2016年度「バイオインフォマティクス」講義予定表

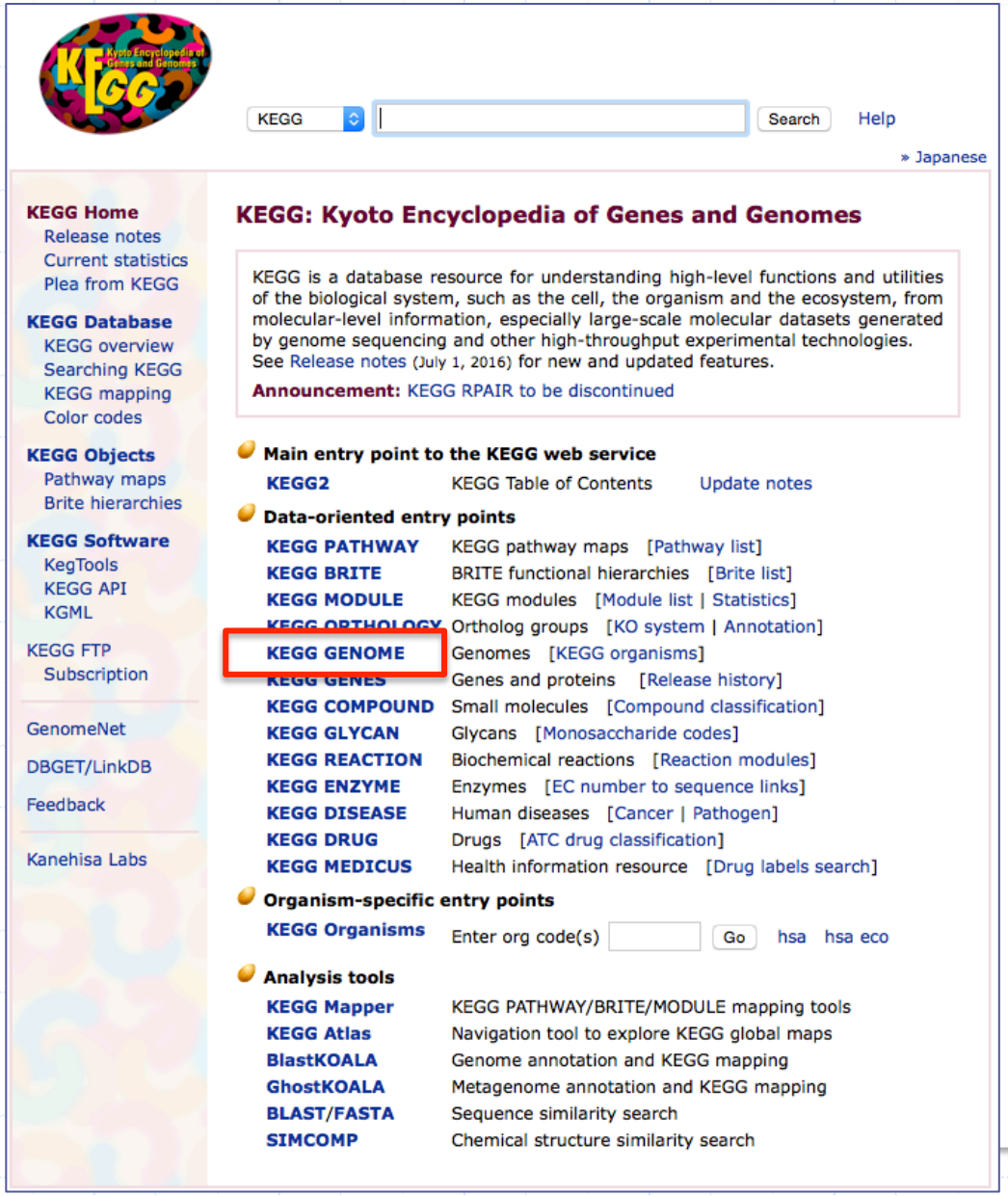
1. 配列アライメント（五斗）
2. データベースサーチ（五斗）
3. 機能・構造予測（五斗）
4. 配列モチーフ・隠れマルコフモデル（五斗）
5. アセンブリとマッピング（Blanc-Mathieu）
6. 分子進化（緒方）
7. 分子系統解析（緒方）
8. 分子系統解析【演習】（Blanc-Mathieu）
9. 遺伝子予測（緒方）
10. 機能アノテーション・比較ゲノム（緒方）
11. 機能アノテーション・比較ゲノム２（緒方）
12. システムズバイオロジー【演習】（五斗）
    - KEGG を用いた比較ゲノム演習
13. メタゲノム解析（緒方）

http://goto.kuicr.kyoto-u.ac.jp/lecture/bioinfo.html

本日の目標

- ゲノムやメタゲノムの遺伝子機能アノテーションから、どのような代謝機能や生理機能があるかを調べることができるようになる。
- 複数のゲノム間やサンプル間での機能の比較ができるようになる。
- KEGG のパスウェイデータベースとその活用法について学んで、実際のデータを適用できるようになる。

本日、使用するデータベース（1）：KEGG

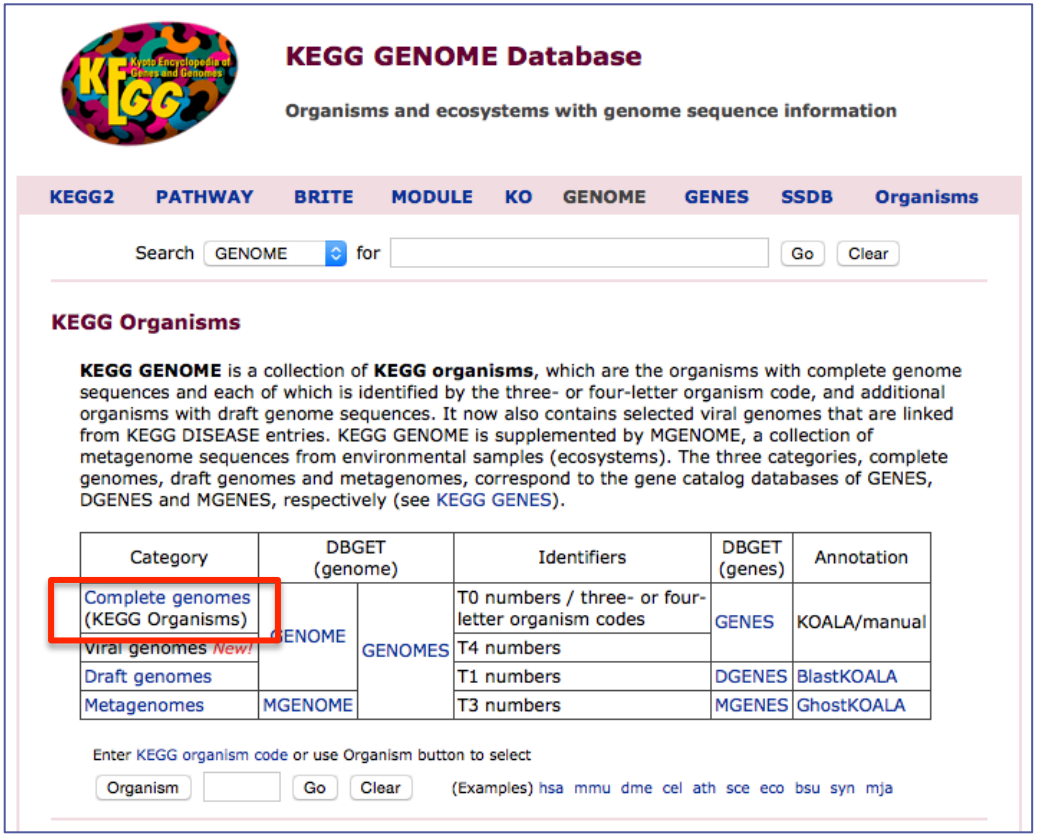


- KEGG
- ゲノムとパスウェイのデータベース
- 遺伝子
  - →オーソログ
    - →パスウェイ
- 遺伝子の機能分類

http://www.kegg.jp/kegg/

http://www.genome.jp/kegg/

本日、使用するデータベース（1）：KEGG



KEGG GENOME Database

Organisms and ecosystems with genome sequence information

KEGG2 PATHWAY BRITE MODULE KO GENOME GENES SSDB Organisms

Search GENOME for Go Clear

KEGG Organisms

KEGG GENOME is a collection of **KEGG organisms**, which are the organisms with complete genome sequences and each of which is identified by the three- or four-letter organism code, and additional organisms with draft genome sequences. It now also contains selected viral genomes that are linked from KEGG DISEASE entries. KEGG GENOME is supplemented by MGENOME, a collection of metagenome sequences from environmental samples (ecosystems). The three categories, complete genomes, draft genomes and metagenomes, correspond to the gene catalog databases of GENES, DGENES and MGENES, respectively (see KEGG GENES).

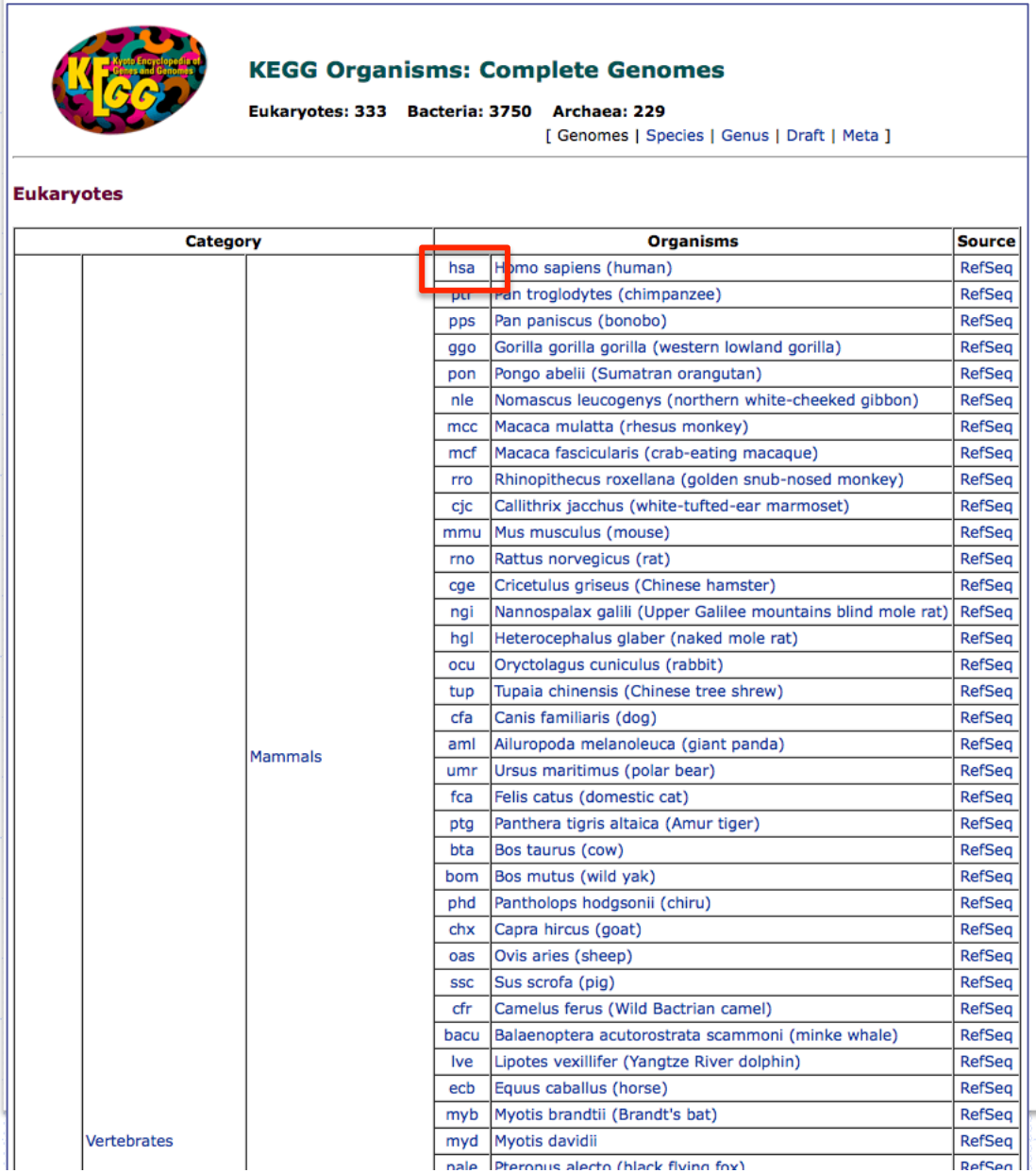
Category	DBGET (genome)		Identifiers	DBGET (genes)	Annotation
Complete genomes (KEGG Organisms)	GENOME	GENOMES	T0 numbers / three- or four-letter organism codes	GENES	KOALA/manual
Viral genomes *New!*			T4 numbers		
Draft genomes			T1 numbers	DGENES	BlastKOALA
Metagenomes	MGENOME		T3 numbers	MGENES	GhostKOALA

Enter KEGG organism code or use Organism button to select

Organism Go Clear (Examples) hsa mmu dme cel ath sce eco bsu syn mja

- Complete genomes
  - 4,000以上のゲノム
- Metagenomes
  - 1,000以上のサンプル
- 遺伝子の機能アノテーションとパスウェイ情報

本日、使用するデータベース（1）：KEGG



KEGG Organisms: Complete Genomes

Eukaryotes: 333 Bacteria: 3750 Archaea: 229

[Genomes | Species | Genus | Draft | Meta]

Eukaryotes

Category			Organisms		Source
			hsa	Homo sapiens (human)	RefSeq
			ptr	Pan troglodytes (chimpanzee)	RefSeq
			pps	Pan paniscus (bonobo)	RefSeq
			ggo	Gorilla gorilla gorilla (western lowland gorilla)	RefSeq
			pon	Pongo abelii (Sumatran orangutan)	RefSeq
			nle	Nomascus leucogenys (northern white-cheeked gibbon)	RefSeq
			mcc	Macaca mulatta (rhesus monkey)	RefSeq
			mcf	Macaca fascicularis (crab-eating macaque)	RefSeq
			rro	Rhinopithecus roxellana (golden snub-nosed monkey)	RefSeq
			cjc	Callithrix jacchus (white-tufted-ear marmoset)	RefSeq
			mmu	Mus musculus (mouse)	RefSeq
			rno	Rattus norvegicus (rat)	RefSeq
			cge	Cricetulus griseus (Chinese hamster)	RefSeq
			ngi	Nannospalax galili (Upper Galilee mountains blind mole rat)	RefSeq
			hgl	Heterocephalus glaber (naked mole rat)	RefSeq
			ocu	Oryctolagus cuniculus (rabbit)	RefSeq
			tup	Tupaia chinensis (Chinese tree shrew)	RefSeq
			cfa	Canis familiaris (dog)	RefSeq
			aml	Ailuropoda melanoleuca (giant panda)	RefSeq
		Mammals	umr	Ursus maritimus (polar bear)	RefSeq
			fca	Felis catus (domestic cat)	RefSeq
			ptg	Panthera tigris altaica (Amur tiger)	RefSeq
			bta	Bos taurus (cow)	RefSeq
			bom	Bos mutus (wild yak)	RefSeq
			phd	Pantholops hodgsonii (chiru)	RefSeq
			chx	Capra hircus (goat)	RefSeq
			oas	Ovis aries (sheep)	RefSeq
			ssc	Sus scrofa (pig)	RefSeq
			cfr	Camelus ferus (Wild Bactrian camel)	RefSeq
			bacu	Balaenoptera acutorostrata scammoni (minke whale)	RefSeq
			lve	Lipotes vexillifer (Yangtze River dolphin)	RefSeq
			ecb	Equus caballus (horse)	RefSeq
			myb	Myotis brandtii (Brandt's bat)	RefSeq
	Vertebrates		myd	Myotis davidii	RefSeq
			pale	Pteropus alecto (black flying fox)	RefSeq

- Complete genomes
  - 4,000以上のゲノム
- 各生物種の名前とコードがリストされている。
- コードをクリックすると生物種の詳細情報に飛ぶ。
- 詳細情報画面から Pathway map へのリンクをたどるとパスウェイのリストが得られる。

本日、使用するデータベース（1）：KEGG

KEGG **Homo sapiens (human)**

Genome info | Pathway map | Brite hierarchy | Module | Genome map | Blast | Taxonomy

Search genes: Go Clear　　KEGG Mapper: Search Pathway / Search&Color Pathway

KEGG pathway maps

Metabolism

Global and overview maps
- 01100 Metabolic pathways
- 01200 Carbon metabolism
- 01210 2-Oxocarboxylic acid metabolism
- 01212 Fatty acid metabolism
- 01230 Biosynthesis of amino acids

Carbohydrate metabolism
- 00010 Glycolysis / Gluconeogenesis
- 00020 Citrate cycle (TCA cycle)
- 00030 Pentose phosphate pathway
- 00040 Pentose and glucuronate interconversions
- 00051 Fructose and mannose metabolism
- 00052 Galactose metabolism
- 00053 Ascorbate and aldarate metabolism
- 00500 Starch and sucrose metabolism
- 00520 Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
- 00620 Pyruvate metabolism
- 00630 Glyoxylate and dicarboxylate metabolism
- 00640 Propanoate metabolism
- 00650 Butanoate metabolism
- 00562 Inositol phosphate metabolism

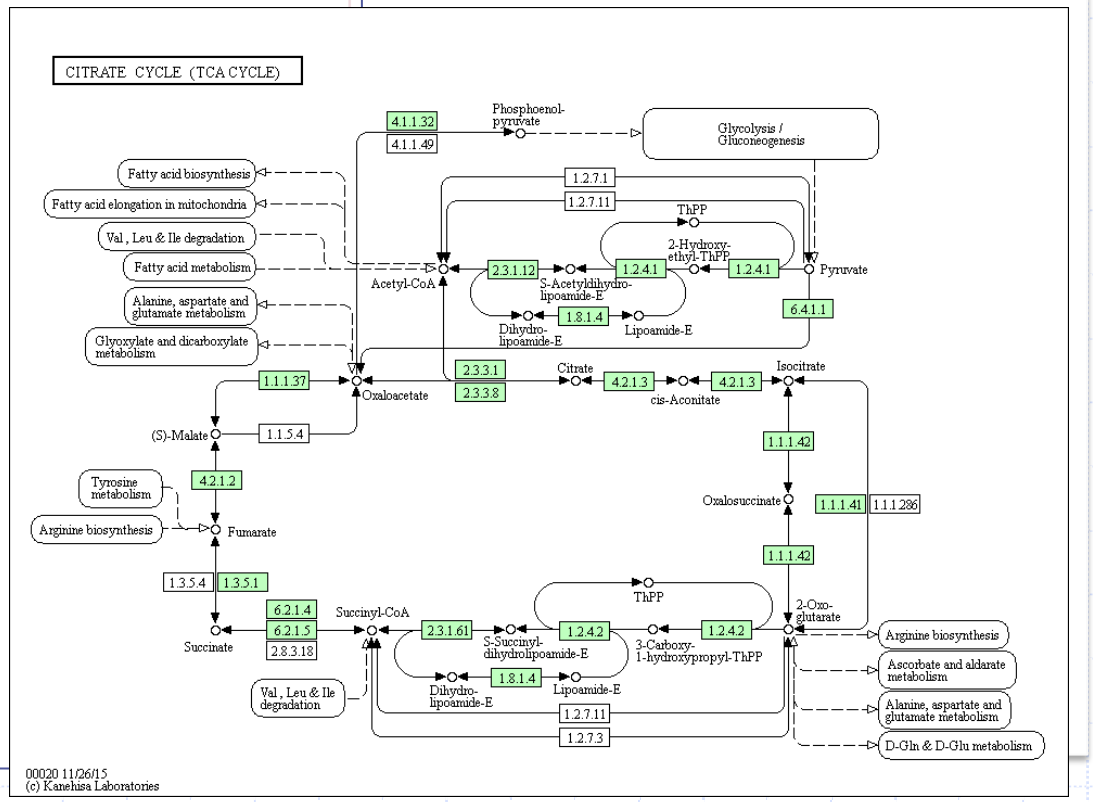
Energy metabolism
- 00190 Oxidative phosphorylation
- 00910 Nitrogen metabolism
- 00920 Sulfur metabolism

Lipid metabolism
- 00061 Fatty acid biosynthesis
- 00062 Fatty acid elongation
- 00071 Fatty acid degradation
- 00072 Synthesis and degradation of ketone bodies
- 00100 Steroid biosynthesis
- 00120 Primary bile acid biosynthesis
- 00140 Steroid hormone biosynthesis
- 00561 Glycerolipid metabolism
- 00564 Glycerophospholipid metabolism
- 00565 Ether lipid metabolism
- 00600 Sphingolipid metabolism
- 00590 Arachidonic acid metabolism
- 00591 Linoleic acid metabolism
- 00592 alpha-Linolenic acid metabolism
- 01040 Biosynthesis of unsaturated fatty acids

Nucleotide metabolism
- 00230 Purine metabolism
- 00240 Pyrimidine metabolism

Amino acid metabolism
- 00250 Alanine, aspartate and glutamate metabolism
- 00260 Glycine, serine and threonine metabolism

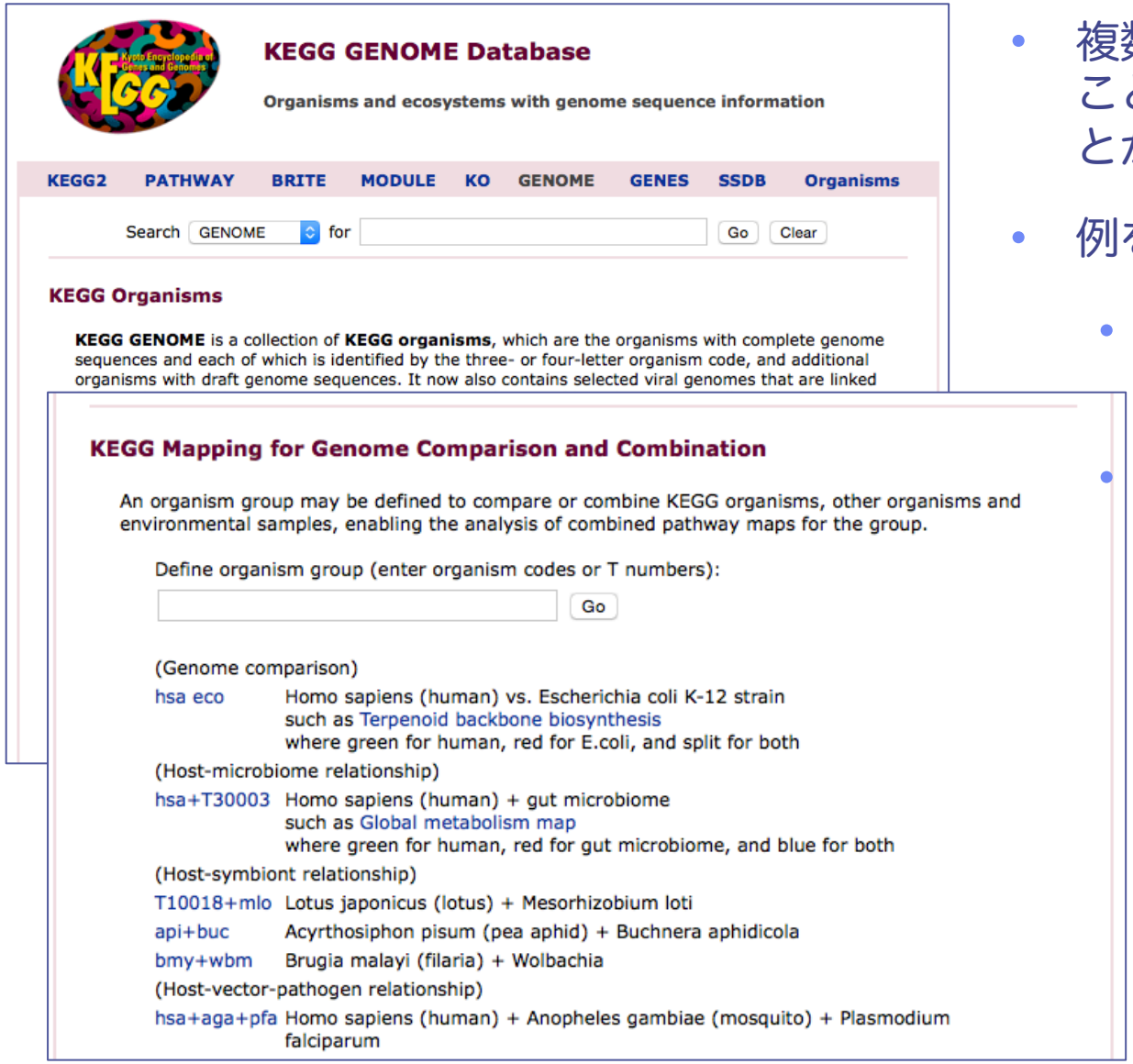
- Pathway maps
  - 約200のマップ
- リファレンスに対して色付けすることで生物種毎に再構築。



アノテーションの比較

- KEGG GENOME database から
  - http://www.genome.jp/kegg/genome.html
  - KEGG Mapping for Genome Comparison and Combination で KEGG でアノテーションされたゲノムを選ぶ。
- サンプルは KEGG Metagenomes で調べることができる。
  - http://www.genome.jp/kegg/catalog/org_list3.html
  - MGENES データベースの Metagenomes のリンクをたどっても行けます。
  - 各サンプルから得られた遺伝子配列に対して機能アノテーションをした結果を見ることができる。

アノテーションの比較



KEGG GENOME Database

Organisms and ecosystems with genome sequence information

KEGG2 PATHWAY BRITE MODULE KO GENOME GENES SSDB Organisms

Search GENOME for Go Clear

KEGG Organisms

KEGG GENOME is a collection of **KEGG organisms**, which are the organisms with complete genome sequences and each of which is identified by the three- or four-letter organism code, and additional organisms with draft genome sequences. It now also contains selected viral genomes that are linked

KEGG Mapping for Genome Comparison and Combination

An organism group may be defined to compare or combine KEGG organisms, other organisms and environmental samples, enabling the analysis of combined pathway maps for the group.

Define organism group (enter organism codes or T numbers):

Go

(Genome comparison)

hsa eco Homo sapiens (human) vs. Escherichia coli K-12 strain
such as Terpenoid backbone biosynthesis
where green for human, red for E.coli, and split for both

(Host-microbiome relationship)

hsa+T30003 Homo sapiens (human) + gut microbiome
such as Global metabolism map
where green for human, red for gut microbiome, and blue for both

(Host-symbiont relationship)

T10018+mlo Lotus japonicus (lotus) + Mesorhizobium loti

api+buc Acyrthosiphon pisum (pea aphid) + Buchnera aphidicola

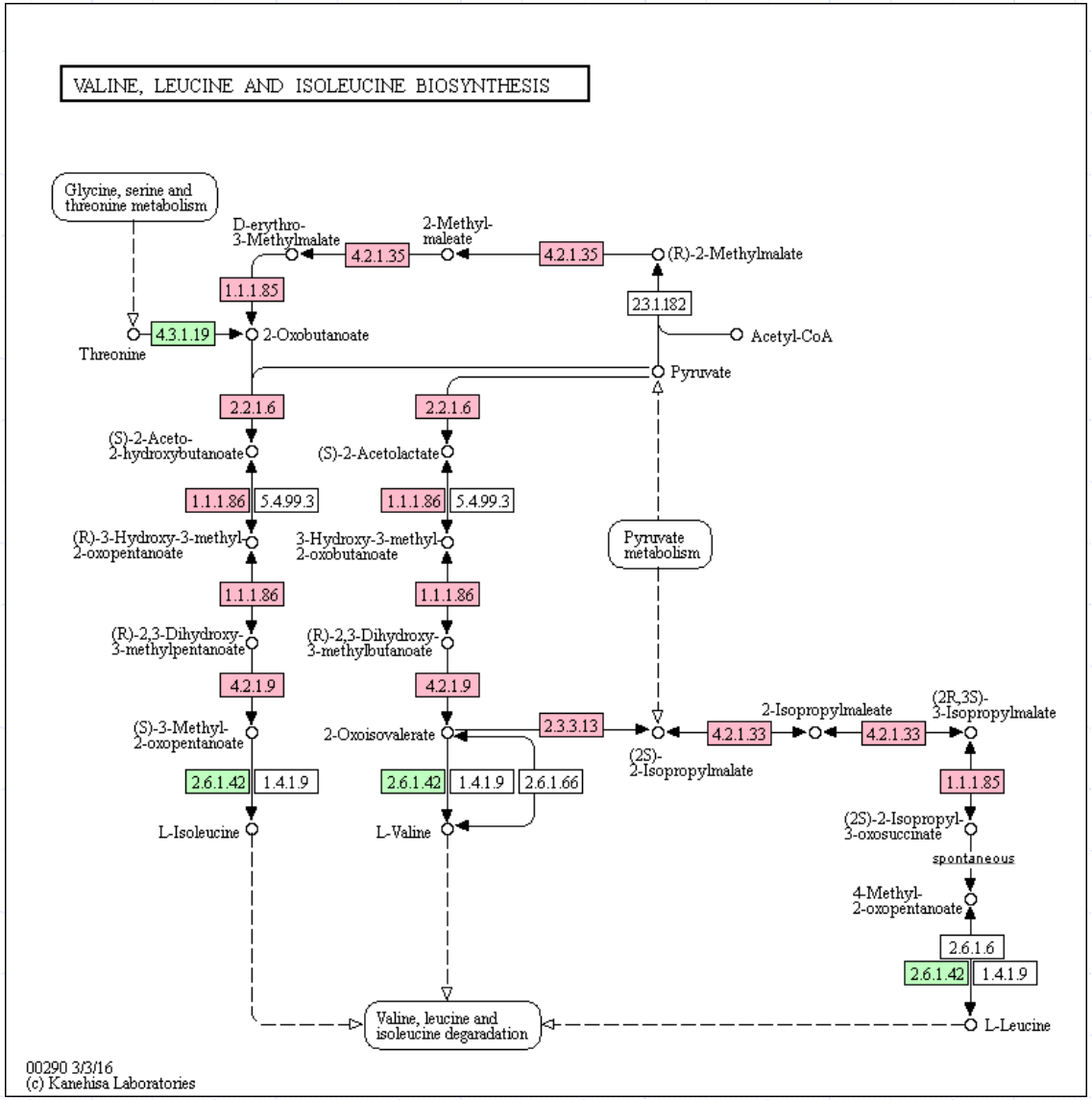
bmy+wbm Brugia malayi (filaria) + Wolbachia

(Host-vector-pathogen relationship)

hsa+aga+pfa Homo sapiens (human) + Anopheles gambiae (mosquito) + Plasmodium falciparum

- 複数の生物種を指定することによって比較することができる。
- 例を使って見てみよう。
  - api+buc のアミノ酸合成系
  - やり方は p.17～24 も参照

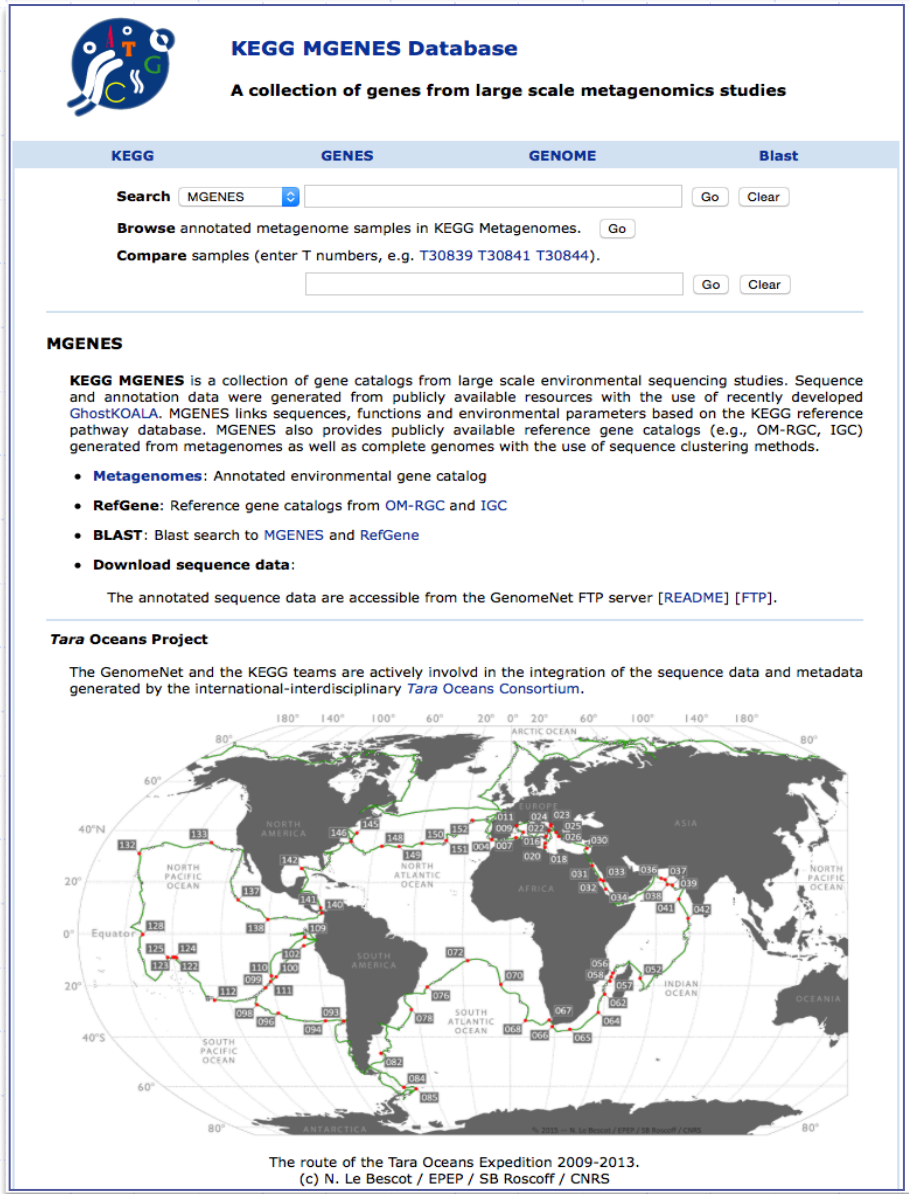
複数生物種の情報を PATHWAY にマッピング



- 共生関係
- 寄生関係
- ヒトと腸内細菌叢など

- アブラムシ
  - 昆虫
- ブフネラ
  - アブラムシの共生細菌

本日、使用するデータベース（2）：MGENES

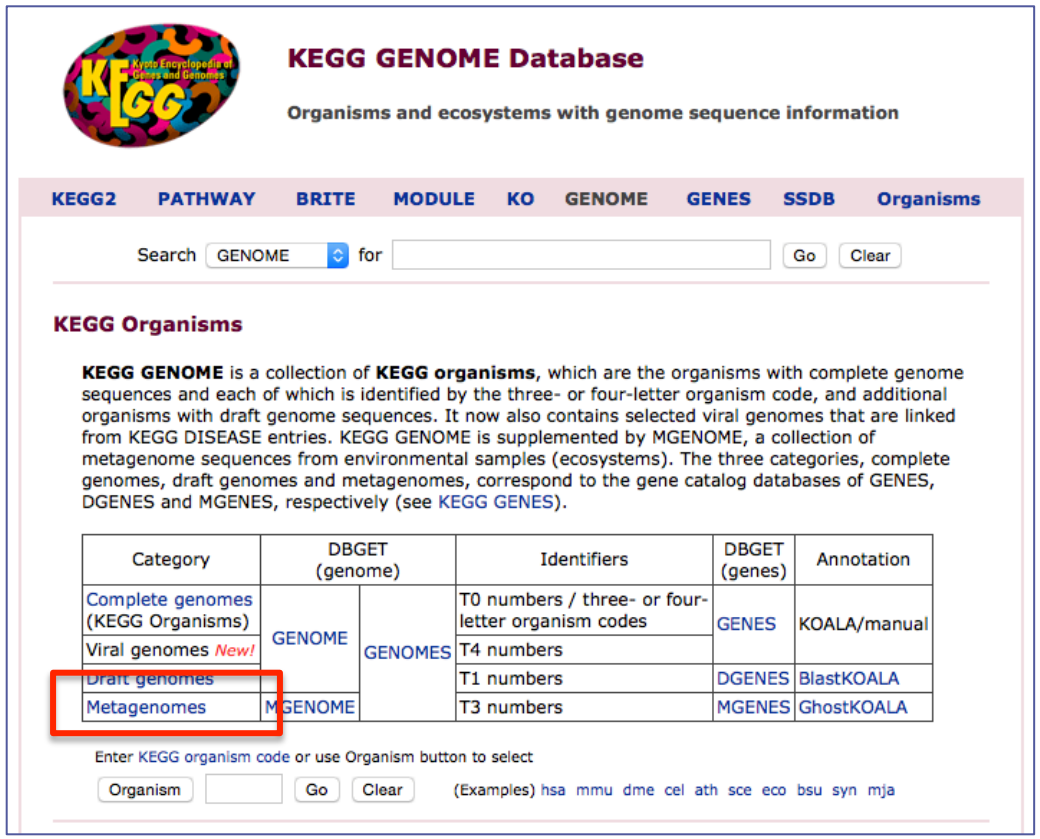


The route of the Tara Oceans Expedition 2009-2013.
(c) N. Le Bescot / EPEP / SB Roscoff / CNRS

- メタゲノムのコレクション
- サンプルごとにアノテーションとパスウェイ再構築

http://www.genome.jp/mgenes/

本日、使用するデータベース（2）：MGENES



KEGG GENOME Database

Organisms and ecosystems with genome sequence information

KEGG2 PATHWAY BRITE MODULE KO GENOME GENES SSDB Organisms

Search GENOME for Go Clear

KEGG Organisms

KEGG GENOME is a collection of **KEGG organisms**, which are the organisms with complete genome sequences and each of which is identified by the three- or four-letter organism code, and additional organisms with draft genome sequences. It now also contains selected viral genomes that are linked from KEGG DISEASE entries. KEGG GENOME is supplemented by MGENOME, a collection of metagenome sequences from environmental samples (ecosystems). The three categories, complete genomes, draft genomes and metagenomes, correspond to the gene catalog databases of GENES, DGENES and MGENES, respectively (see KEGG GENES).

Category	DBGET (genome)		Identifiers	DBGET (genes)	Annotation
Complete genomes (KEGG Organisms)	GENOME	GENOMES	T0 numbers / three- or four-letter organism codes	GENES	KOALA/manual
Viral genomes *New!*			T4 numbers		
Draft genomes			T1 numbers	DGENES	BlastKOALA
Metagenomes	MGENOME		T3 numbers	MGENES	GhostKOALA

Enter KEGG organism code or use Organism button to select

Organism Go Clear (Examples) hsa mmu dme cel ath sce eco bsu syn mja

- Complete genomes
  - 4,000以上のゲノム
- Metagenomes
  - 1,000以上のサンプル
- 遺伝子の機能アノテーションとパスウェイ情報

KEGG Metagenomes

Environmental: 327 (Tara: 243, GOS: 80, Others: 4)
Organismal: 712 (Oral: 374, Airwary: 30, Gut: 276, Urogenital: 7, Skin: 25)

[Genomes | Species | Draft | ESTs | Meta]

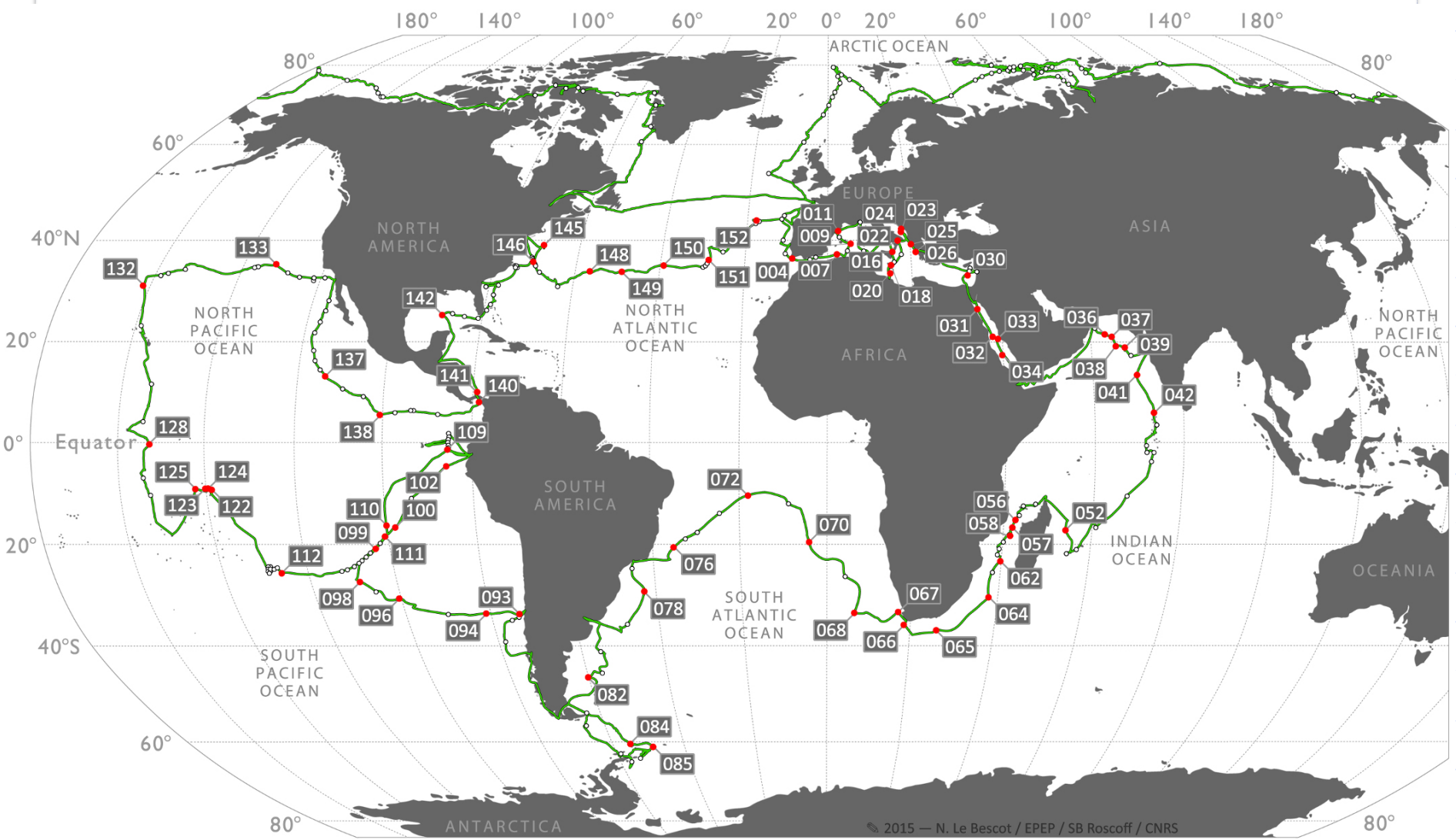
Environmental samples

Category	Project		Source
Tara	T30798	4_DCM_0d2-1d6 Tara Oceans sample - 4_DCM_0d2-1d6	Tara Oceans
	T30799	4_SRF_0d2-1d6 Tara Oceans sample - 4_SRF_0d2-1d6	Tara Oceans
			Tara Oceans
			Tara Oceans
	T30802	9_DCM_0d2-1d6 Tara Oceans sample - 9_DCM_0d2-1d6	Tara Oceans
	T30803	9	
	T30804	1	
	T30805	1	
	T30806	1	
	T30807	1	
	T30808	2	
	T30809	2	
	T30810	2	
	T30811	2	

SampleSiteNo_SampleSiteDepth_FilterSize

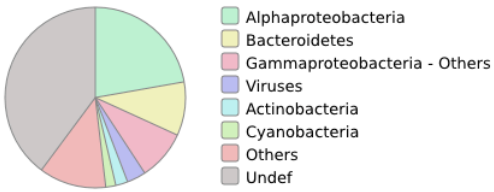
SampleSiteNo: 4~156, 69 サイト
SampleSiteDepth: SRF < DCM < MES
FilterSize: フィルター孔のサイズ
0~0d2: 0~0.22μm, ウイルス（ファージ）
0d2~1d6: 0.22~1.6μm, バクテリア、巨大ウイルス
0d8~3: 0.8~3μm, バクテリア、単細胞真核

サンプル地点



The route of the Tara Oceans Expedition 2009-2013.
(c) N. Le Bescot / EPEP / SB Roscoff / CNRS

T number	T30798
Org code	T30798
Aliases	4_DCM_0d2-1d6
Full name	T30798
Definition	Tara Oceans sample - 4_DCM_0d2-1d6
Annotation	GhostKOALA
Comment	"Station"="4_DCM" "Station.number"="4" "Depth.label"="DCM" "Filter.size"="0d2-1d6" "Region"="NAO" "Mean_Date"="9/15/09 16:45" "Mean_Lat"="36.573" "Mean_Long"="-6.538667" "Mean_Pressure_Digiquartz [db]"="45" "Mean_Depth [salt water, m]"="38.689029" "Mean_Temperature [ITS-90, deg C]"="16.246331" "Mean_Salinity [PSU]"="36.556443" "Mean_Oxygen, adjusted [umol/Kg]"="NA" "Mean_Nitrates, adjusted [umol/L]"="NA" "Mean_Chloro HPLC adjusted [mg Chl/m3]"="0.880307" "Mean_Angular scattering coef, at 117, 470 nm, adj in situ dark [m-1 Sr-1]"="NA" "Mean_bbp470, adj in situ dark [m-1]"="NA" "Mean_Fcdom, factory [ppb QSE]"="NA" "Mean_beam attenuation coef, 660 nm, adjusted deep zero [m-1]"="NA" "Mean_Flux_150m"="NA" "Mean Depth MLD Sigma (m)"="3.5" "Mean Depth Max Fluo (m)"="38" "Mean Depth Max N2 (m)"="17.5" "Mean Depth Max O2 (m)"="NA" "Mean Depth Min O2 (m)"="NA" "Mean Depth Nitracline (m)"="NA" "FLAG SEASON 1-4 (Spring-Summer-Autumn-Winter)"="2" "SEASON PART 1-3 (early middle late)"="3" "NO2 [umol/L]"="NA" "PO4 [umol/L]"="NA" "NO2NO3 [umol/L]"="NA" "SI [umol/L]"="NA" "Okubo-Weiss"="0.007355" "Lyapunov_exp."="0.023383" "grad_SST_adv"="NA" "retention"="0" "AMODIS:CDOM"="1.15753" "AMODIS:PAR8d,Einsteins/m-2/d-1"="37.643" "AMODIS:PARm,Einsteins/m-2/d-1"="35.829" "NPP_8d_(VGPM)_[mgC/m2/day]"="-4406.835" "NPP_month_(VGPM)_[mgC/m2/day]"="-4330.89" "total.hetero"="1226212.235" "total.auto"="56383.4666" "total.bacteria"="1282595.701" "total.pico.euk"="6889.938377"
Data source	Tara
Original DB	Tara
Other DBs	EBI-ENA: ERR598950 ERR599095 PANGAEA: TARA_X000000368
Statistics	Number of nucleotides: 400933560 Number of protein genes: 725424 Phylum distribution:



- メタゲノムのコレクションで T 番号をクリックした結果
- サンプルごとのアノテーションとパスウェイ再構築
  - 環境因子の情報
  - サンプルから得られた遺伝子（タンパク質をコードする）
  - 遺伝子のアノテーションに基づく生物種の分布

演習課題

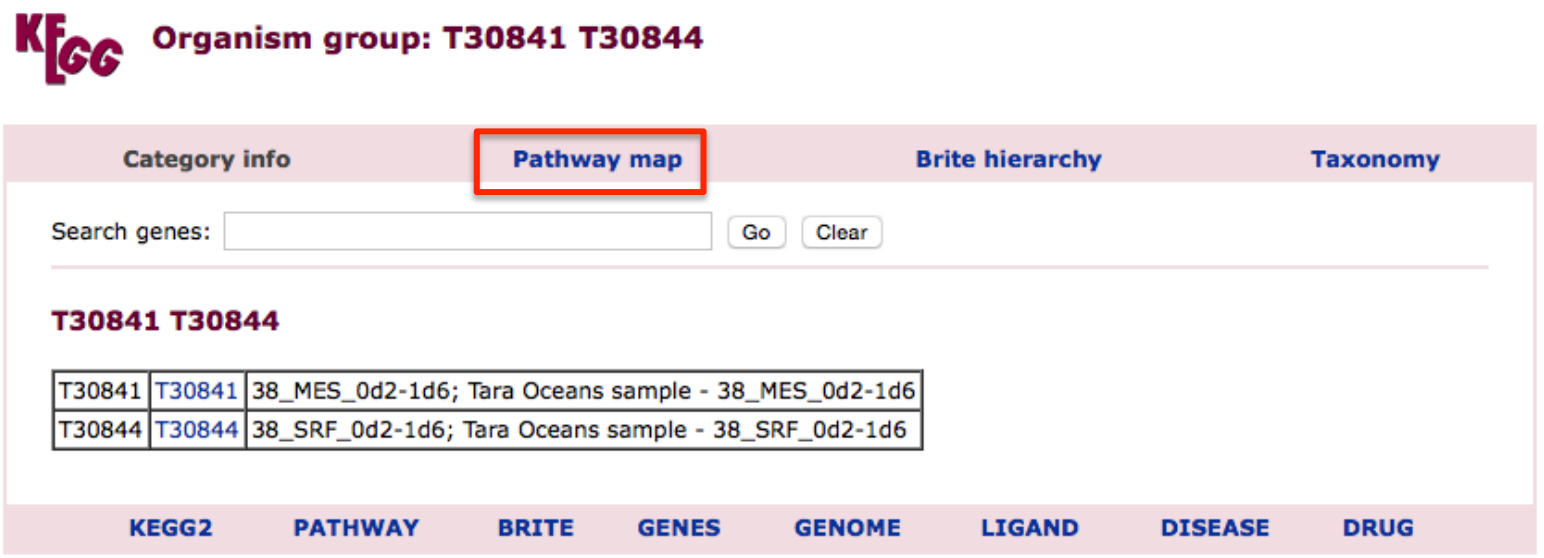
- 海洋サンプル（*Tara* Oceans Project）から得られたメタゲノムの機能アノテーション結果を使って、サンプル間にどのような違いがあるかを調べてみよう。
- ２つ以上の海洋サンプルデータ（ゲノムでもよい）を選び、KEGG パスウェイの階層分類を比較しなさい。その中で異なる機能をリストアップし、異なる理由を考察しなさい。
- サンプルには地点の違いや深さの違いなど多くの環境因子が付随しています。例えば深さであれば、
  - SRF (Surface)：表層
  - DCM (Deep Chlorophyll Maximum)：数10m
  - MES (Mesopelagic)：数100m

アノテーションの比較

- 複数のメタゲノムサンプルを指定するとサンプル間の比較ができる。

ここに比較したいゲノムやサンプルの
T番号を入れて Go!

アノテーションの比較


KEGG
Organism group: T30841 T30844
Category info
Pathway map
Brite hierarchy
Taxonomy
Search genes:
Go
Clear
T30841 T30844
T30841 T30841 38_MES_0d2-1d6; Tara Oceans sample - 38_MES_0d2-1d6
T30844 T30844 38_SRF_0d2-1d6; Tara Oceans sample - 38_SRF_0d2-1d6
KEGG2 PATHWAY BRITE GENES GENOME LIGAND DISEASE DRUG

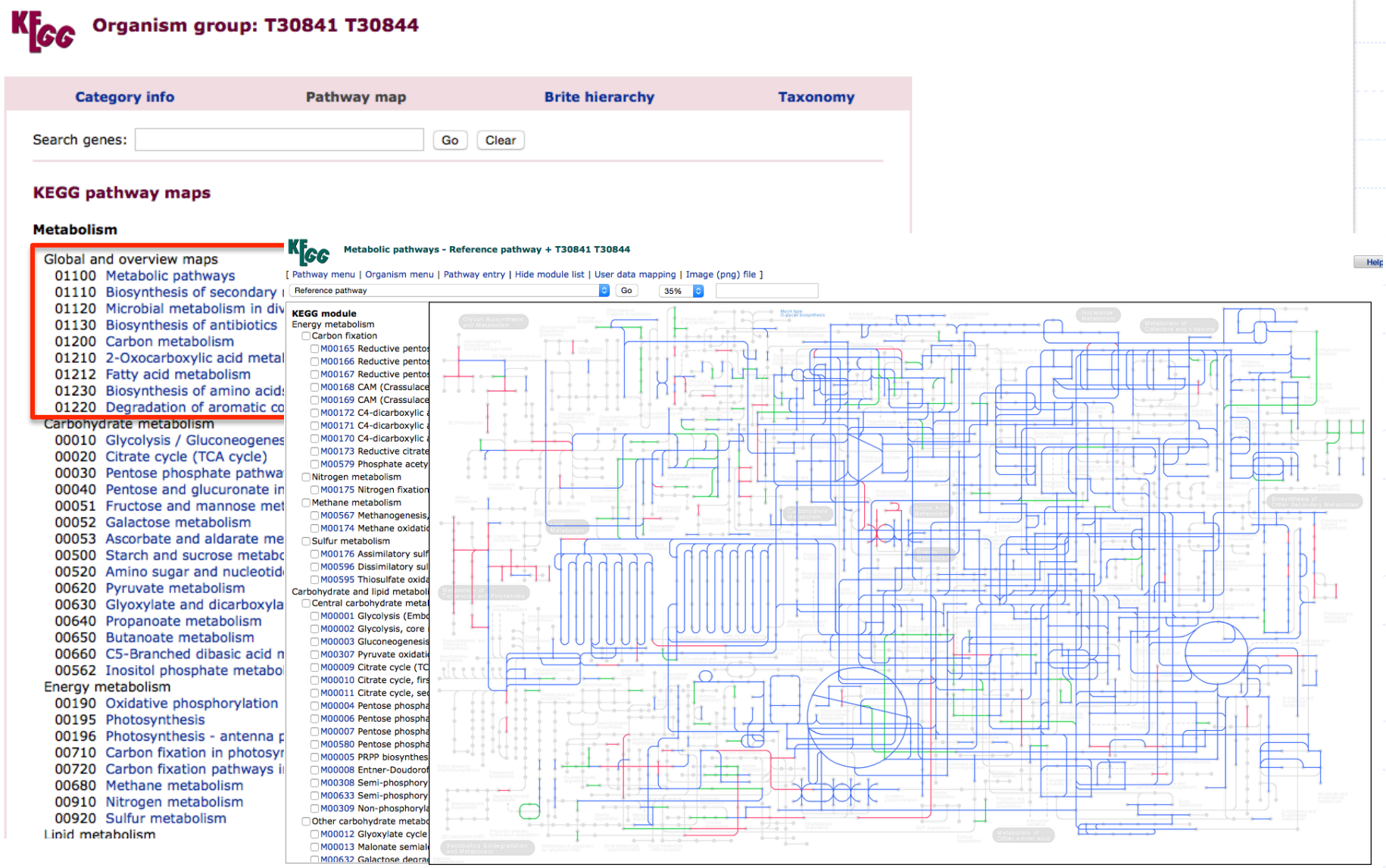
Pathway map

グローバルマップ
生物種1：緑、生物種2：赤、共通：青
*3生物種以上は未サポート

個別マップ
生物種1：薄緑、生物種2：薄赤、、、、
*10生物種までサポート

ここでは生物種とサンプルはどちらも
遺伝子の集合と考えて下さい。

Pathway map


Organism group: T30841 T30844
Category info
Pathway map
Brite hierarchy
Taxonomy
Search genes:
Go
Clear
KEGG pathway maps
Metabolism
Global and overview maps
01100 Metabolic pathways
01110 Biosynthesis of secondary
01120 Microbial metabolism in div
01130 Biosynthesis of antibiotics
01200 Carbon metabolism
01210 2-Oxocarboxylic acid metal
01212 Fatty acid metabolism
01230 Biosynthesis of amino acid
01220 Degradation of aromatic co
Carbohydrate metabolism
00010 Glycolysis / Gluconeogenes
00020 Citrate cycle (TCA cycle)
00030 Pentose phosphate pathwa
00040 Pentose and glucuronate in
00051 Fructose and mannose met
00052 Galactose metabolism
00053 Ascorbate and aldarate me
00500 Starch and sucrose metabo
00520 Amino sugar and nucleotid
00620 Pyruvate metabolism
00630 Glyoxylate and dicarboxyla
00640 Propanoate metabolism
00650 Butanoate metabolism
00660 C5-Branched dibasic acid n
00562 Inositol phosphate metabo
Energy metabolism
00190 Oxidative phosphorylation
00195 Photosynthesis
00196 Photosynthesis - antenna p
00710 Carbon fixation in photosyr
00720 Carbon fixation pathways i
00680 Methane metabolism
00910 Nitrogen metabolism
00920 Sulfur metabolism
Lipid metabolism
Metabolic pathways - Reference pathway + T30841 T30844
[Pathway menu | Organism menu | Pathway entry | Hide module list | User data mapping | Image (png) file]
Reference pathway
Go
35%
KEGG module
Energy metabolism
Carbon fixation
M00165 Reductive pentos
M00166 Reductive pentos
M00167 Reductive pentos
M00168 CAM (Crassulace
M00169 CAM (Crassulace
M00172 C4-dicarboxylic
M00171 C4-dicarboxylic
M00170 C4-dicarboxylic
M00173 Reductive citrate
M00579 Phosphate acety
Nitrogen metabolism
M00175 Nitrogen fixation
Methane metabolism
M00567 Methanogenesis,
M00174 Methane oxidati
Sulfur metabolism
M00176 Assimilatory sulf
M00596 Dissimilatory sul
M00595 Thiosulfate oxida
Carbohydrate and lipid metaboli
Central carbohydrate metal
M00001 Glycolysis (Embd
M00002 Glycolysis, core
M00003 Gluconeogenesis
M00307 Pyruvate oxidati
M00009 Citrate cycle (TC
M00010 Citrate cycle, firs
M00011 Citrate cycle, sec
M00004 Pentose phospha
M00006 Pentose phospha
M00007 Pentose phospha
M00580 Pentose phospha
M00005 PRPP biosynthes
M00008 Entner-Doudorof
M00308 Semi-phosphory
M00633 Semi-phosphory
M00309 Non-phosphoryla
Other carbohydrate metabo
M00012 Glyoxylate cycle
M00013 Malonate semiald
M00632 Galactose degrad

Pathway map

KEGG **Organism group: T30841 T30844**

Category info | Pathway map | Brite hierar

Search genes: Go Clear

KEGG pathway maps

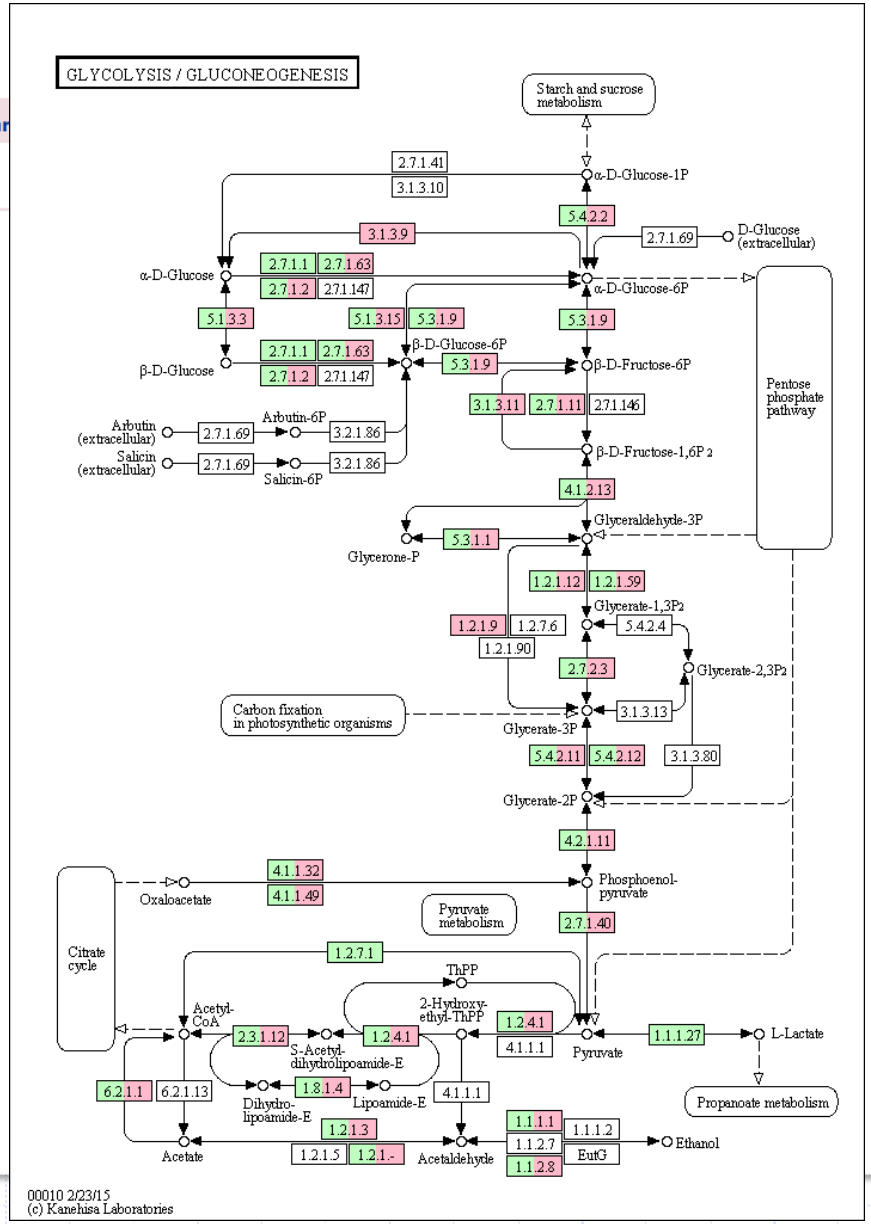
Metabolism

Global and overview maps
- 01100 Metabolic pathways
- 01110 Biosynthesis of secondary metabolites
- 01120 Microbial metabolism in diverse environments
- 01130 Biosynthesis of antibiotics
- 01200 Carbon metabolism
- 01210 2-Oxocarboxylic acid metabolism
- 01212 Fatty acid metabolism
- 01230 Biosynthesis of amino acids
- 01220 Degradation of aromatic compounds

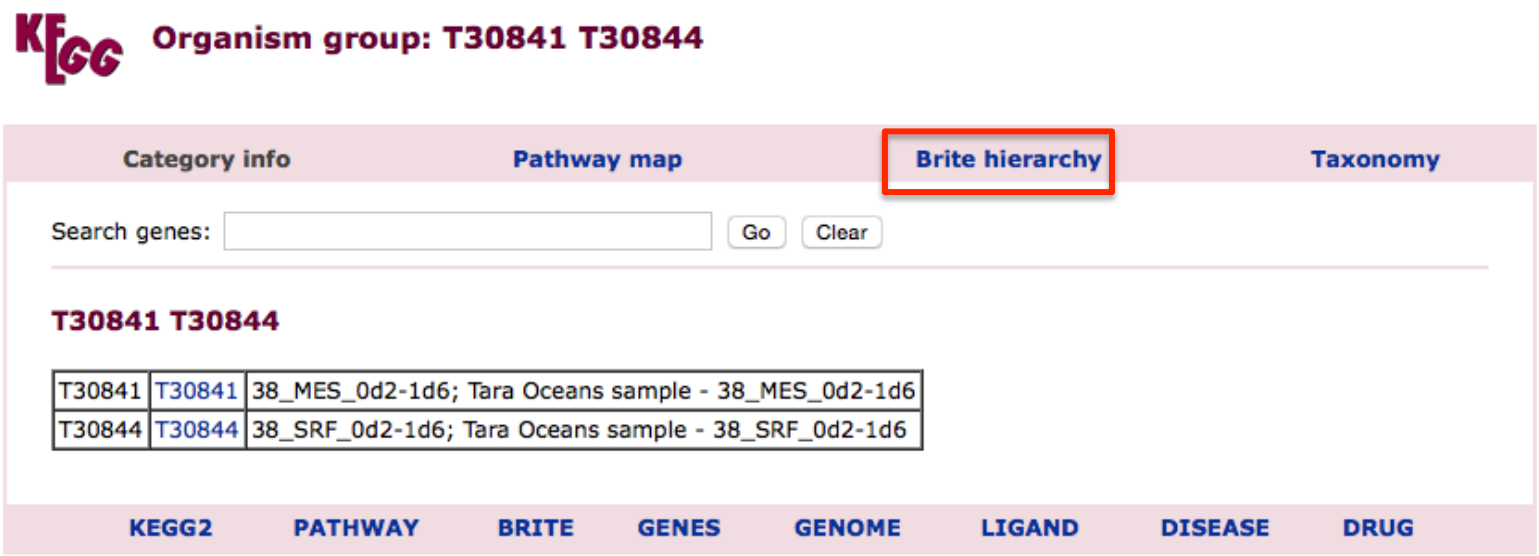
Carbohydrate metabolism
- 00010 Glycolysis / Gluconeogenesis
- 00020 Citrate cycle (TCA cycle)
- 00030 Pentose phosphate pathway
- 00040 Pentose and glucuronate interconversions
- 00051 Fructose and mannose metabolism
- 00052 Galactose metabolism
- 00053 Ascorbate and aldarate metabolism
- 00500 Starch and sucrose metabolism
- 00520 Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
- 00620 Pyruvate metabolism
- 00630 Glyoxylate and dicarboxylate metabolism
- 00640 Propanoate metabolism
- 00650 Butanoate metabolism
- 00660 C5-Branched dibasic acid metabolism
- 00562 Inositol phosphate metabolism

Energy metabolism
- 00190 Oxidative phosphorylation
- 00195 Photosynthesis
- 00196 Photosynthesis - antenna proteins
- 00710 Carbon fixation in photosynthetic organisms
- 00720 Carbon fixation pathways in prokaryotes
- 00680 Methane metabolism
- 00910 Nitrogen metabolism
- 00920 Sulfur metabolism

Lipid metabolism

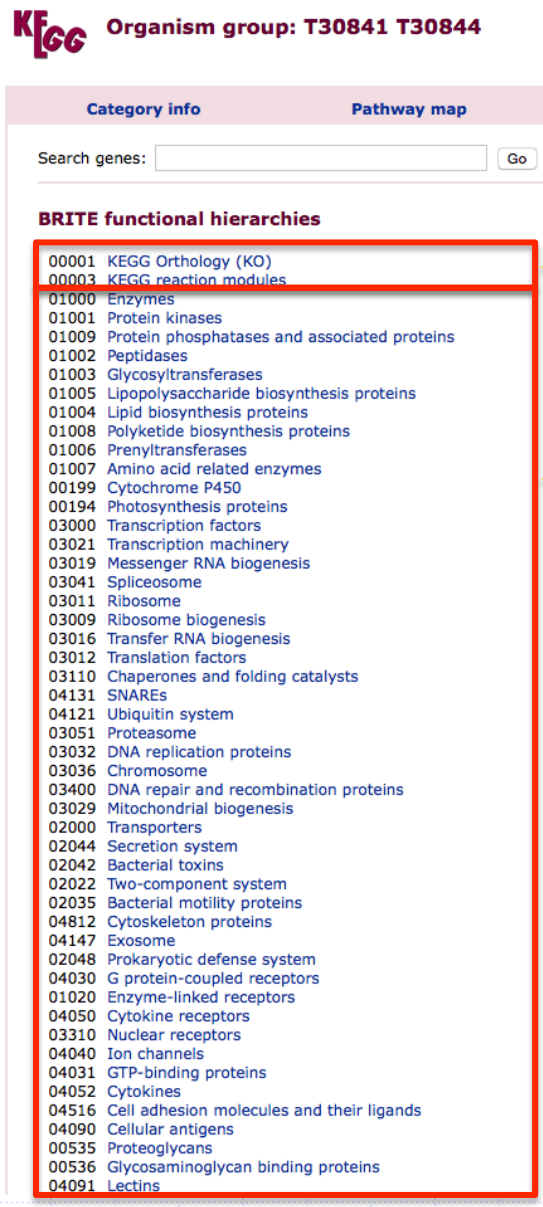


アノテーションの比較



- Pathway map は K 番号のアノテーション（対応する遺伝子の有無）マップを一つずつ開いてみないと分からない。
- Brite hierarchy では機能分類全体を階層的に表示してくれるので、全体を一通りチェックするために使う。

Brite hierarchy



KEGG Orthology ID (K 番号) のうちパスウェイにマッピングされて**いる**ものの階層分類

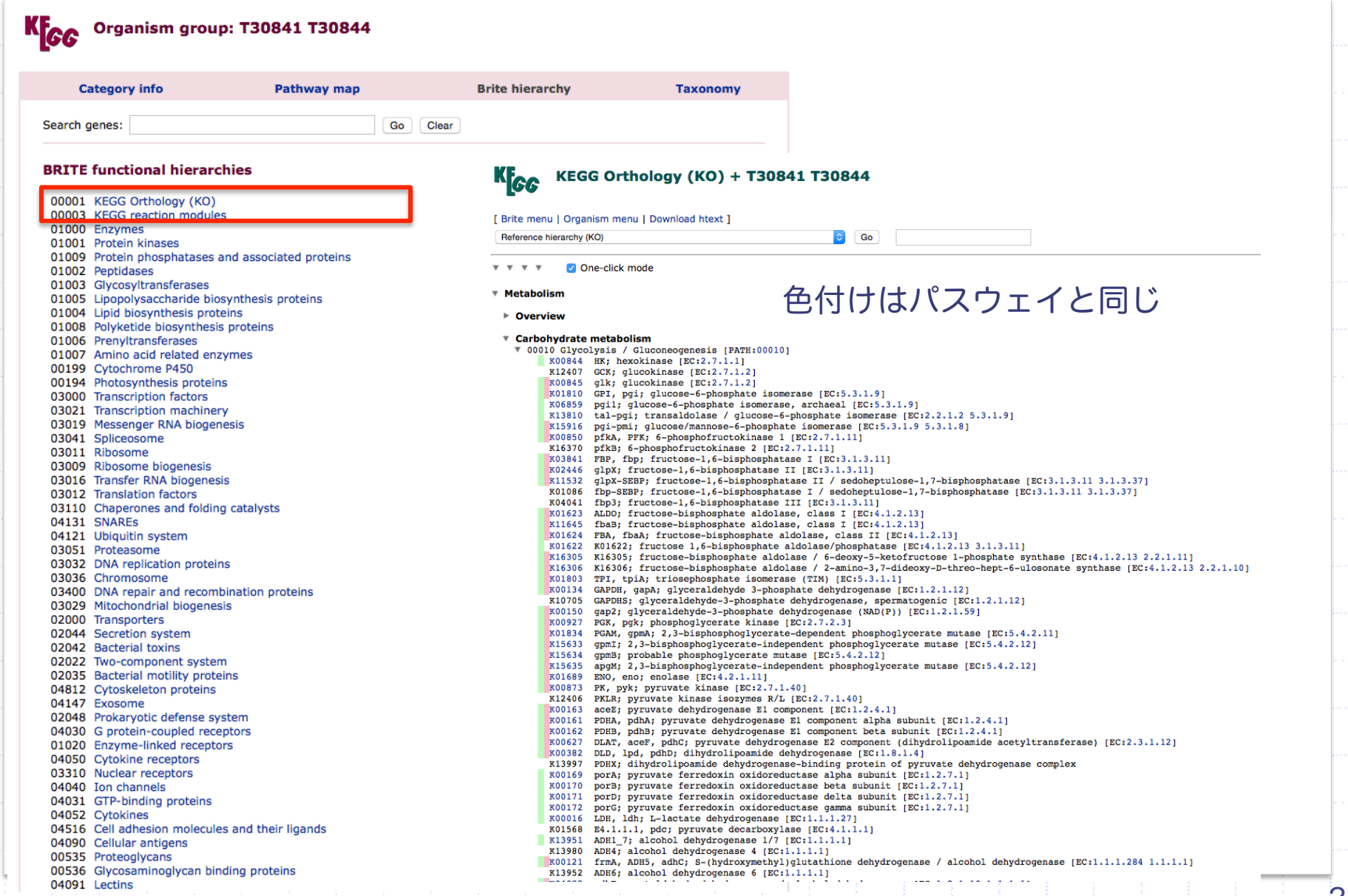
KEGG Orthology ID (K 番号) のうちパスウェイにマッピングされて**いない**ものも含めたタンパク質ファミリーや複合体の階層分類

Brite hierarchy

▼ 左から大分類→小分類でその階層をすべて開く。

▶ その階層の一つ下の分類を開く。One-click mode をチェックすると、下の層全てを開く。

Brite hierarchy



演習課題１

- 海洋サンプル（*Tara* Oceans Project）から得られたメタゲノムの機能アノテーション結果を使って、サンプル間にどのような違いがあるかを調べてみよう。
- ２つ以上の海洋サンプルデータ（ゲノムでもよい）を選び、KEGG パスウェイの階層分類を比較しなさい。その中で異なる機能をリストアップし、異なる理由を考察しなさい。
    - 例：表層と深海、光合成、窒素固定、エネルギー代謝、脂質代謝
- KEGG Mapper を使えば、同じことが任意の遺伝子名と K 番号のリストからできます。
    - http://www.genome.jp/kegg/tool/map_pathway.html

演習課題２

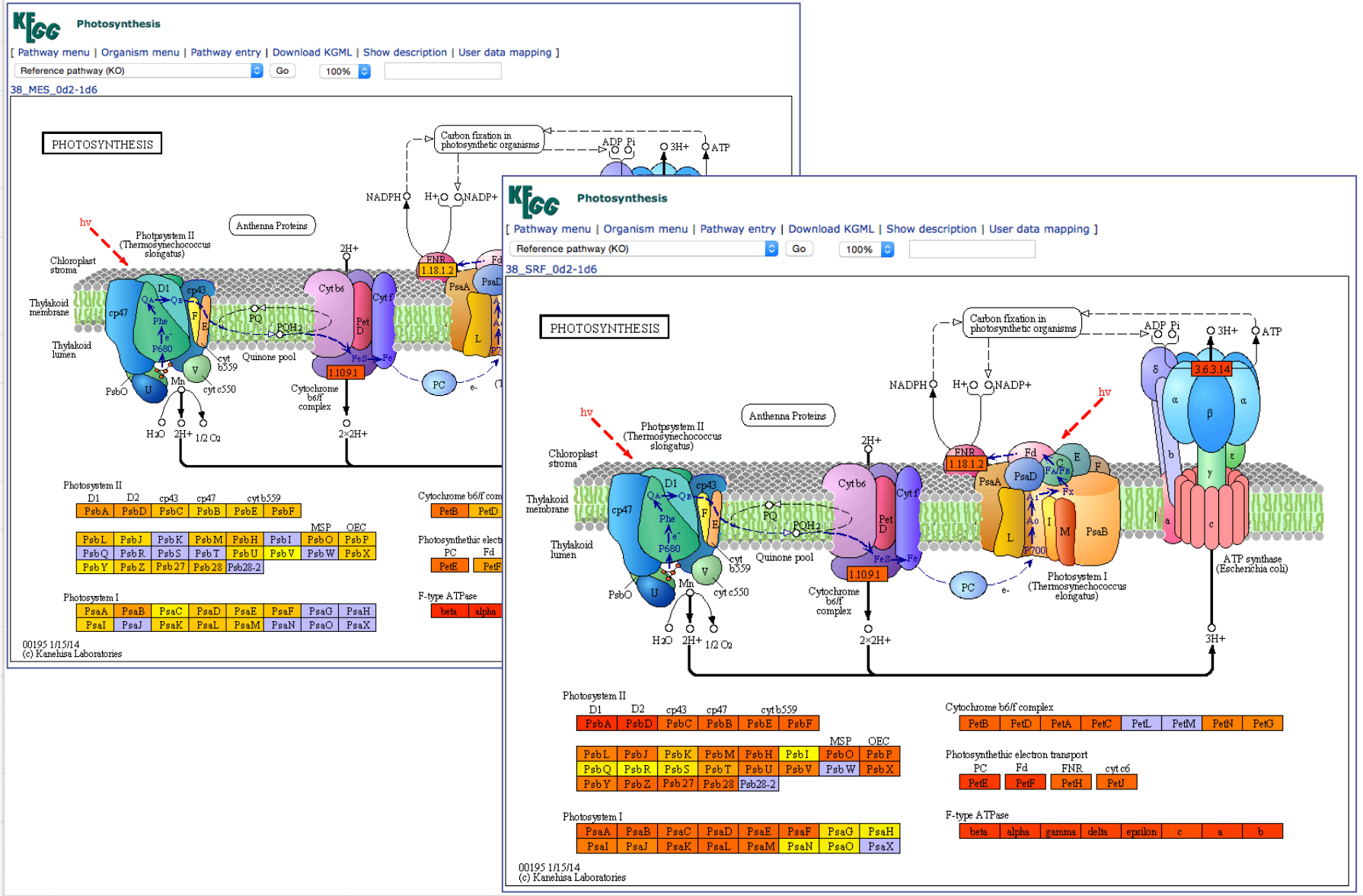
- 海洋サンプル（*Tara* Oceans Project）から得られたメタゲノムの機能アノテーション結果を使って、サンプル間にどのような違いがあるかを調べてみよう。
- MGENES (T 番号）の比較では
  - 遺伝子の有無の情報のみ
  - それらがどの程度の量あるかは分からない
- 元のデータには各遺伝子にマッピングできたリード数の情報がある
  - 遺伝子の量を考えると差があるかもしれない。
  - http://goto.kuicr.kyoto-u.ac.jp/lecture/data/ にサンプルごとの遺伝子頻度情報があります。

KEGG Mapper – Color Pathway

http://www.genome.jp/kegg/tool/map_pathway3.html
指定したパスウェイの色付け

遺伝子または KO とその発現量とマップ番号を入力し、指定した色のグラデーションで色付けする

KEGG Mapper – Color Pathway



学籍番号：XXXXXXXXXX

学部／学年：○学部／○回生　　　　　氏名：○○ ○○

サンプル名：
調べた機能：

パワーポイントファイルが

http://goto.kuicr.kyoto-u.ac.jp/lecture/data/Report (Name).pptx

にありますので、課題の1と2それぞれについて、サンプル名、調べた機能を記入の上、色を付けたパスウェイを貼り付けて下さい。
その際、どのような違いを見つけたかと実習の感想について一言付け加えて下さい。

作成したファイルは Report (学籍番号 名前）.pptx として

https://www.scl.kyoto-u.ac.jp/owncloud/index.php/s/zpMx4oCSXFYBSma

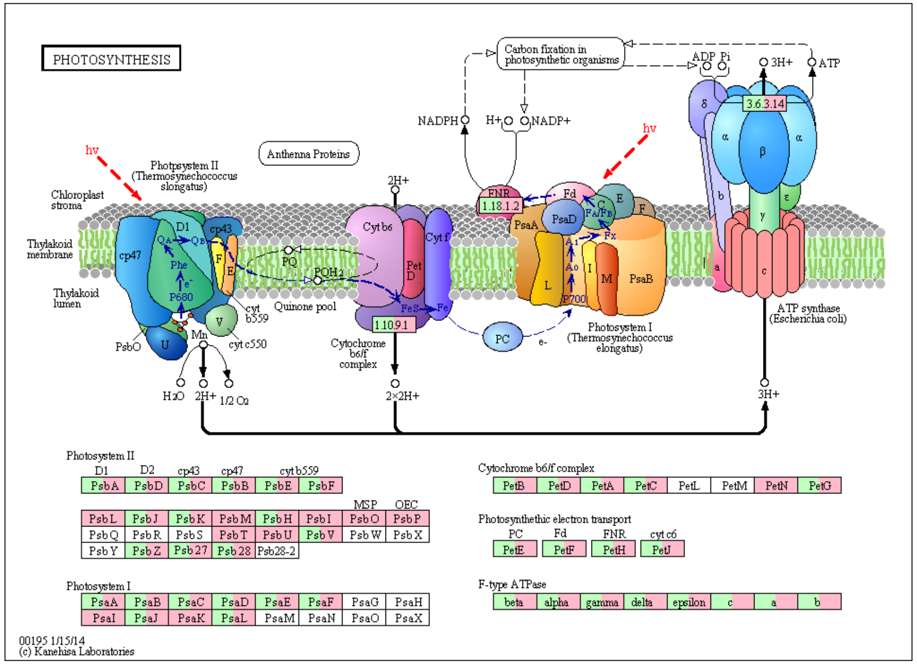
にアップロードして下さい。パスワードは bioinformatics です。

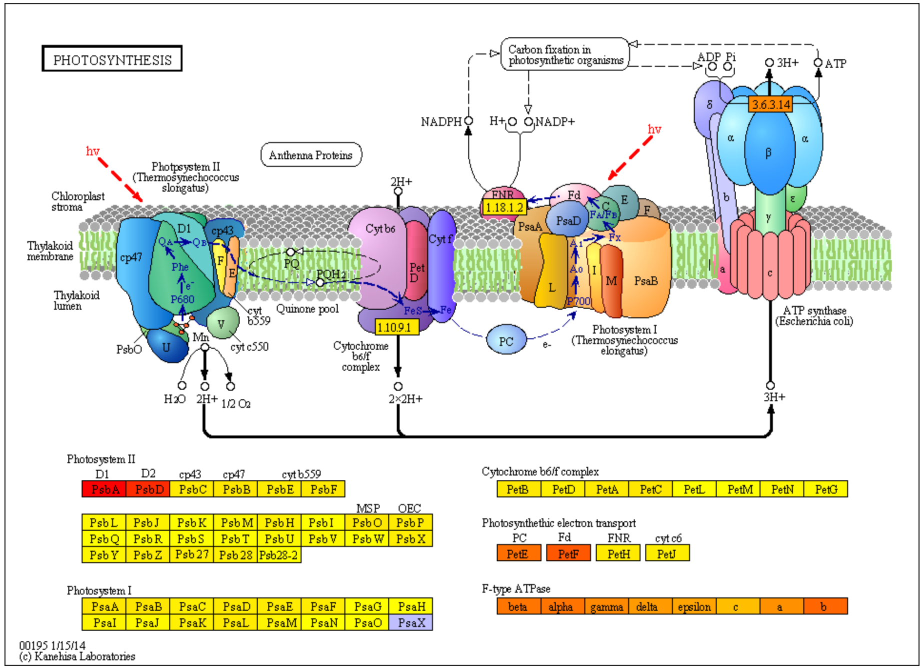
今日の実習の感想を一言書いて下さい：○○。

学籍番号:XXXXXXXXXX

学部／学年:○学部／○回生　　　氏名:○○ ○○

サンプル名:38_SRF_0d2-1d6, 38_MES_0d2-1d6
調べた機能: Photosynthesis





違いに関して何か一言: ○○○。

今日の実習の感想を一言書いて下さい: ○○。

授業評価アンケート（無記名方式）

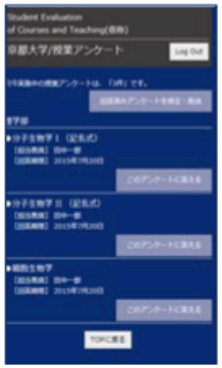
- *科目名:バイオインフォマティクス*
- *アンケート回答期間:7月8日(金)～8月5日(金)*
- ***本日この講義の時間内で回答して下さい。***

● 参考「学生画面のイメージ」

［全学生共通ポータル］ログイン

［全学生共通ポータル］ホーム

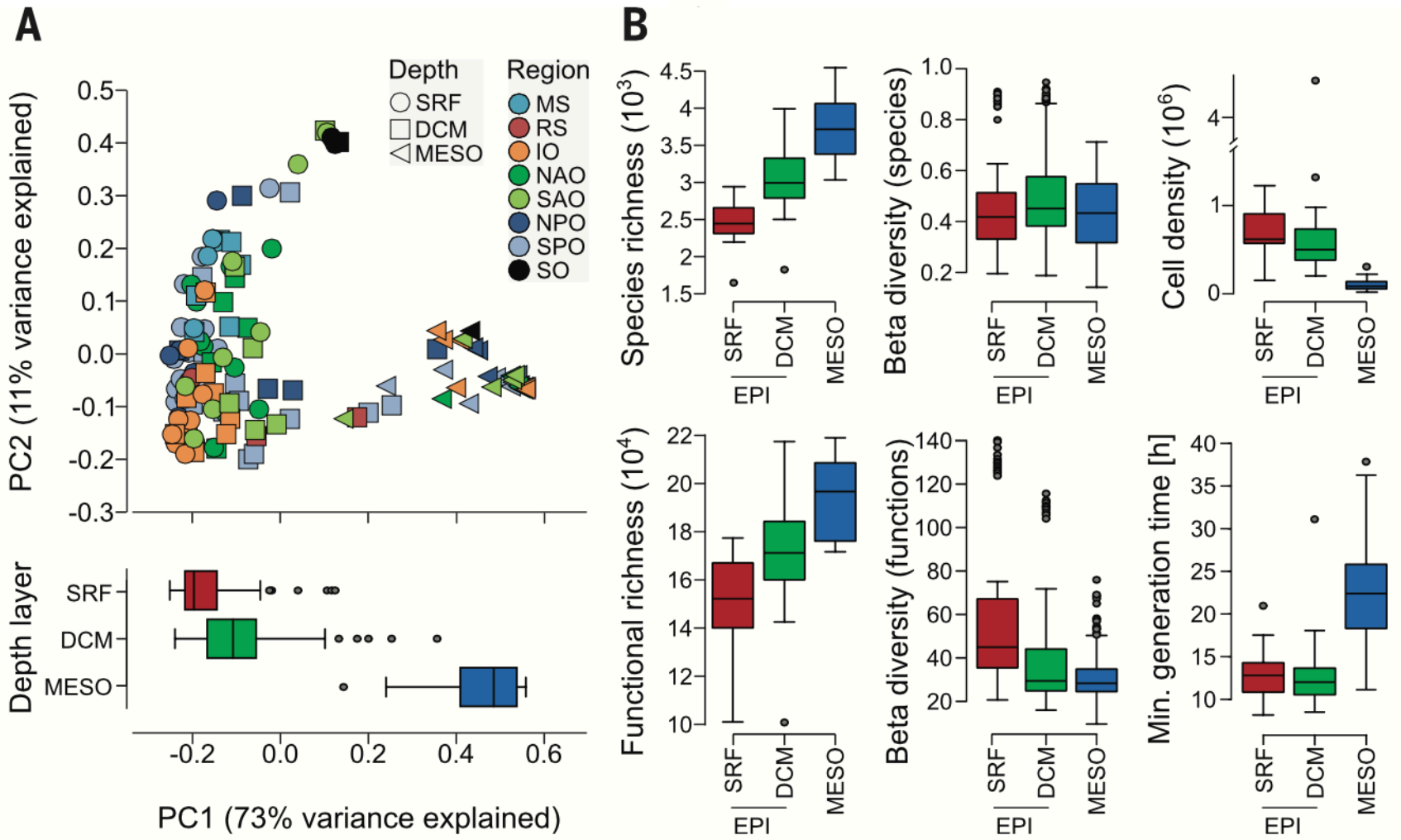
［アンケート］ホーム



［アンケート］科目一覧

*[KULASIS]TOP からもリンクがあります。

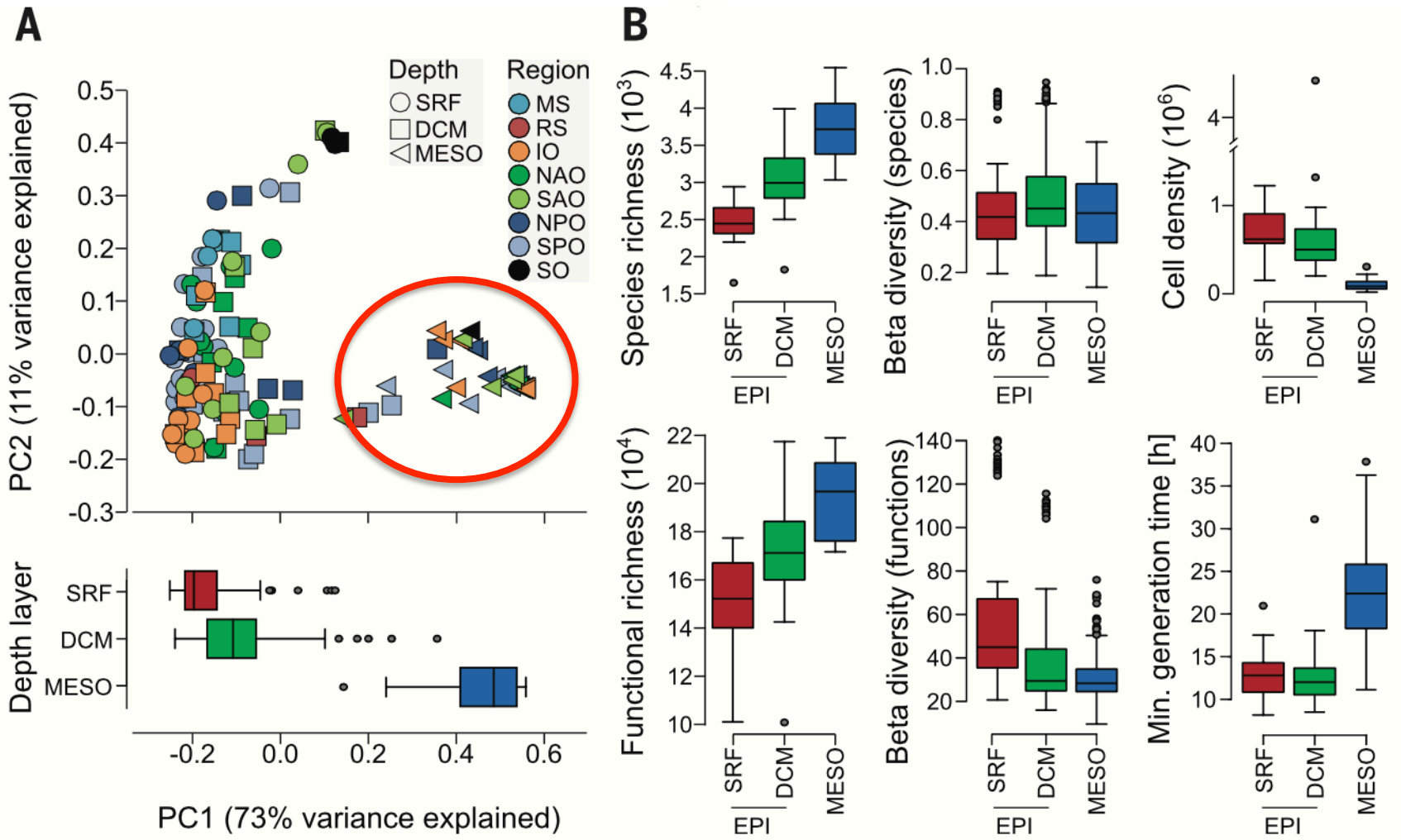
Tara Oceans データの解析



生物種の分布は地域よりも深さで説明できる

Sunagawa, S., et al. (2015) Science 348:1261359-1

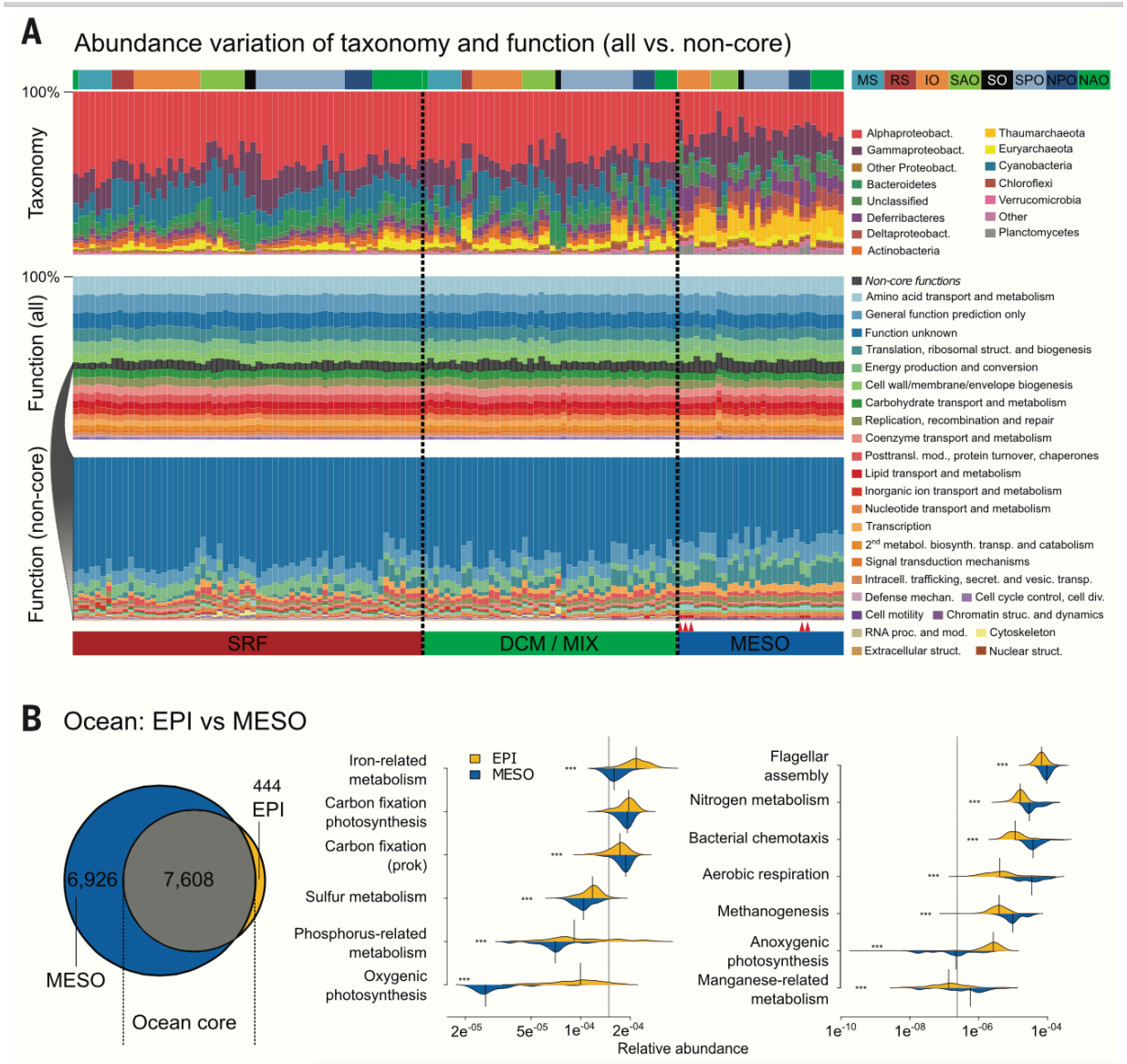
Tara Oceans データの解析



生物種の分布は地域よりも深さで説明できる

Sunagawa, S., et al. (2015) Science 348:1261359-1

Tara Oceans データの解析

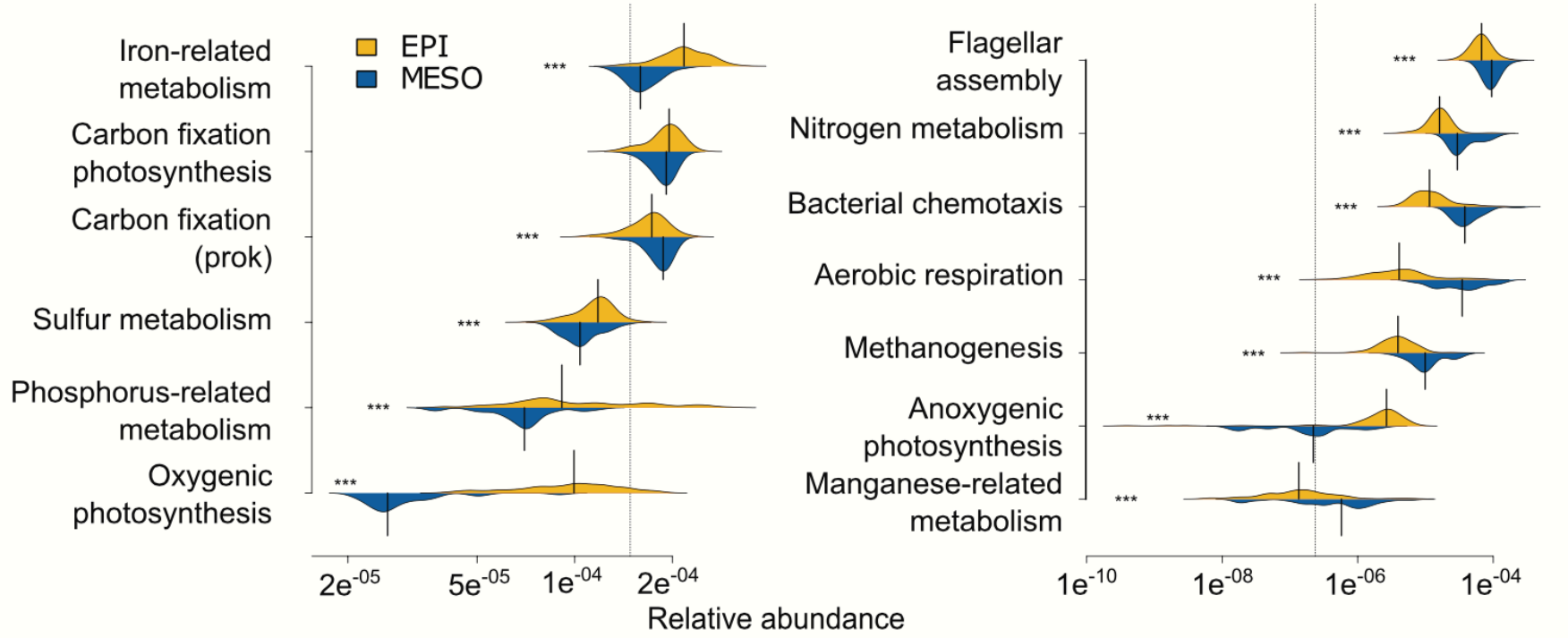


全てのサンプル間で共通の機能(core function)の違いは生物種の違いほど大きくない。

Non-core 遺伝子がサンプルの特徴を表している。

Sunagawa, S., et al. (2015) Science 348:1261359-1

Tara Oceans データの解析



Mesopelagic とそれ以外で遺伝子の量に違いの見えた機能群

具体的にどういう遺伝子が違いに効いているのか？