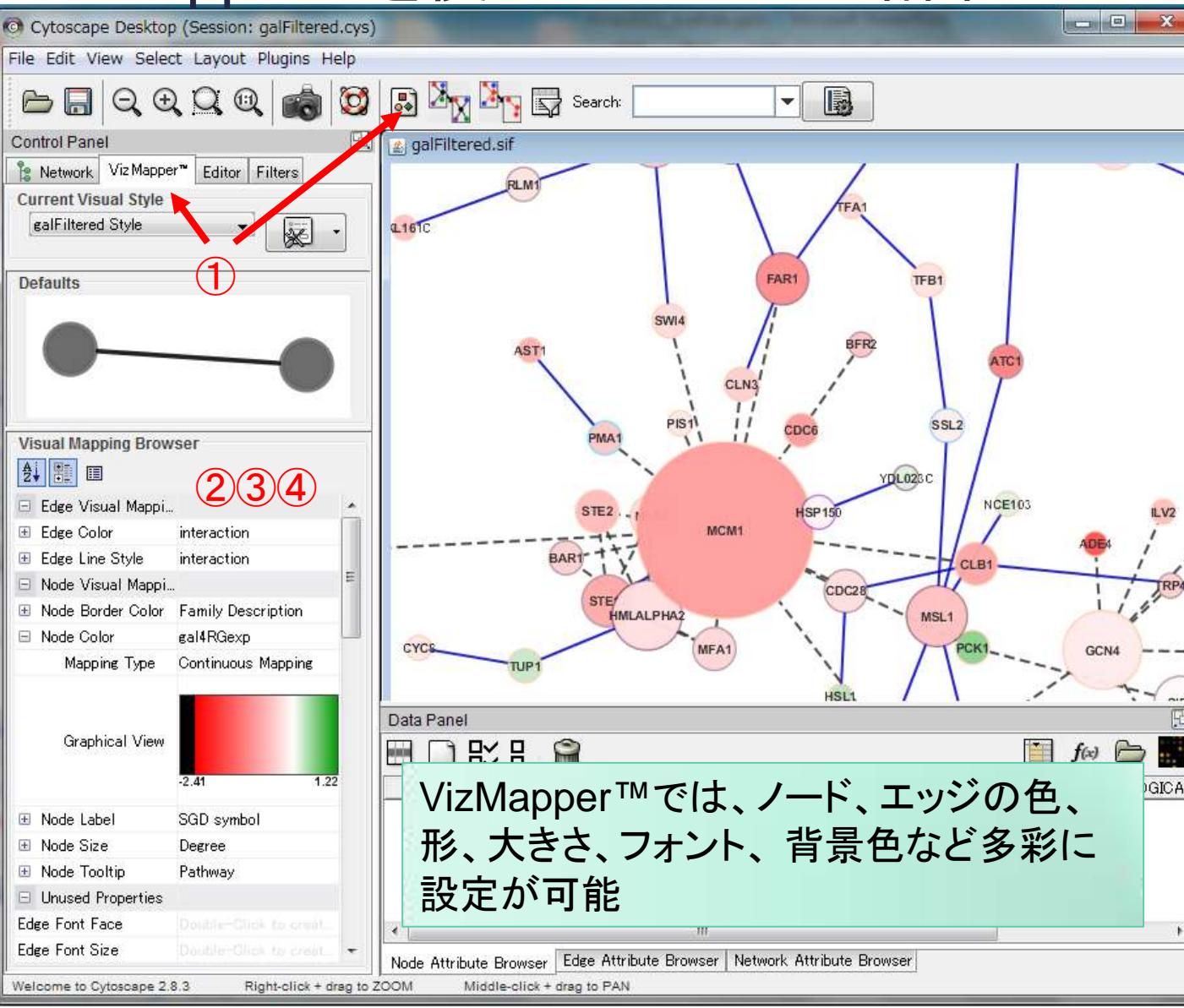
③ エッジ(相互作用)の属性情報を確認

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(パスウェイ)の縮小、拡大、選択範囲を拡大、全体表示
- ④ ネットワークをPDF, EPS, SVG, PNG, JPEG, BMPで保存
- ⑤ ヘルプファイルを開く
- ⑥ VizMapper™を開く(ノードやエッジを書式変更する)
- ⑦ ネットワークを力学モデルレイアウトにする(スライド43参照参照)
- ⑧ 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47～51参照)
- ⑨ フィルタ機能を使う(スライド46参照)
- ⑩ 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

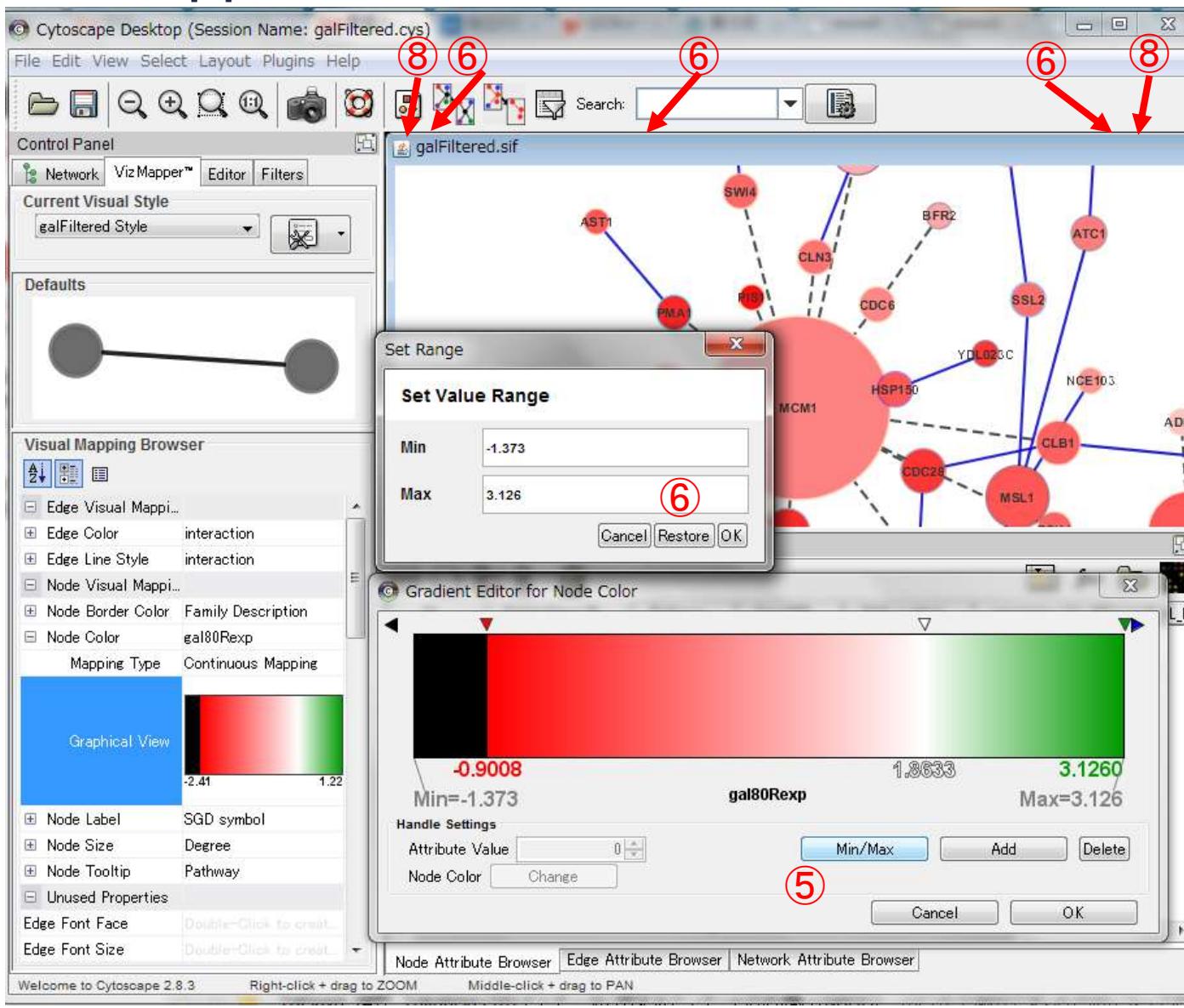
VizMapper™を使ったノード色の編集 1 of 3



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

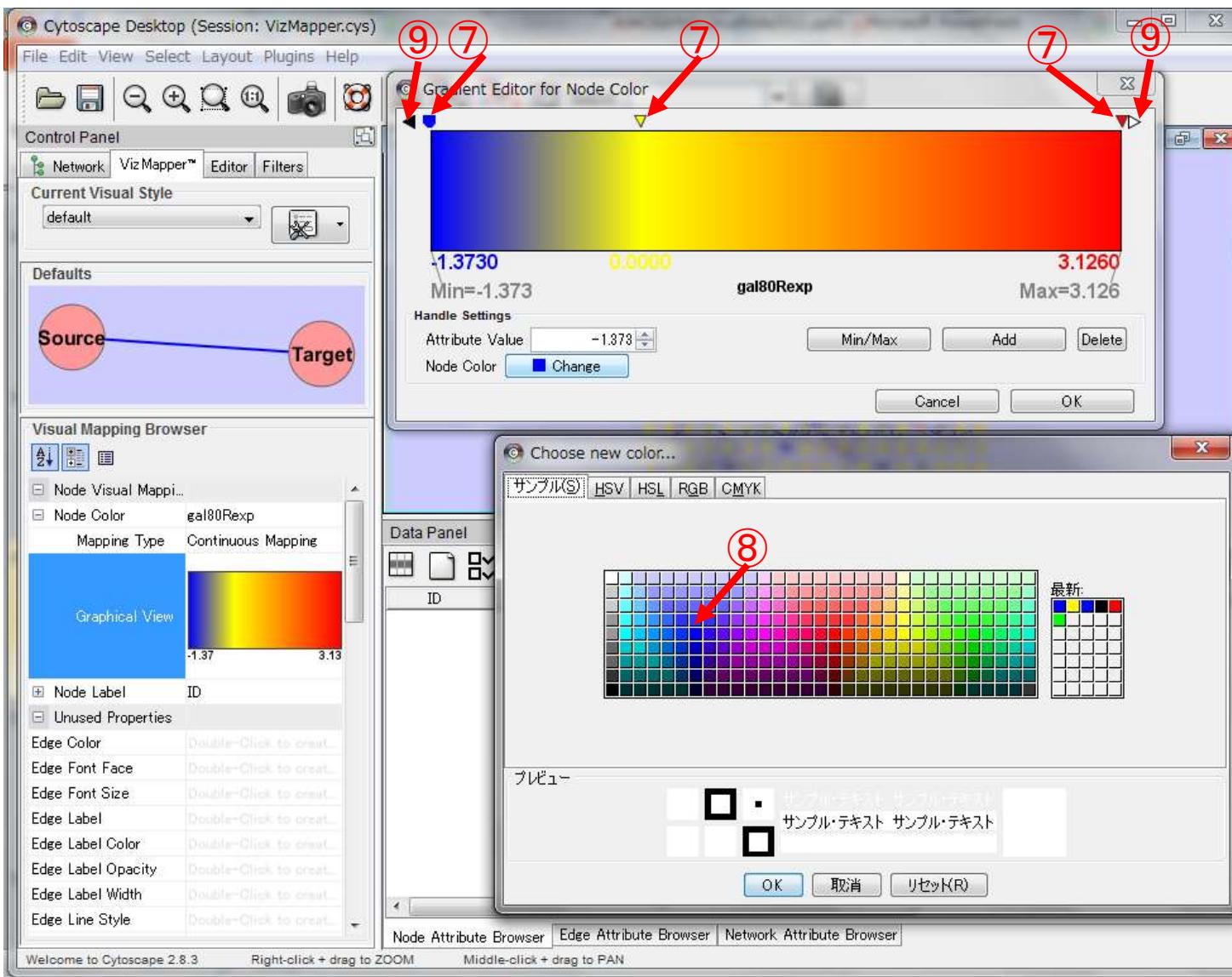
- ①Control Panelで「VizMapper」を選択
- ②Visual Mapping Browserの「Node Color」を選択、ノードの属性(発現量)が表示されるので、ここでは、「gal4Rexp」を「gal180Rexp」に変更
- ③「Mapping Type」から、「Continuous Mapping」を選択
- ④「Graphical View」を選択、「Gradient Editor」のウィンドウが表示される

VizMapper™を使ったノード色の編集 2 of 3



- ⑤「Gradient Editor」の
「Min/Max」を押す
⑥「Set Range」
の「Restore」、次
いで「OK」を押す

VizMapper™を使ったノード色の編集 3 of 3

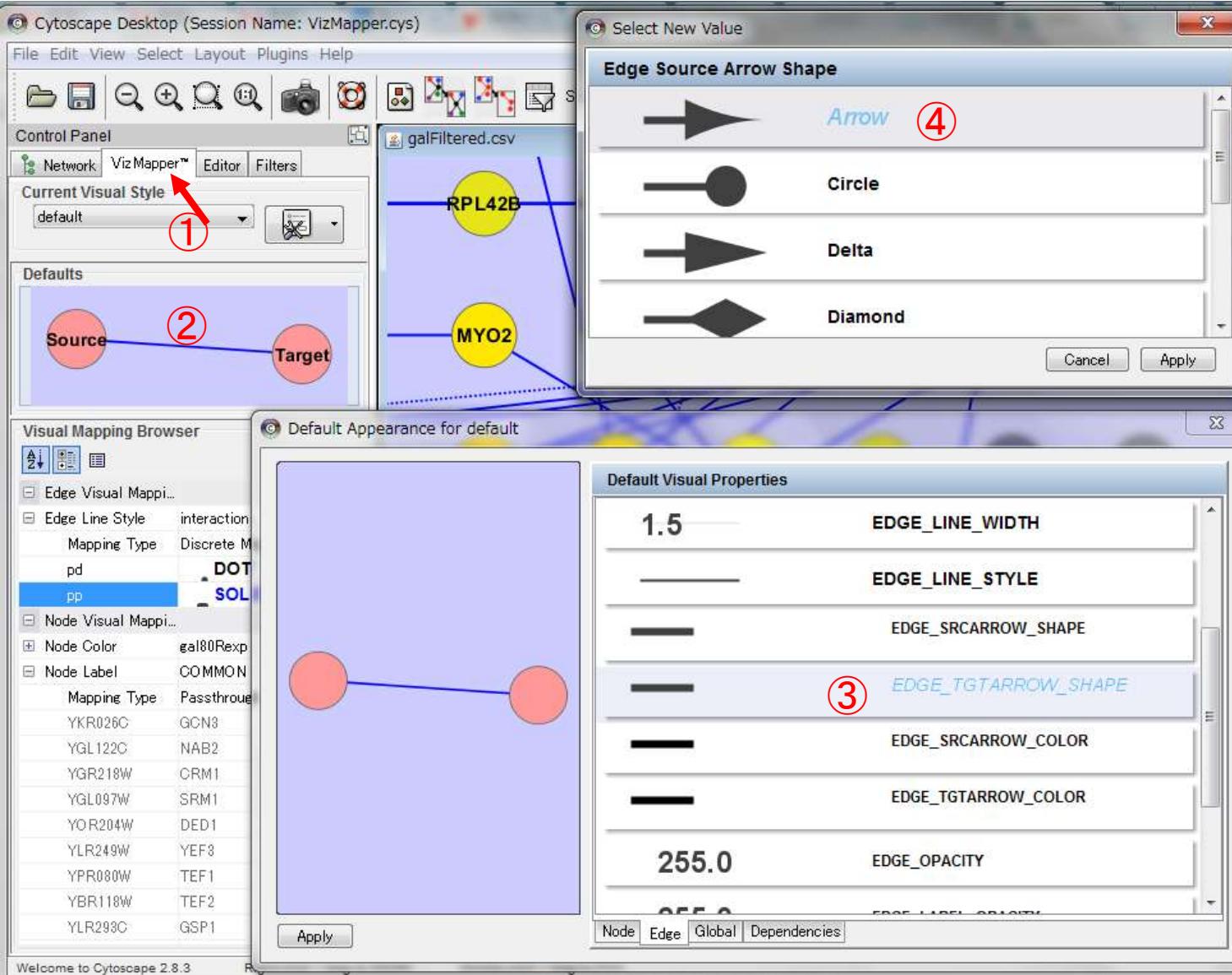


⑦「Gradient Editor」で発現量に応じた色の指定を行う。色帯の上部の三角形を選択し、スライドさせ適当な位置でダブルクリックして、「Choose new color」のウィンドウを表示

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_TGTARROW_SHAPE」を選択
- ④ Select New Valueの「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

- Pathway Commons (<http://www.pathwaycommons.org>)から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>)のgpmI形式のデータを利用する(プラグインが必要)。

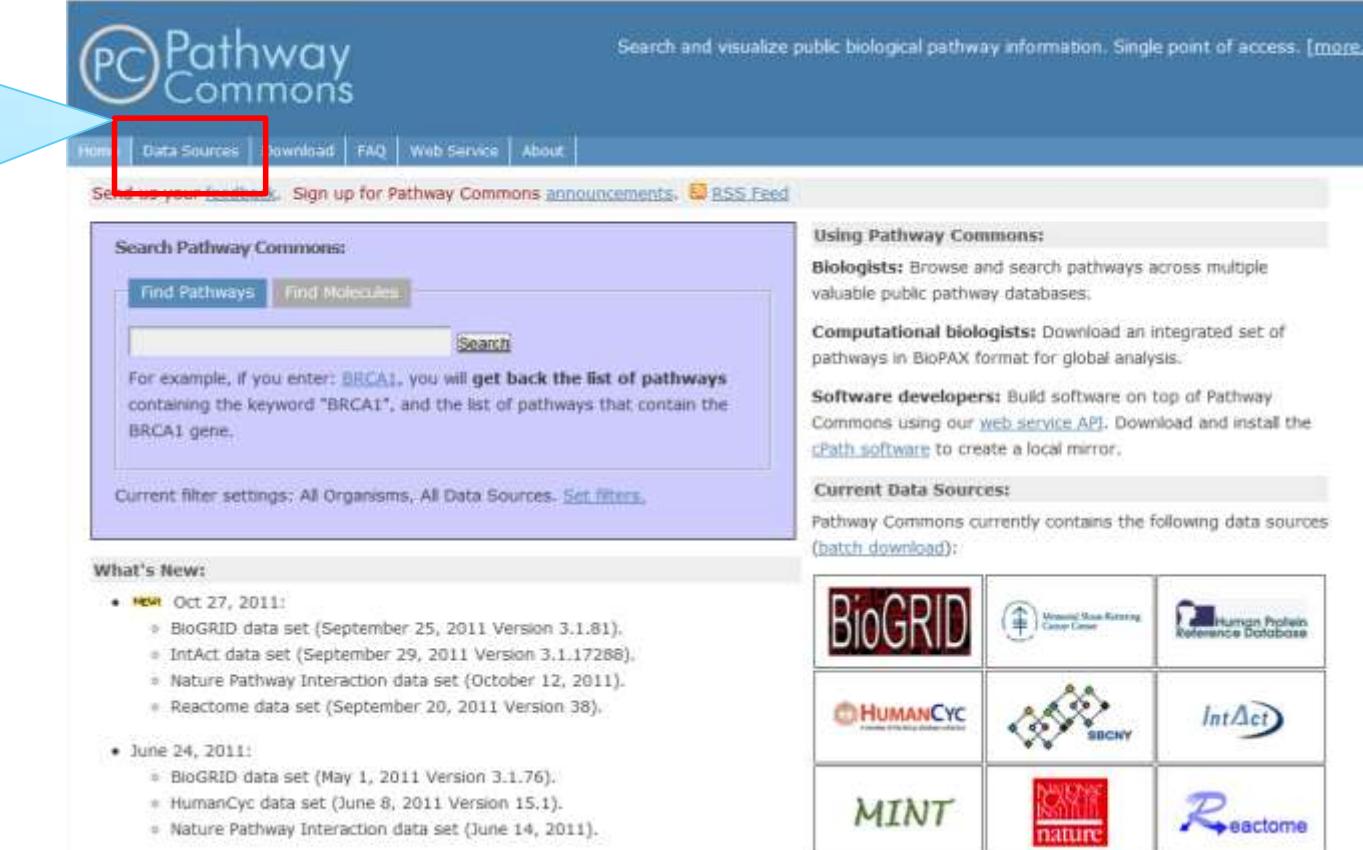
2. テキストエディタやExcelを使ってパスウェイデータを作成する。

3. メインネットワークビューにお絵描きする。

Pathway Commonsとは？

- <http://www.pathwaycommons.org>
- 9種類のパスウェイ、相互作用DBのデータが利用可能。
- パスウェイ数: 1,668、生物種: 414

メニュー「Data Source」で、収録されているパスウェイを確認することができる。



The screenshot shows the Pathway Commons website. At the top, there is a navigation bar with links: Home, Data Sources (which is highlighted with a red box), Download, FAQ, Web Service, and About. Below the navigation bar, there is a search bar with placeholder text "Search Pathway Commons:" and two buttons: "Find Pathways" and "Find Molecules". A text area below the search bar provides an example of how to use the search function. To the right of the search area, there are sections for "Using Pathway Commons:", "Biologists", "Computational biologists", "Software developers", and "Current Data Sources". At the bottom left, there is a "What's New" section with a list of recent updates. On the bottom right, there is a grid of logos for various data sources: BioGRID, Molecular Mass-Action Center, Human Protein Reference Database, HUMANCYC, SBCNY, IntAct, MINT, NATURE, and Reactome.

Pathway CommonsからCytoscapeへ

追加実習2. メニュー「Data Source」で、「Reactome」の「[Browse](#)」を選択。パスウェイのリストから、「[Pathway: The role of Nef in HIV-1 replication and disease pathogenesis](#)」を指定し、画面左のCytoscape:「[View in Cytoscape](#)」をクリック。次に、Download:「BioPAX」をクリック。

Cytoscape
で表示へ

Pathway: The role of Nef in HIV-1 replication and disease pathogenesis
Authored: Gillespie, ME, 2007-07-25 19:42:36 more...

Sub-Pathways (2) Molecules (49)

Showing 1-2 of 2

- [Nef mediates down modulation of cell surface receptors by recruiting them to clathrin adapters](#)
- [Nef and signal transduction](#)

Links:
• Reactome: REACT_6835

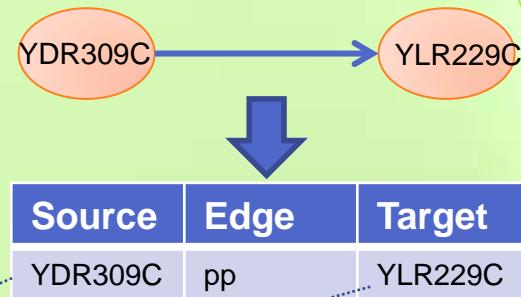
Download:
• BioPAX (.xml)
• Gene Set: Gene Symbols (.txt)
• LIGAND (.txt)
• Gene Set: UniProt IDs (.txt)

Cytoscapeの「File」の「Import」、「Network (Multiple File Types)」でファイル選択。表示へ

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, GenelD, 実験データ(例、発現値、統計値)
- ・例、galExpData.csv

A diagram illustrating the conversion of node attributes to a CSV file. Two nodes, YDR309C and YLR229C, are shown at the top. Dotted arrows point from each node to a table below. The table has three columns: GenelD, Symbol, and Expression. The first row corresponds to YDR309C with GenelD "YDR309C", Symbol "GIC2", and Expression "0.427". The second row corresponds to YLR229C with GenelD "YLR229C", Symbol "CDC42", and Expression "0.074".

GenelD	Symbol	Expression
YDR309C	GIC2	0.427
YLR229C	CDC42	0.074

ステップ1：ノードとエッジの繋ぎりを読み込む

①メニュー「File」の「Import」、「Network from Table (Text/MS Excel)」

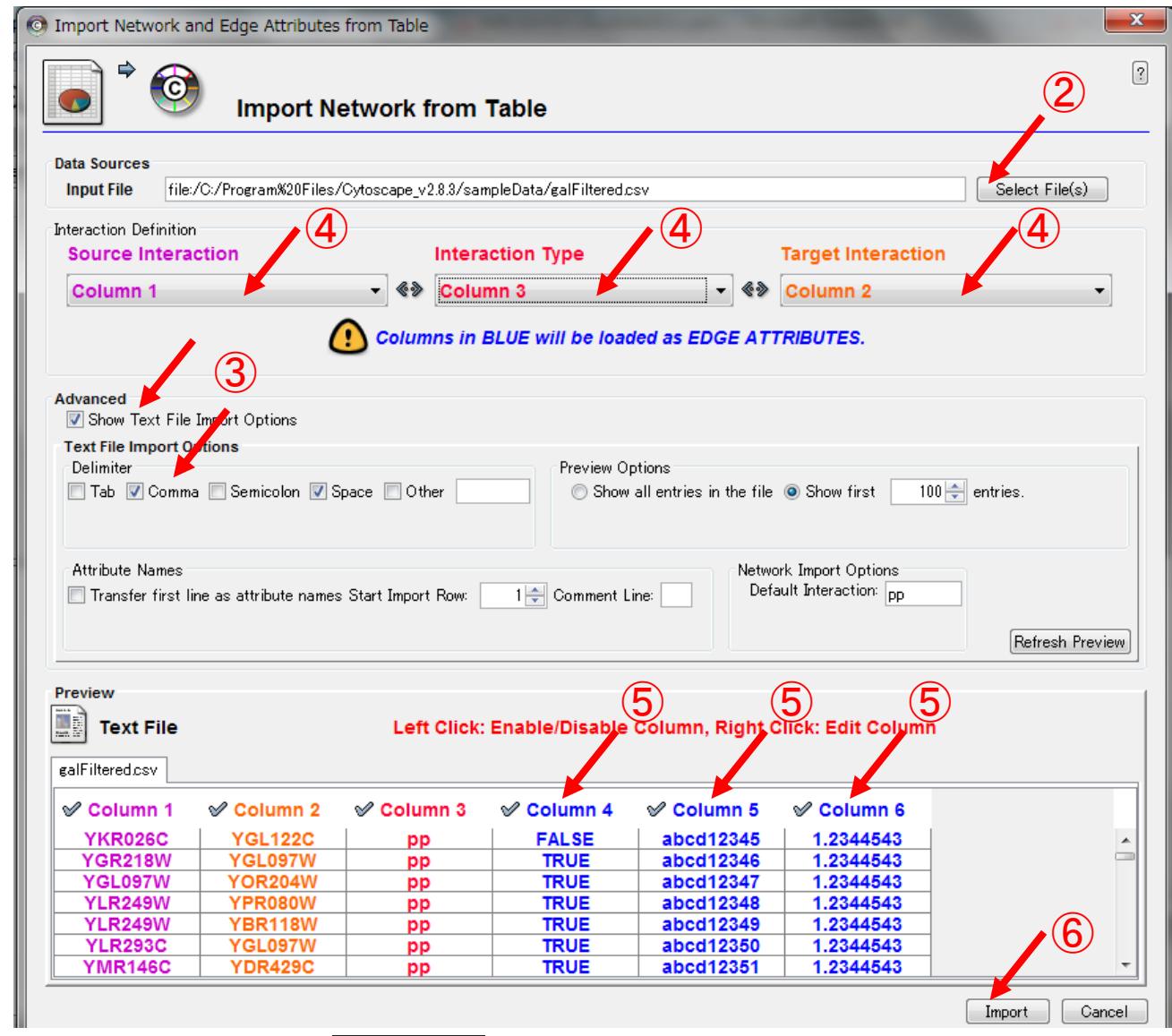
②ファイル「galFiltered.csv」を選択

③「Show Text File Import Options」に✓。「Comma」に✓

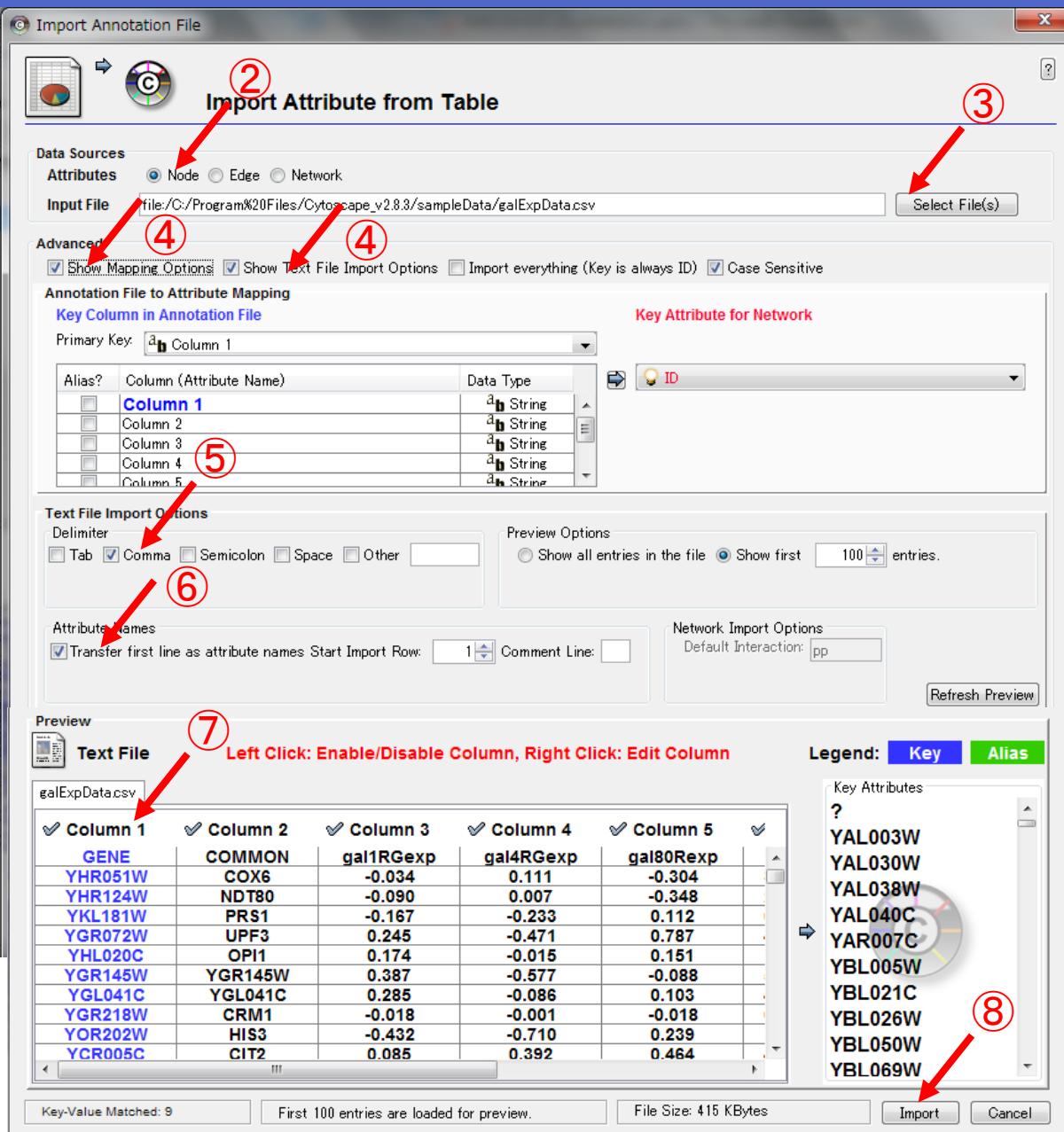
④Sourceを「Column1」、Targetを「Column3」、Typeを「Column2」

⑤「Column4,5,6」を選択

⑥「Import」をクリック

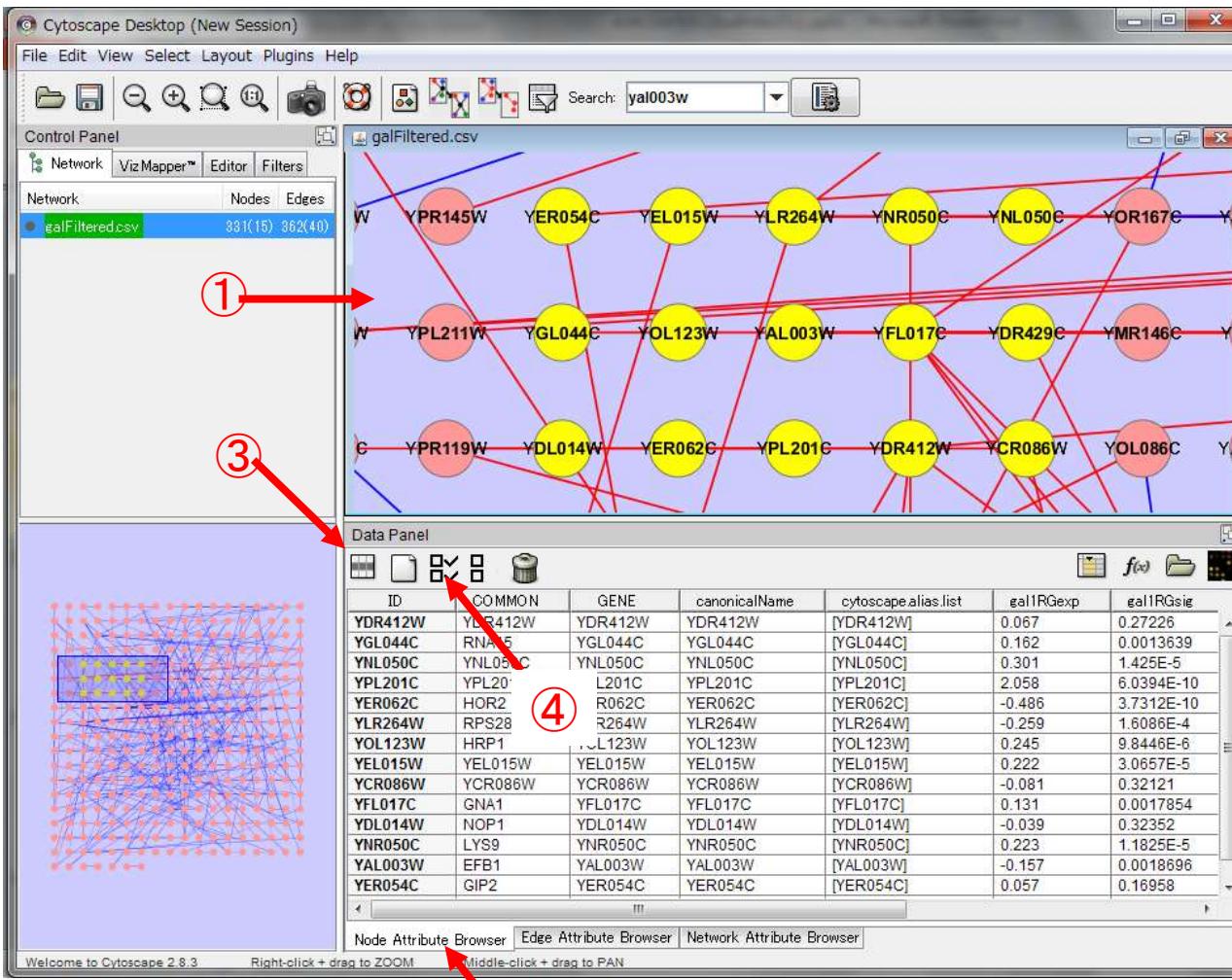


ステップ2:属性値を読み込む



- ①メニュー「File」の「Import」、「Attribute from Table (Text/MS Excel)」
- ②「Node」を選択
- ③ファイル「galExpData.csv」を選択
- ④「Show Mapping Options」、「Show Text File Import Options」に✓。
- ⑤「Comma」を選択
- ⑥「Transfer first line as attribute names Star Import Row」にチェック、「1」を入力
- ⑦「Column1」がキーであること(青色)を確認。
- ⑧「Import」をクリック

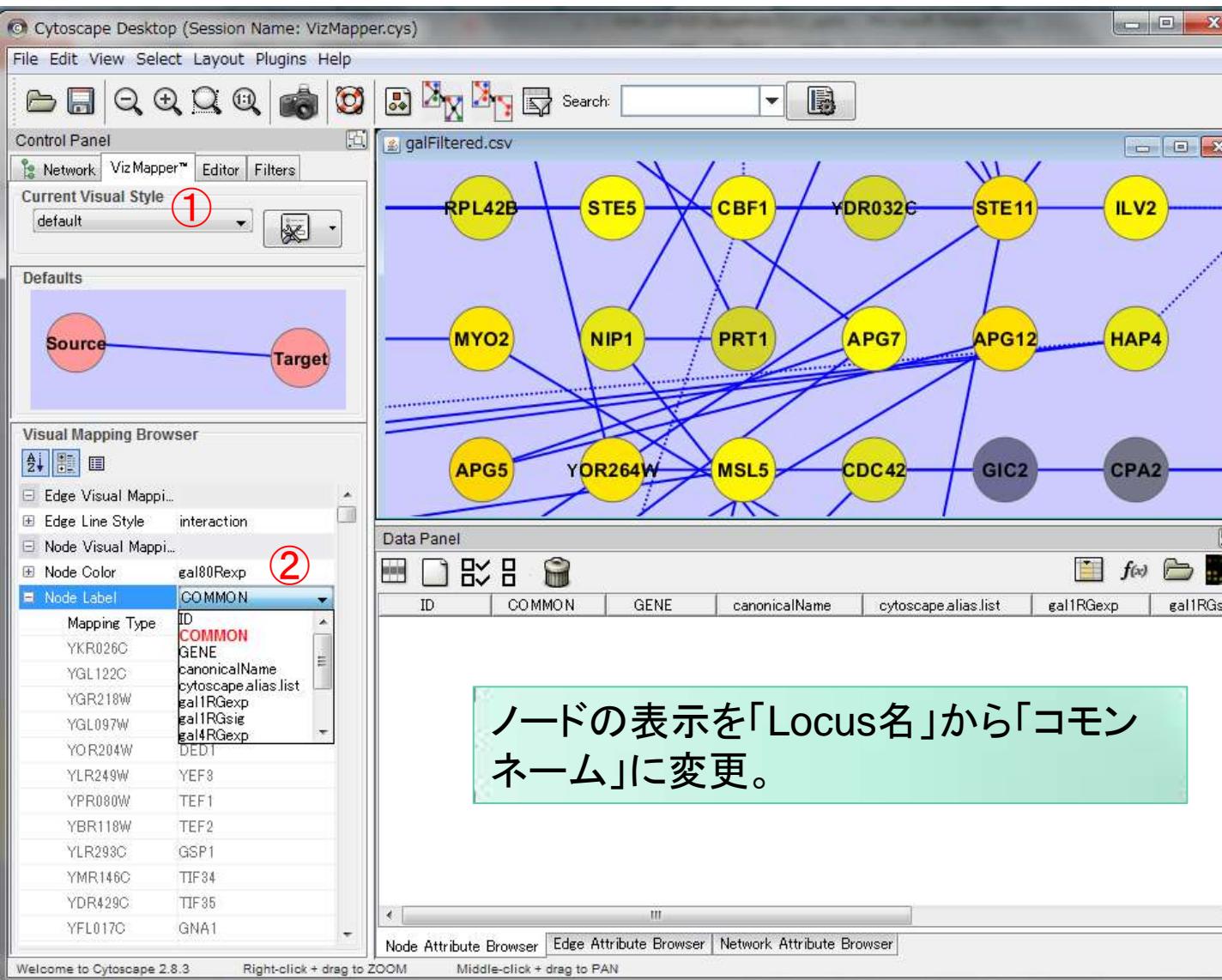
追加実習3. Cytoscapeフォルダにあるサンプルデータ「galFiltered.***」や、自分で作成したテキスト、Excelファイルを使ってCytoscapeでパスウェイを表示、編集してみましょう。



ノード、エッジの属性の確認、編集

- ①属性の確認、編集したいノードやエッジを選択する
- ②ノード、エッジもしくは、ネットワーク全体を選択
- ③表示したい属性に✓を入れる
- ④このアイコンに押すとすべての属性が選択される

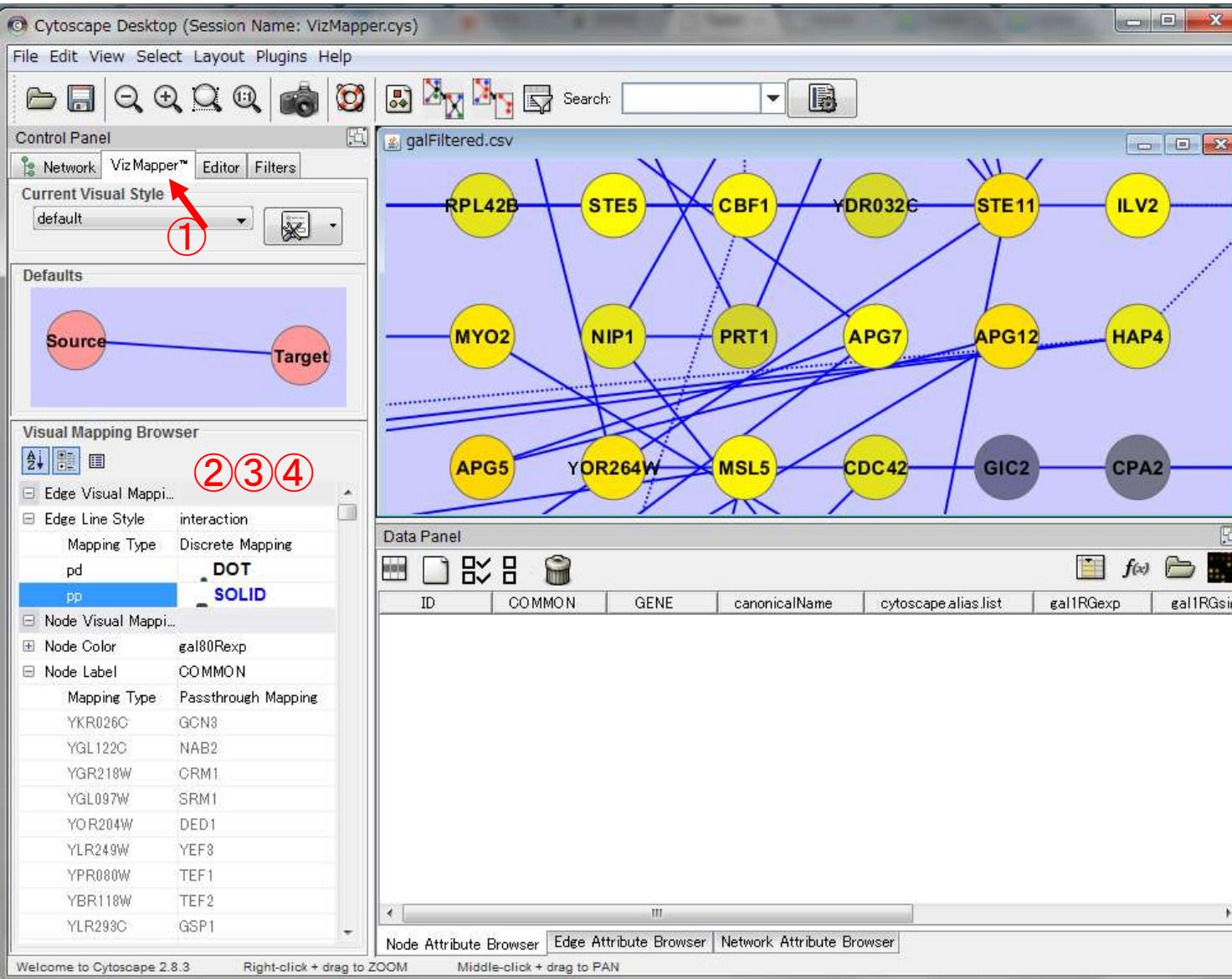
VizMapper™を使ったラベルの編集



ノードの表示を「Locus名」から「コモンネーム」に変更。

- ① Control Panel の 「VizMapper」、 「Node Label」 を選択
- ② 「Mapping Type」で 「COMMON」 を選択

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 Style」を選択、エッジの属性が表示されるので、「interaction」を選択。
- ③ 「Mapping Type」から、「Discrete Mapping」を選択
- ④ 「pd」(タンパク質-DNA結合)を「DOT」、「pp」(タンパク質-タンパク質結合)に指定。

その他の書式変更の方法

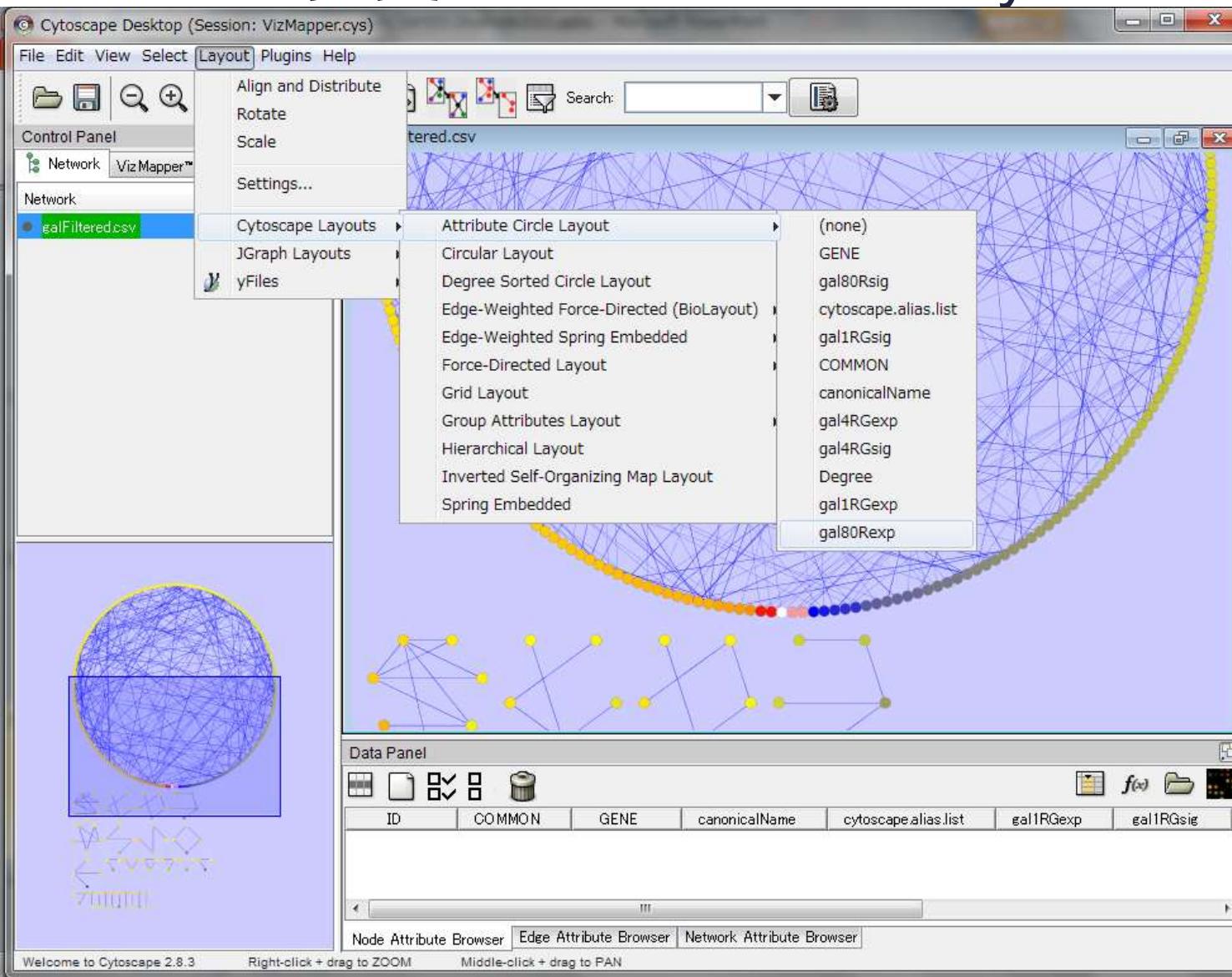
- ノード色の編集

- スライド25～27「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

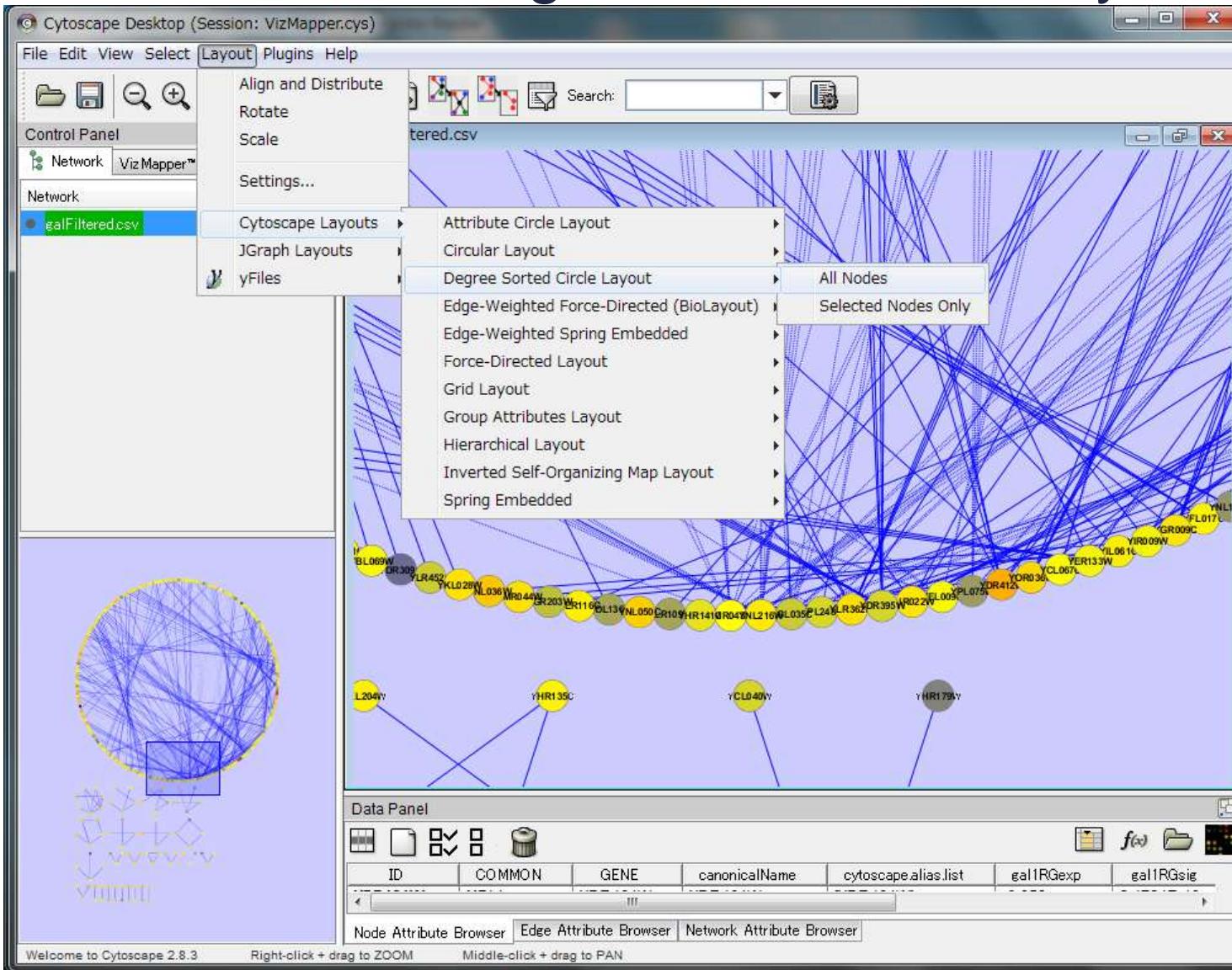
- スライド28「VizMapper™を使ったデフォルト値の編集」を参照

レイアウト変更:Attribute Circle Layout



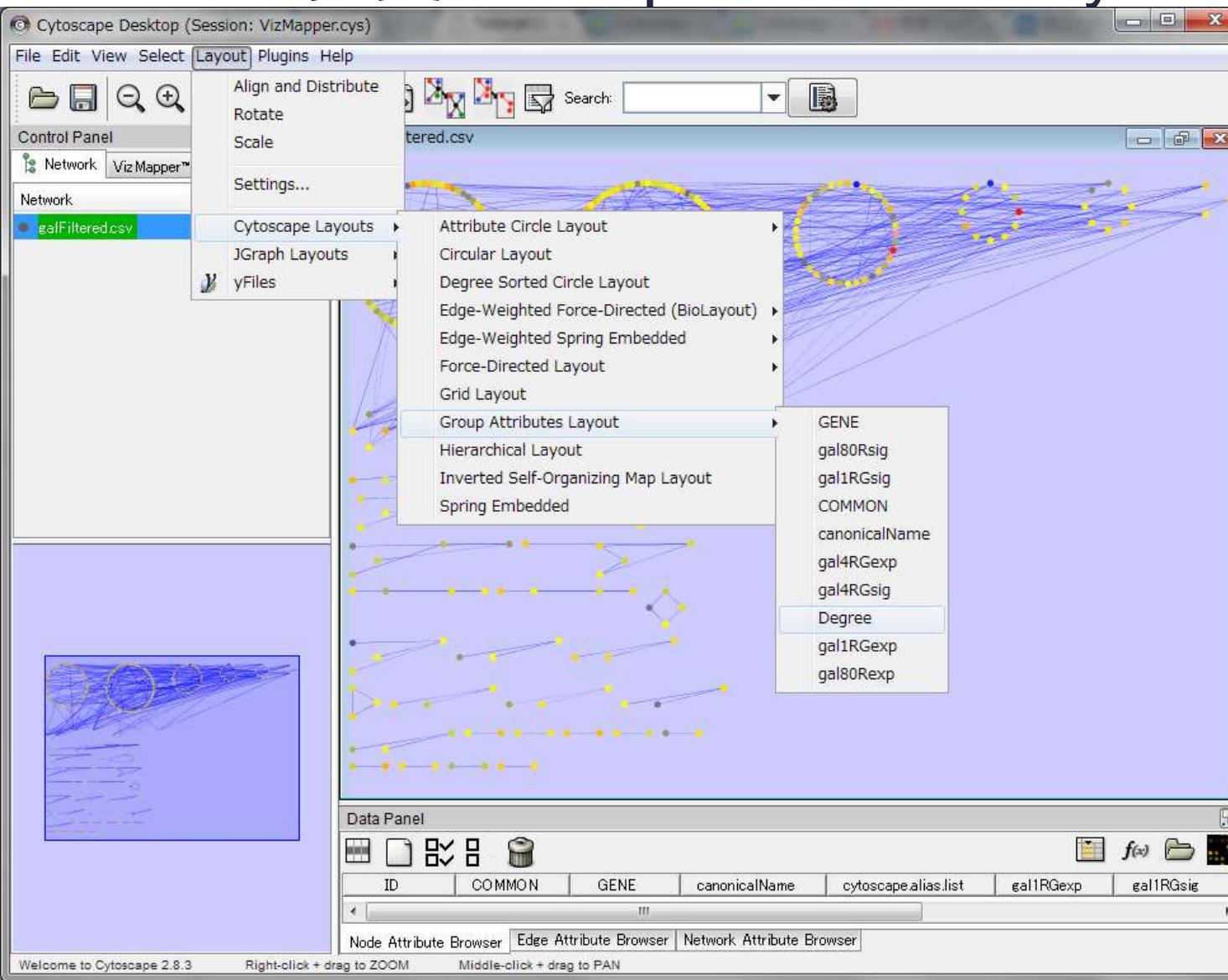
- ①ノードの属性値の順に環状グラフの下部から時計回りに配置するレイアウト
- ②メニュー「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Attribute Circle Layout」、「gal80Rexp」を選択

レイアウト変更: Degree Sorted Circle Layout



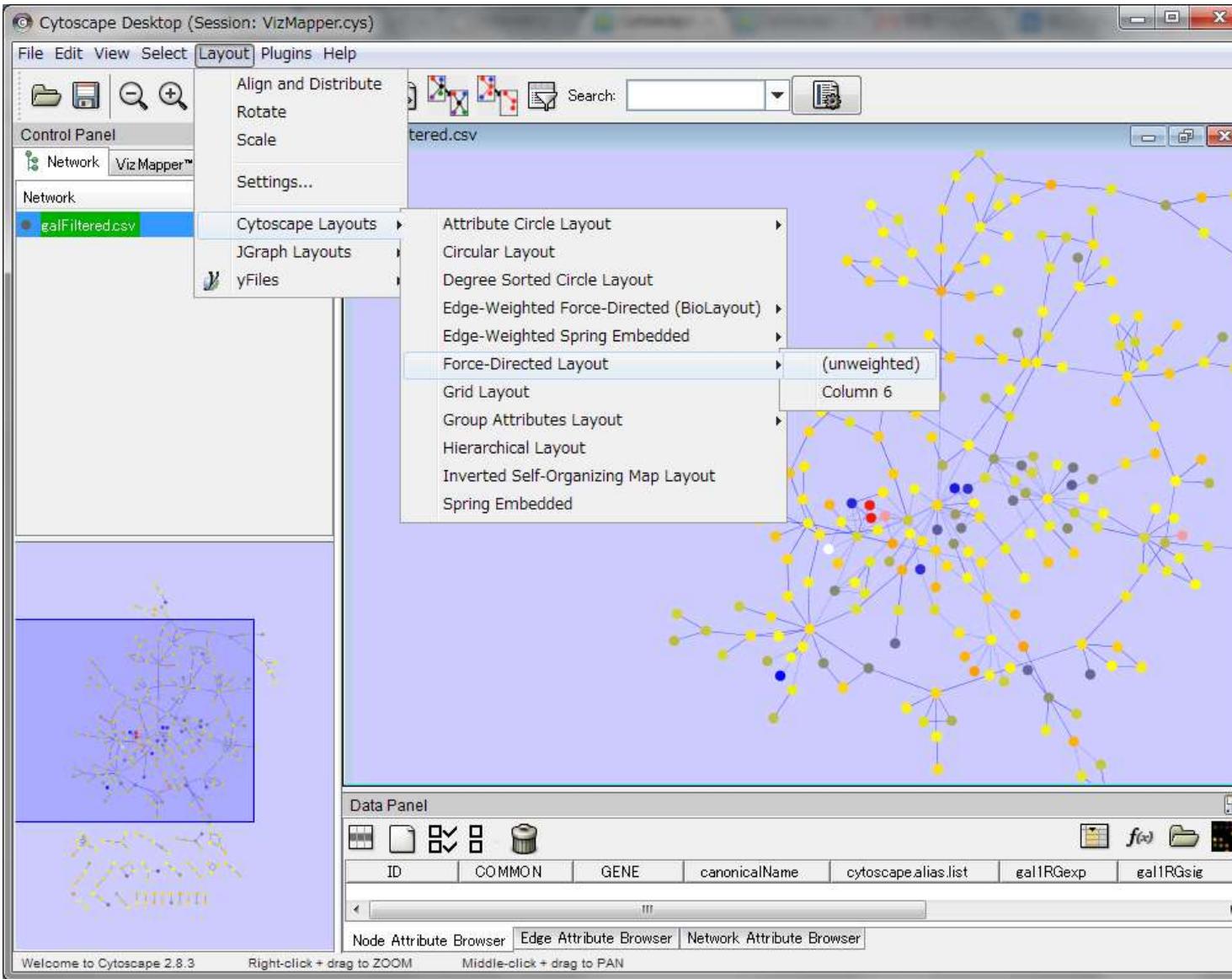
- ①ノードが持つエッジ数の多いものからの環状グラフの下部から反時計回りに配置するレイアウト
- ②メニュー「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Degree Sorted Circle Layout」、「All Nodes」を選択。このとき「Selected Nodes Only」選択した場合、そのノードだけでレイアウト変更する

レイアウト変更: Group Attribution Layout



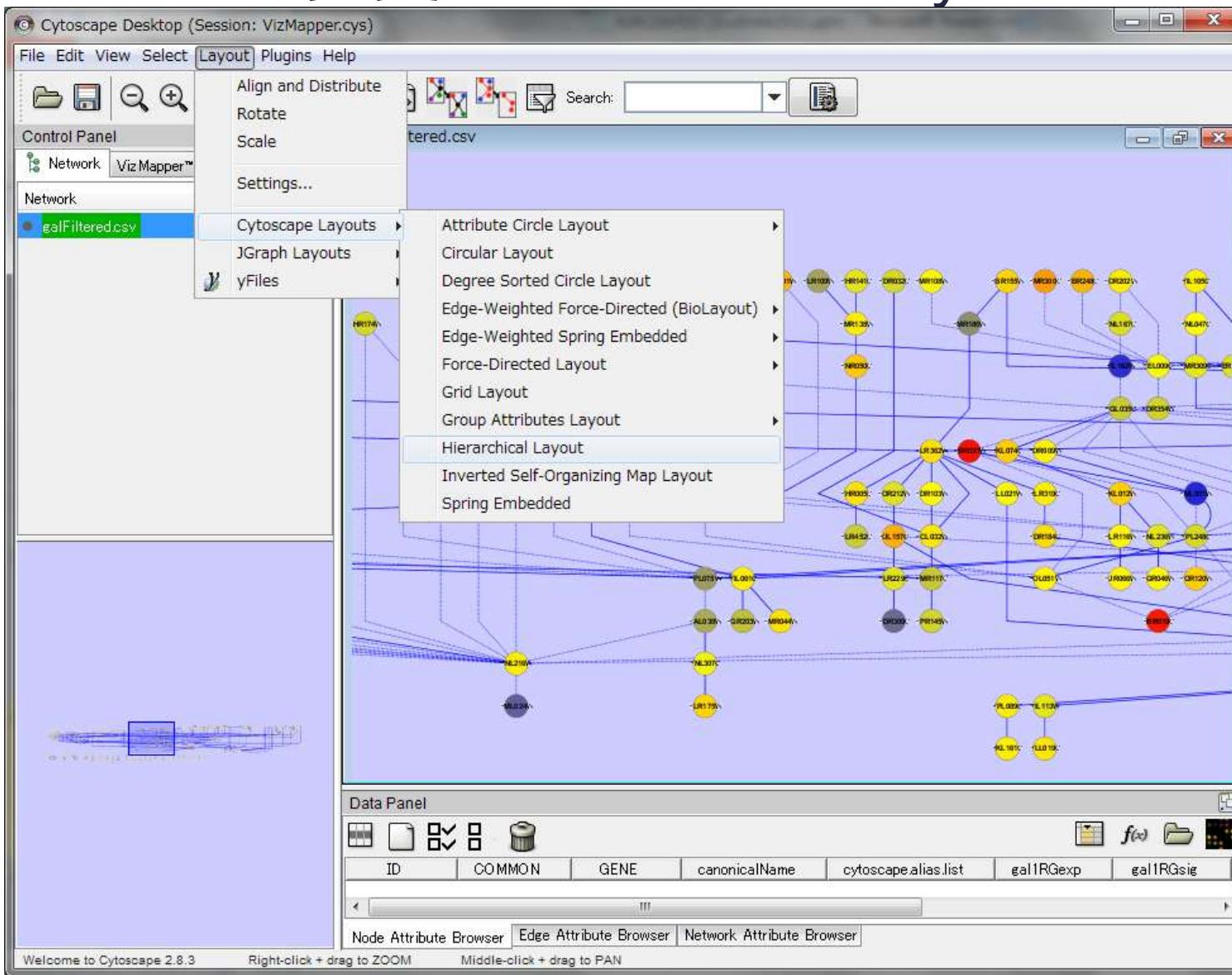
- ① ノードが持つエッジ数の同じものを同じ環状グラフに配置するレイアウト
- ② メニュー「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Group Attribution Layout」、「Degree」を選択。

レイアウト変更: Force-Directed Layout



- ① グラフの詳細な構造を表すのに適したレイアウト
- ② メニュー「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Force-Directed Layout」、「(unweighted)」を選択。
- ③ 「Layout」、「Setting...」でノード間の距離などを変更することが可能。

レイアウト変更: Hierarchical Layout

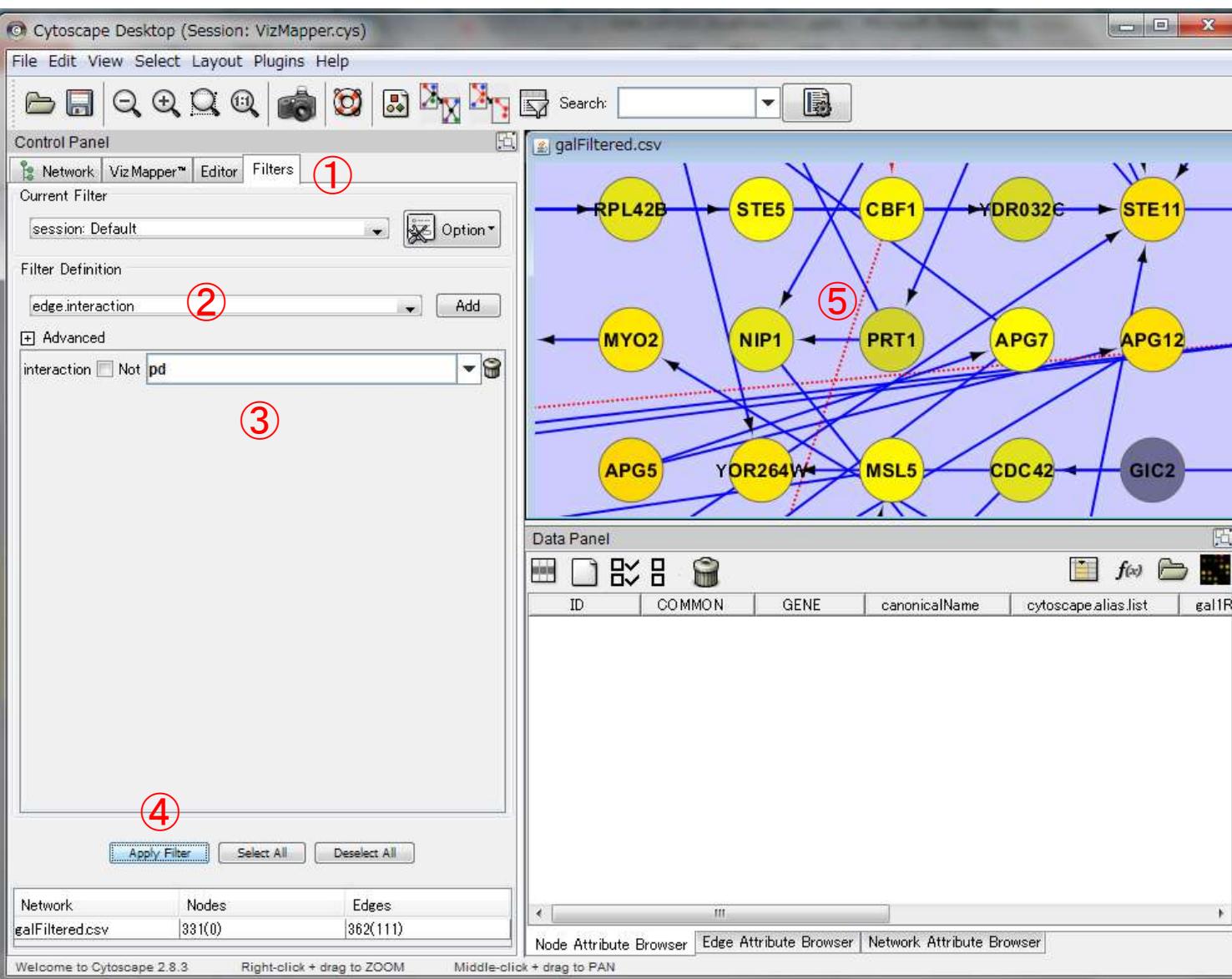


- ①パスウェイを階層的に表現するレイアウト
- ②メニュー「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Hierarchical Layout」を選択。

データ解析の例

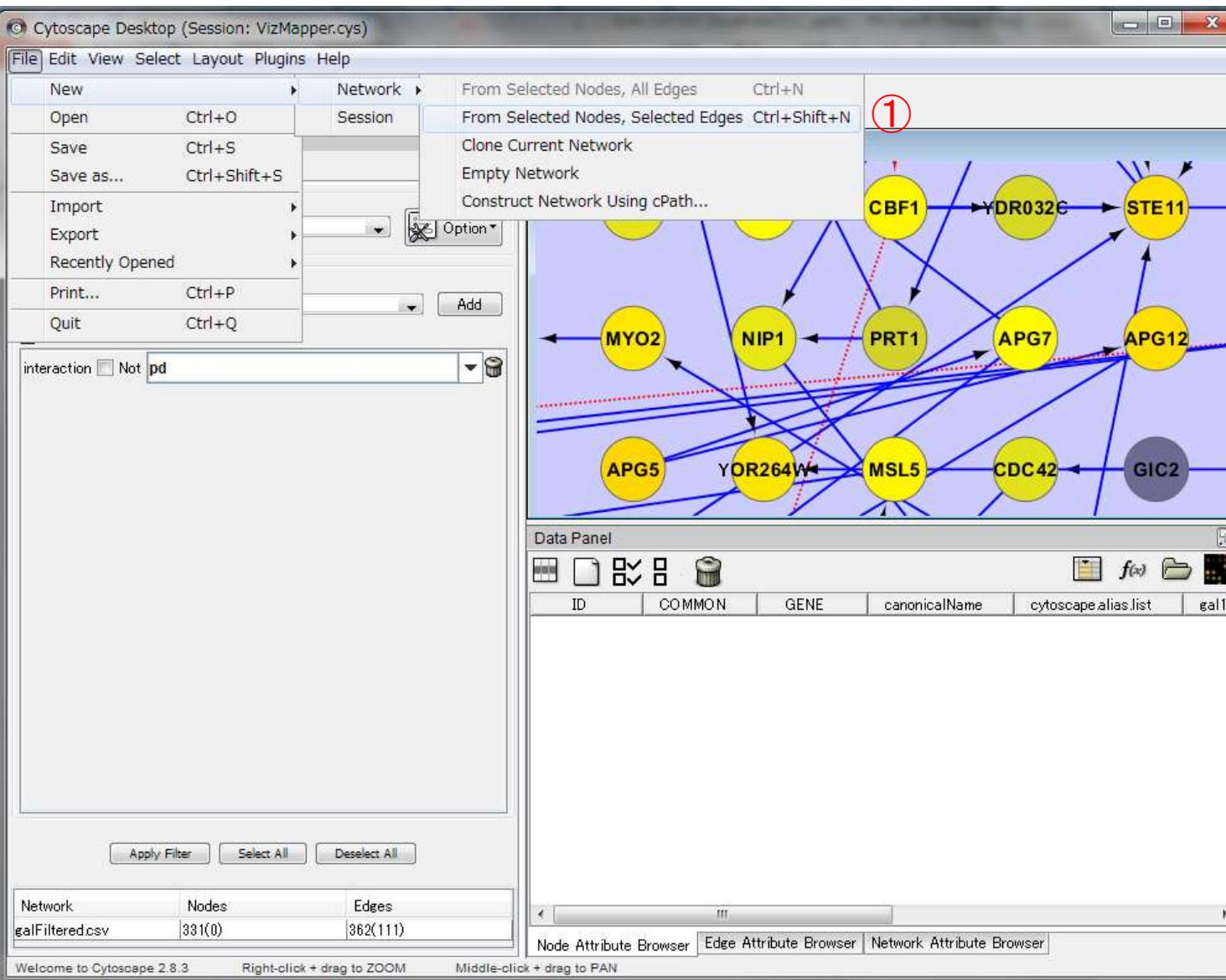
(参照 : [Basic Expression Analysis - Yeast](#))

フィルタ機能を使った絞り込み



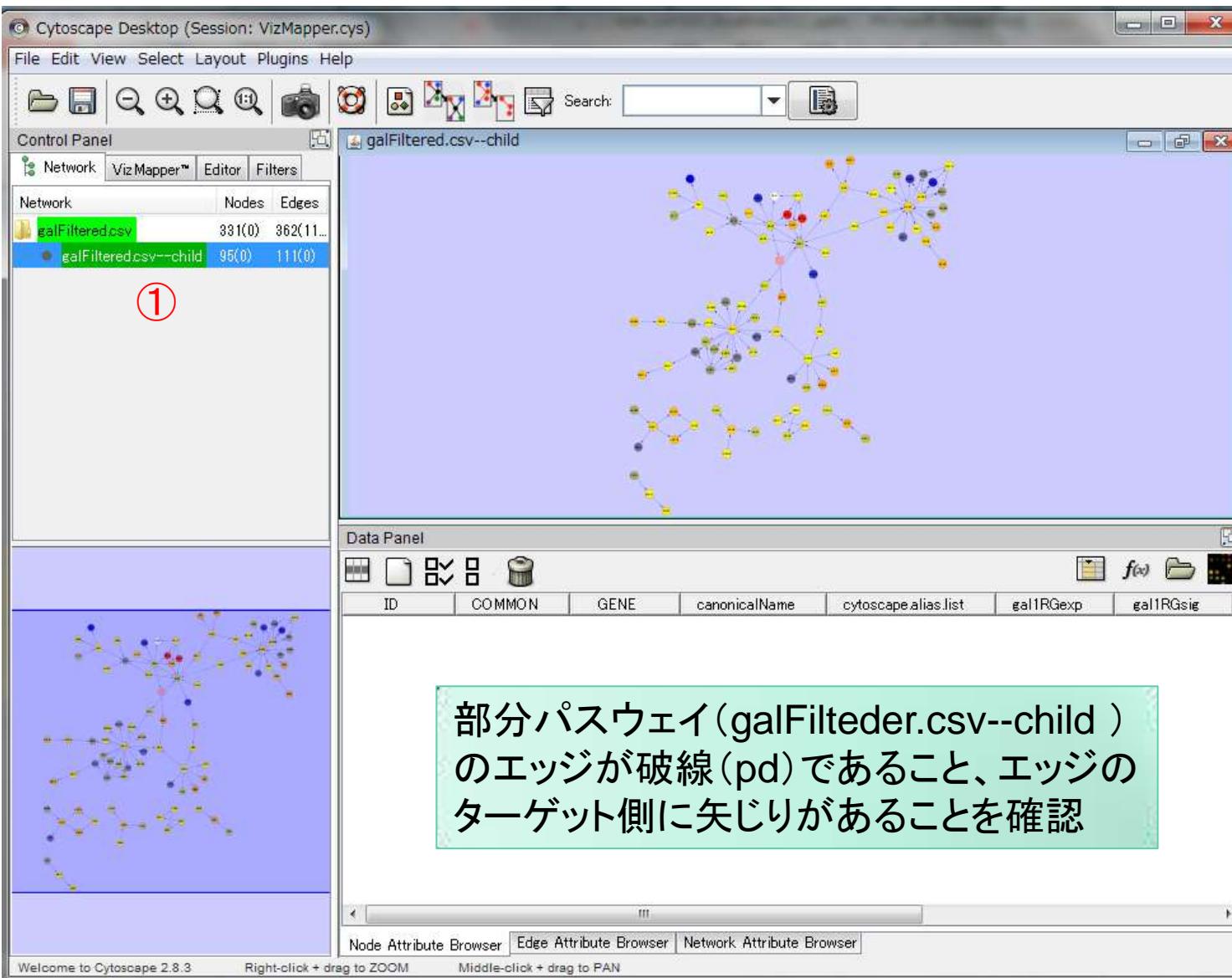
- ① Control Panel の「Filters」を選択
- ② Filter Definitionから「edge:interaction」を選択、次いで「Add」を押す
- ③ Advancedのクリエイター欄に「pd」を入力
- ④ 「Apply Filter」を押す
- ⑤ タンパク質-DNA相互作用(pd)を表す破線が赤く選択されていることを確認

サブパスウェイ(部分パスウェイ)の抽出 1 of 5



①メニュー
「File」、
「New」、
「Network」、
「From
Selected
Nodes,
Selected
Edges」を選
択

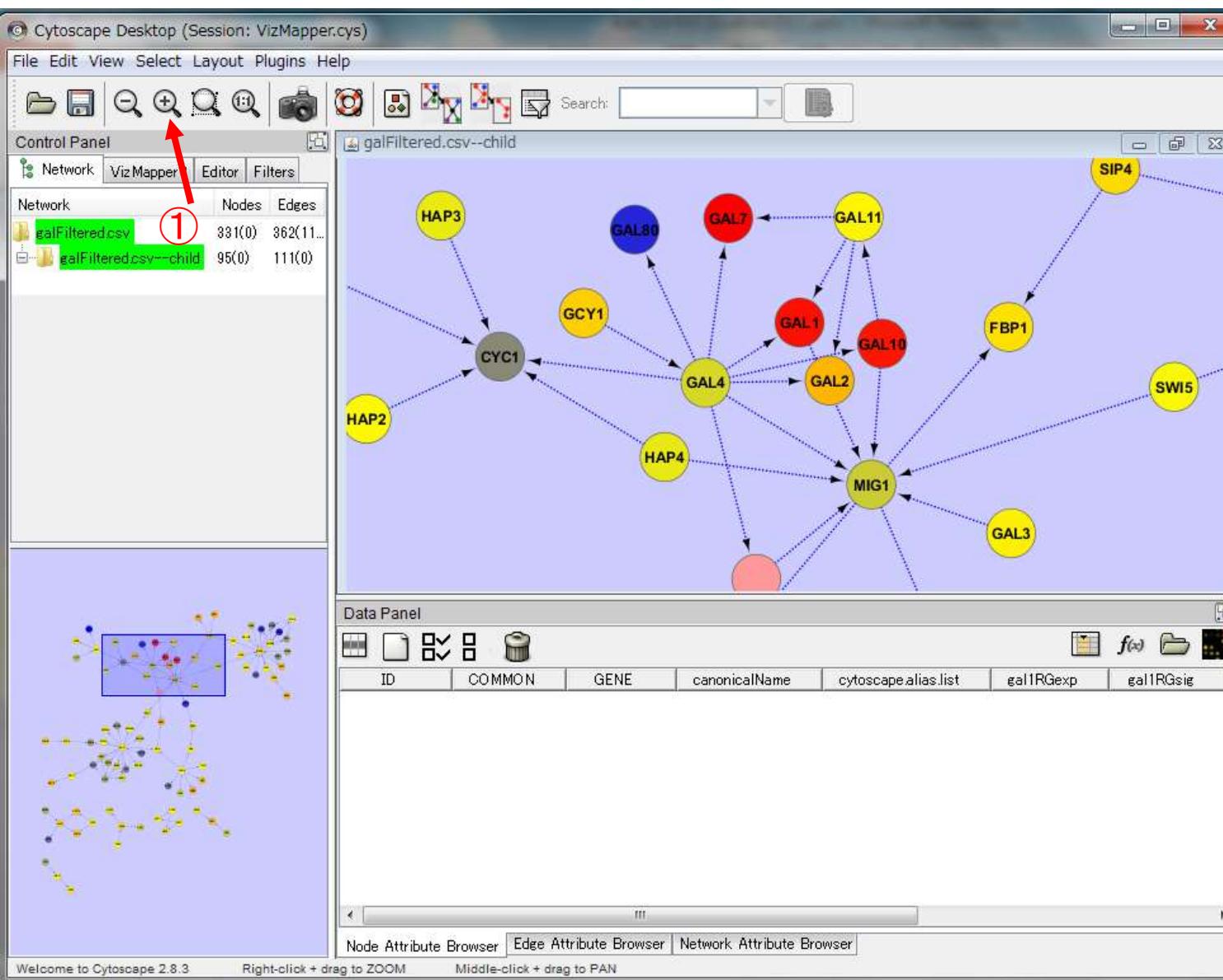
サブパスウェイ(部分パスウェイ)の抽出 2 of 5



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

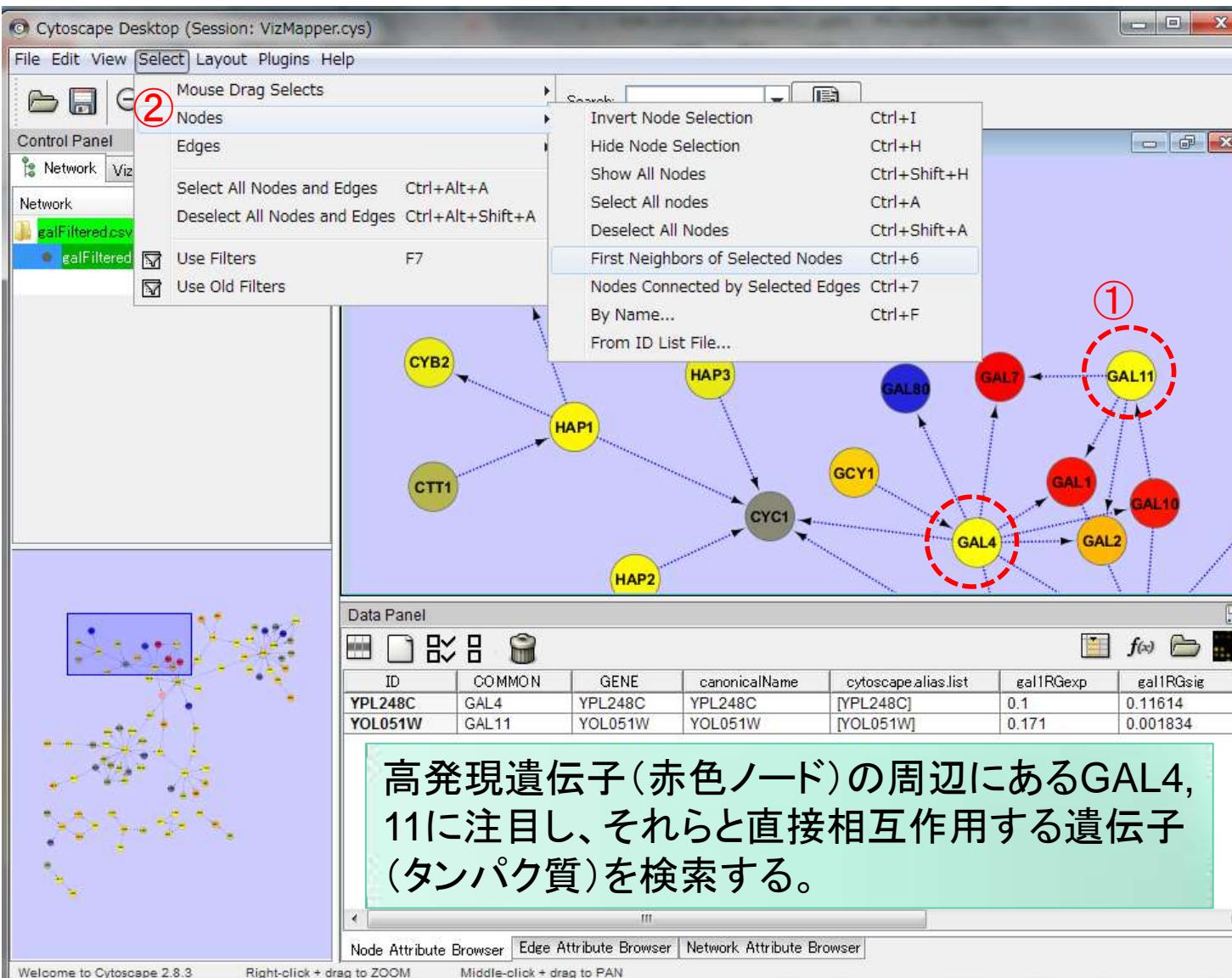
② メニュー 「Layout」、「Cytoscape Layouts」、「Force-Directed Layout」、「(unweighted)」を選択してレイアウト変更

サブパスウェイ(部分パスウェイ)の抽出 3 of 5



①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、赤色のノード(高発現遺伝子、GAL1, GAL7, GAL10)に注目し、その近辺を拡大

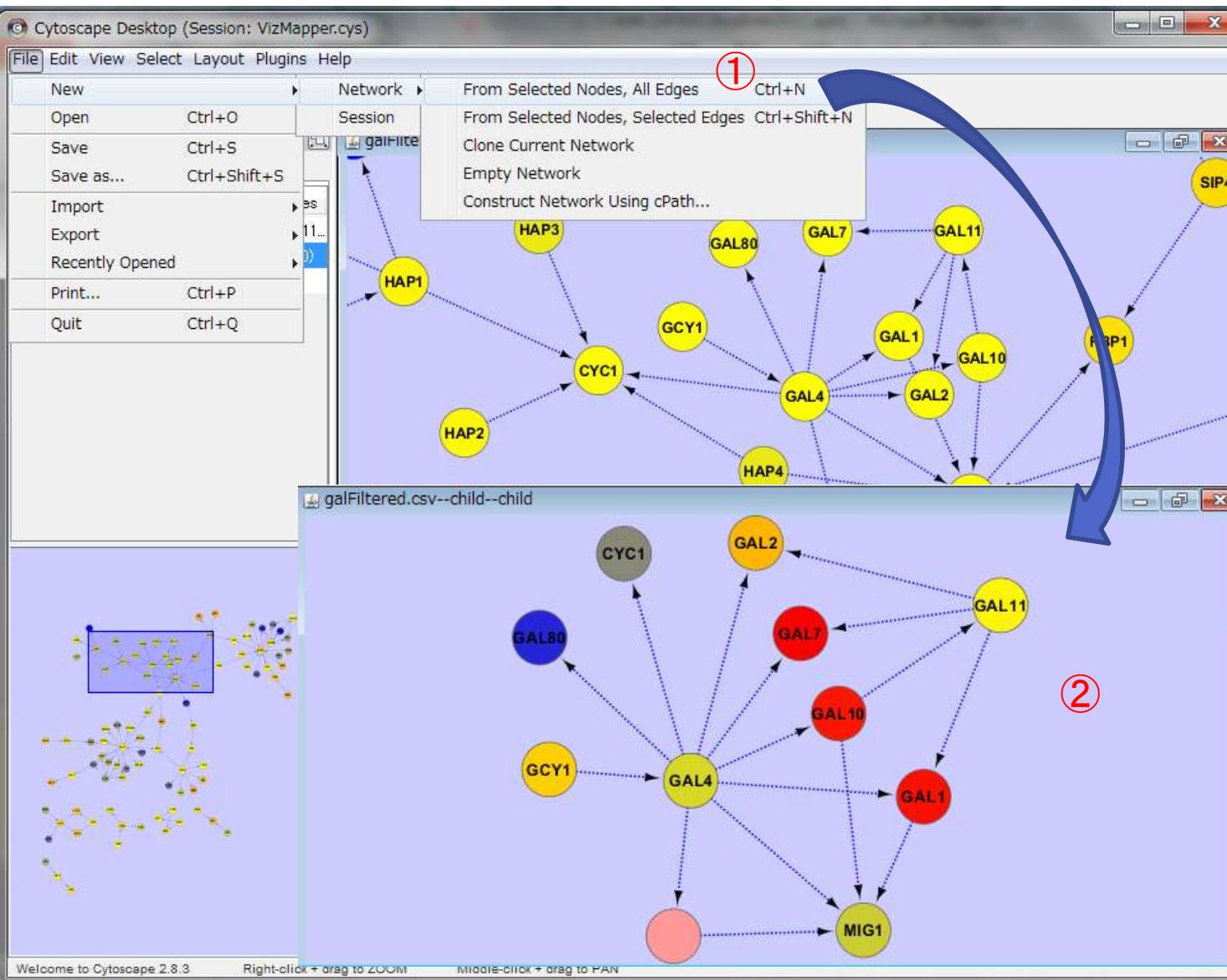
サブパスウェイ(部分パスウェイ)の抽出 4 of 5



①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

②メニュー「Select」、「Nodes」、「First Neighbors of Selected Nodes」を選択

サブパスウェイ(部分パスウェイ)の抽出 5 of 5



①メニュー
「File」、
「New」、
「Network」、
「From
Selected
Nodes, All
Edges」を選
択

②GAL4, 11と
直接相互作用
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、データインポート等の拡張機能は「Manage Plugins」で導入、管理される。

①メニュー
「Plugins」、
「Manage
Plugins」を選択

データインポート

ネットワーク解析

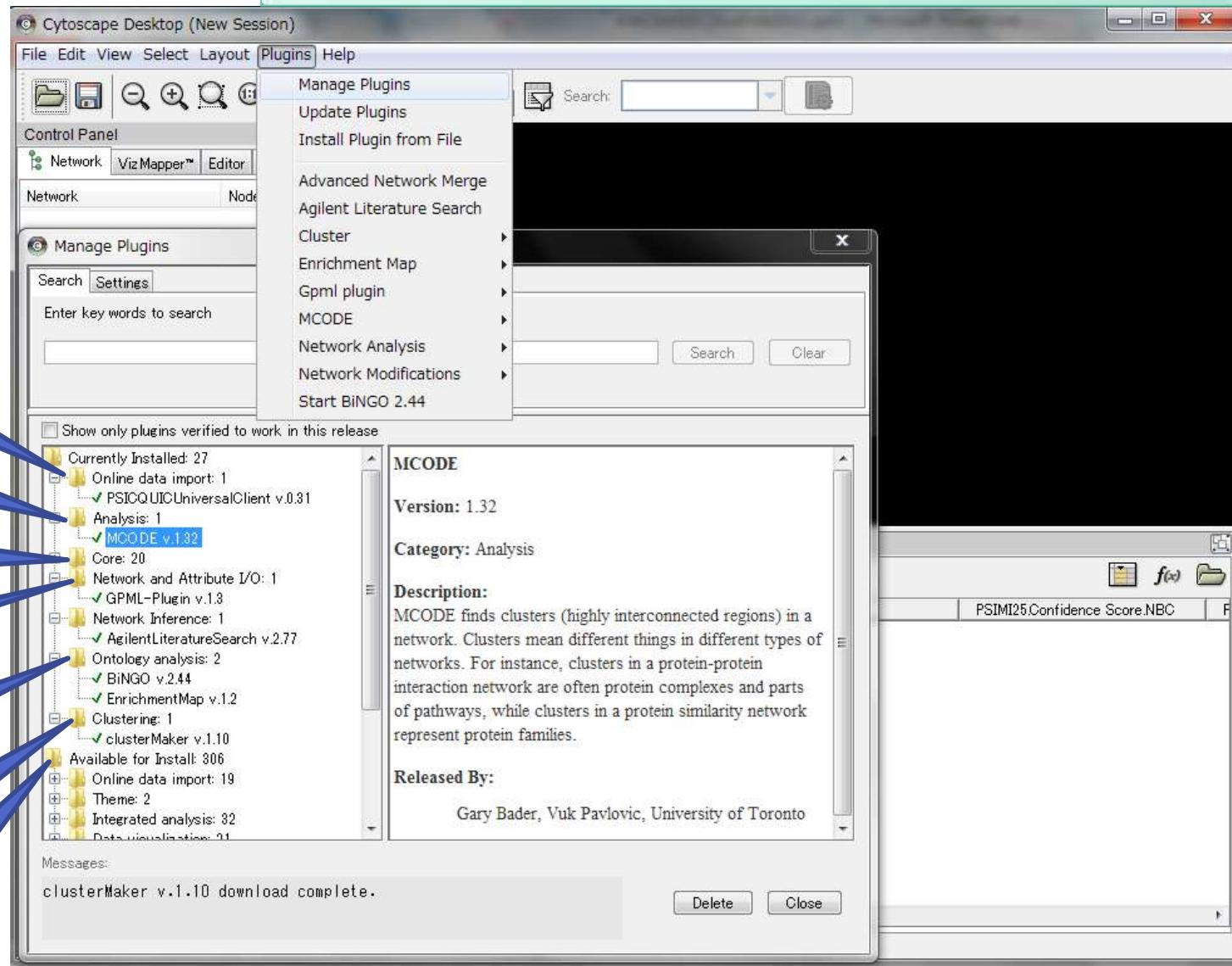
基本プラグイン

パスウェイデータ
取り込み

遺伝子(タンパク
質)機能予測

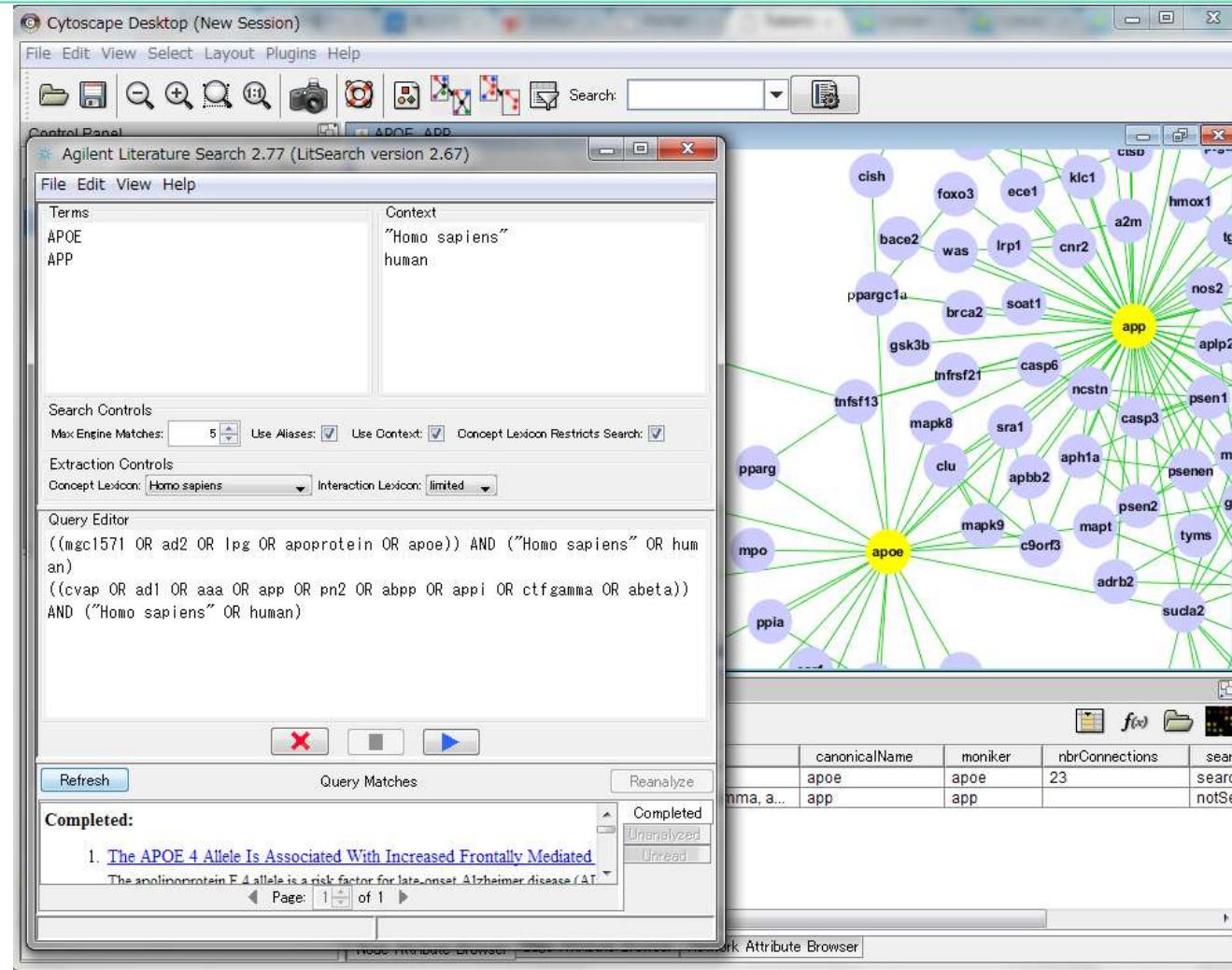
クラスター解析

未導入



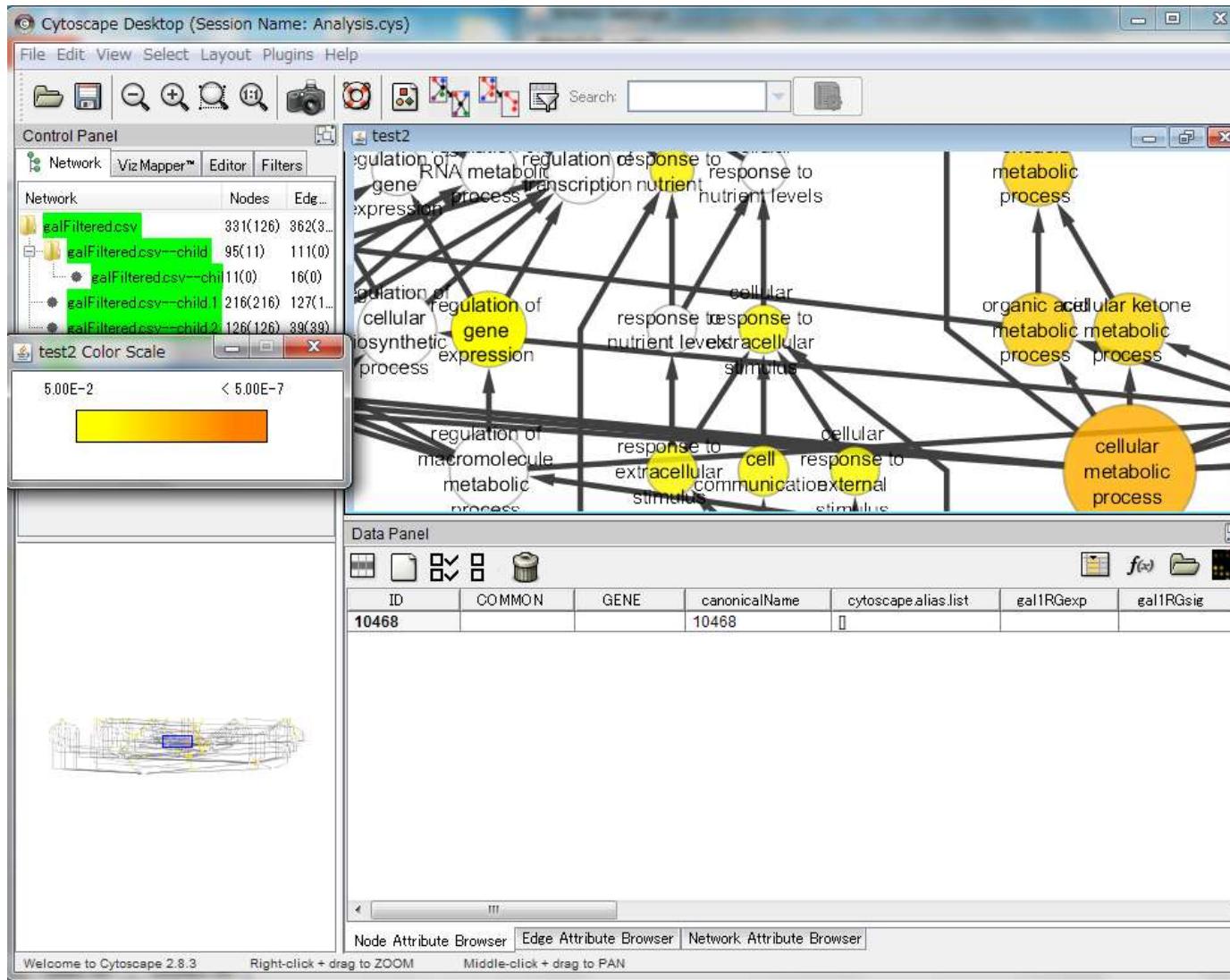
プラグイン例: Agilent Literature Search

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



プラグイン例: BiNGO

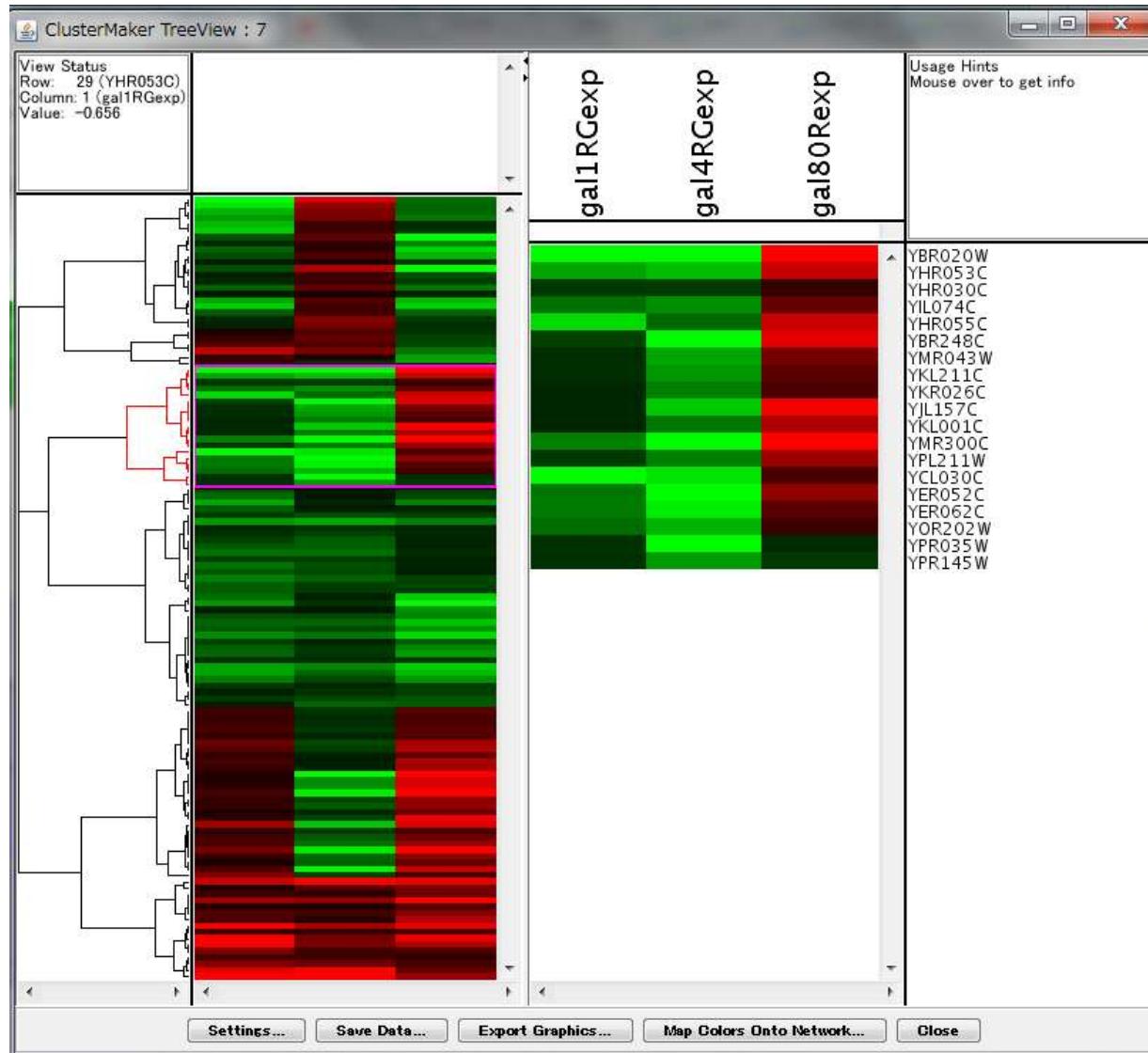
過剰発現遺伝子などを対象に、GeneOntologyを使って機能予測するツール



類似のツール:
Enrichment Map

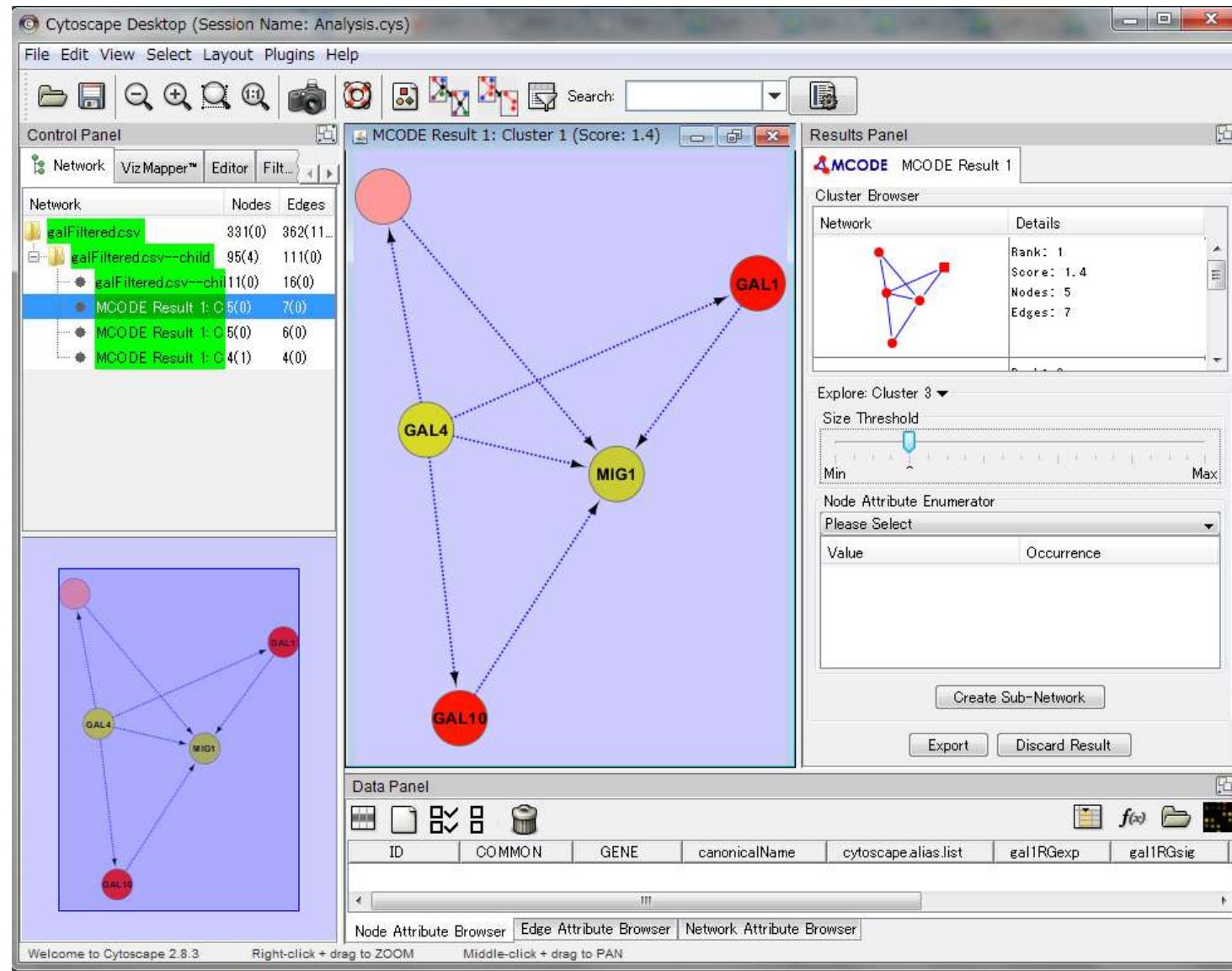
プラグイン例 : clusterMarker

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



プラグイン例: 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



TIPS

知っていると便利なよく使う操作方法

1. あるノードに直接リンクするノードを指定する。
 1. Ctrl + 6
 2. 上記操作を繰り返すことで、数ステップを介してリンクするノードを指定することもできる。
2. 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。
3. 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. メニュー「File」の「New」、「Session」を選択。
4. ネットワークを結合(マージ)する。
 1. メニュー「Plugins」の「Advanced Network Merge」を選択
 2. Operation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 2.x のチュートリアル集
 - <http://opentutorials.cgl.ucsf.edu/index.php/Portal:Cytoscape>
 - チュートリアル1
 - <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～
 - <http://togotv.dbcls.jp/20110603.html>
 - Cytoscape を使い倒す！～応用発展編～
 - <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)

謝辞

- ・本資料を作成するに当たり、Cytoscape開発者の大野圭一朗氏(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。