

生命科学分野における プレプリントの位置付けや経験について, 統合TVについて

小野 浩雅

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設
ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)

小野 浩雅 Hiromasa Ono

hono@dbcls.rois.ac.jp

https://twitter.com/h_ono

2005年 日本大学 生物資源科学部 動物資源科学科 卒業

2010年 日本大学大学院 生物資源科学研究科 博士後期課程 単位取得退学

2010年 ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS) 特任技術専門員

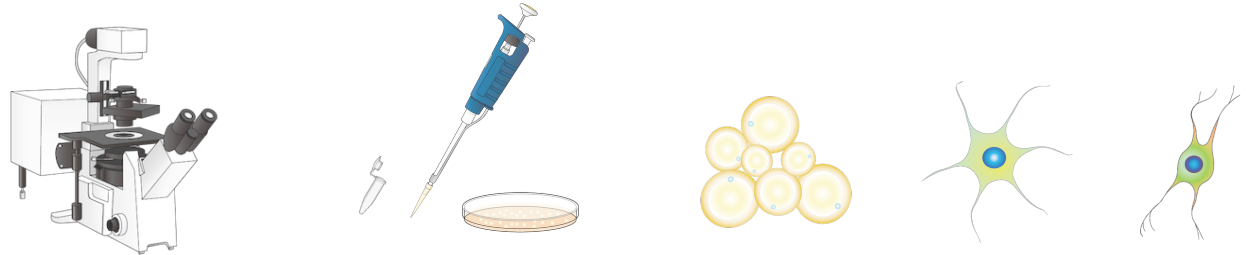
2011年7月 日本大学 博士 (生物資源科学) 取得

2012年6月より 同 特任助教

34歳。週末は、競走馬の運動生理学および統計遺伝学のアマチュア研究

学部

ブタ成熟脂肪細胞に由来する前駆脂肪細胞(DFAT-P)の神経細胞への分化転換に関する研究

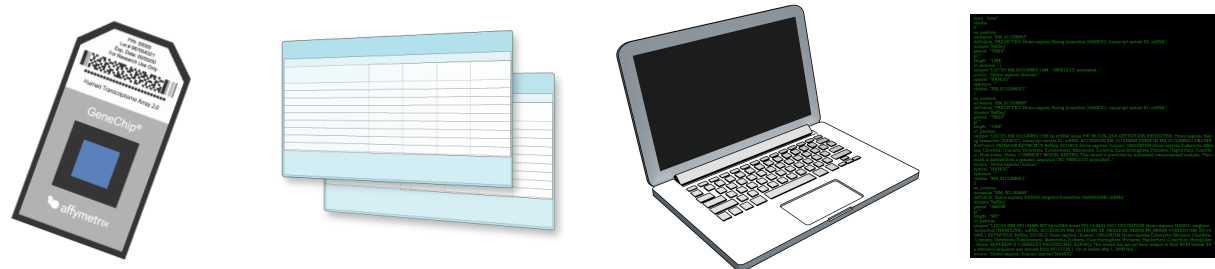


修士

ブタ成熟脂肪細胞および顆粒膜細胞における脱分化機構の網羅的解析

博士

ブタ成熟脂肪細胞および卵胞顆粒層細胞における脱分化ならびに多能性獲得機構の網羅的解析



編集者@統合TV

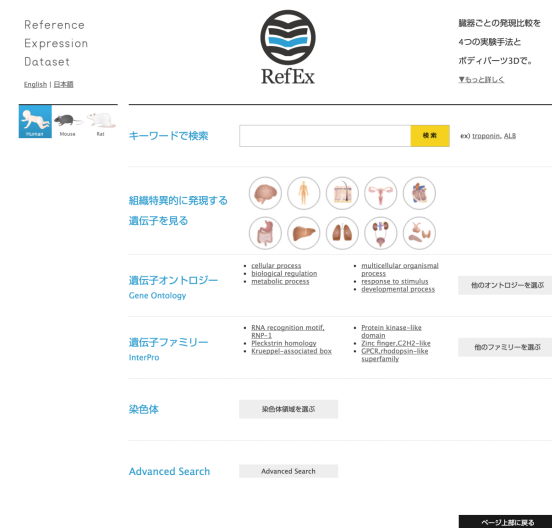
生命科学分野の「オープンエデュケーション」
ツールのひとつ。有用なDBやウェブツール
の活用法を動画で紹介。

開発者@RefEx

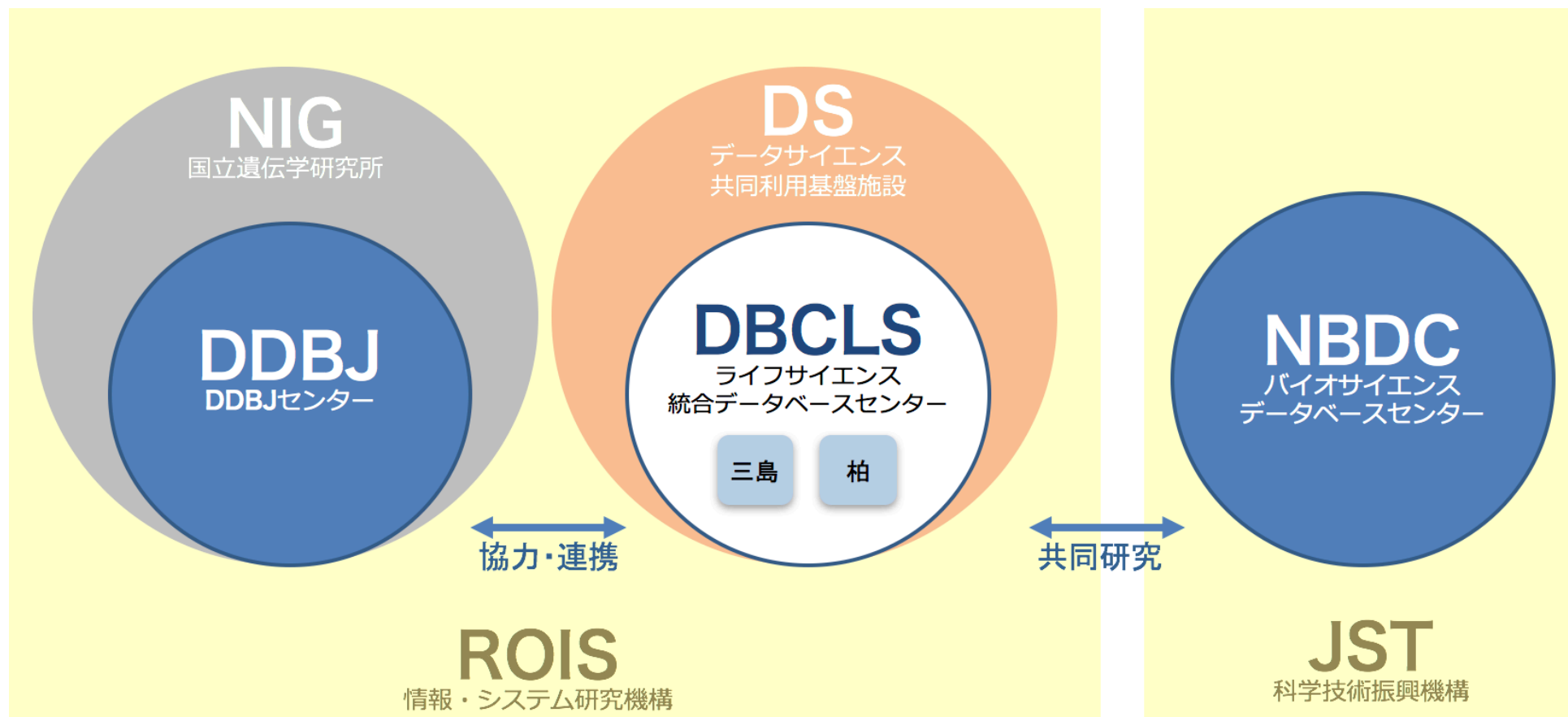
オープンデータの再利用の例。
正常組織や細胞株の遺伝子発現データを
簡単に検索できるデータベース。

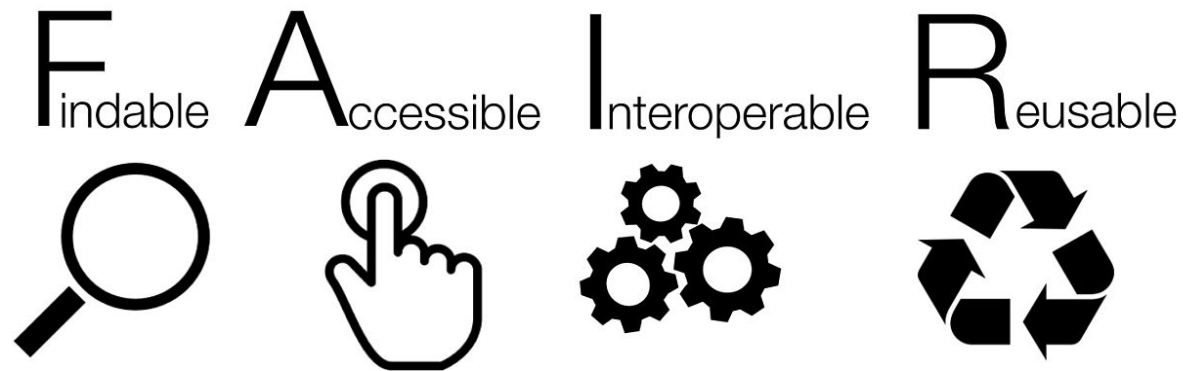
講師@統合データベース講習会

生命科学分野のデータベース活用に資する
人材育成・教育

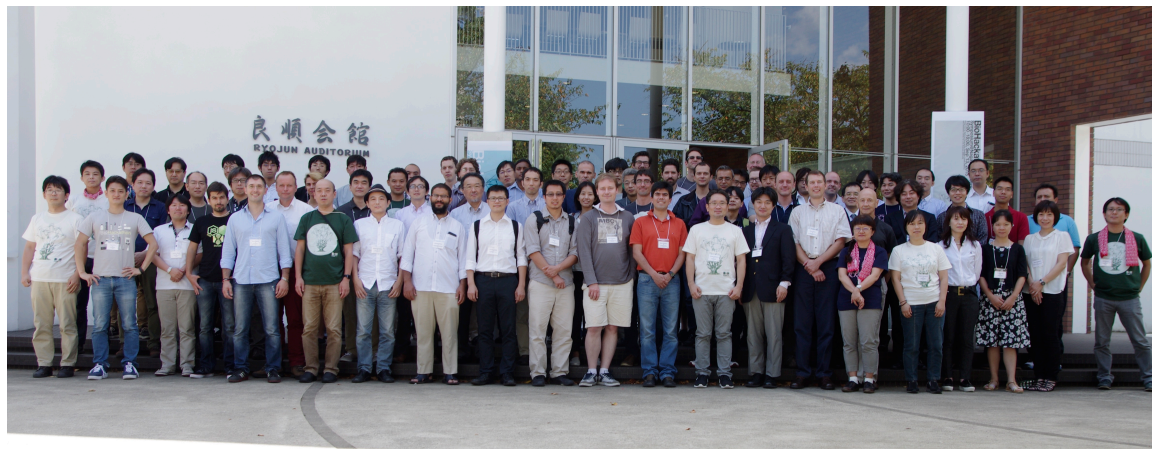


DBCLS の立ち位置





https://commons.wikimedia.org/wiki/File:FAIR_data_principles.jpg



BioHackathon

<http://2015.biohackathon.org/>



Altmetric: 1059 Citations: 141

[More detail >>](#)

[Comment](#) | [OPEN](#)

The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship

Mark D. Wilkinson, Michel Dumontier [...] Barend Mons

Acknowledgements

The original Lorentz Workshop 'Jointly Designing a Data FAIRport' was organized by Barend Mons in collaboration with and co-sponsored by the Lorentz center, The Dutch Techcenter for the Life Sciences and the Netherlands eScience Center. The principles and themes described in this manuscript represent the significant voluntary contributions and participation of the authors at, and/or subsequent to, this workshop and from the wider Force11, BD2K and ELIXIR communities. We also acknowledge and thank the organizers and backers of the **NBDC/DBCLS BioHackathon 2015**, where several of the authors made significant revisions to the FAIR Principles.

<https://www.nature.com/articles/sdata201618>



「統合TV」は、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。

目的別に検索

講習会 実習資料 (AJACS)

ゲノム・核酸 配列解析

タンパク質 配列・構造解析

発現制御解析・可視化

文献・辞書・プログラミング

著名データベース

その他講演・講習会

自由に使える画像を探す

関連するタグから検索

ゲノム (235) 遺伝子 (378)

タンパク質 (186)

配列解析 (211)

発現解析 (290) NGS (215)

文献検索 (216)

情報収集 (117)

環境設定 (121)

DBCLS (179) English (184)

ウェブツール (193)

ソフトウェア (70)

データベース (310)

講演 (560) 実習 (321)

NCBI (61) GEO (18)

UCSC (20) EBI (12)

Ensembl (23) KEGG (17)

Q 全番組のリストから、調べたいDBやウェブツールに関するキーワードで検索! (全 1291 件)

番組のタイトルや画像をクリックすると番組の再生ページへ移動します。[リクエストはこちら。](#)

表示件数を選ぶ

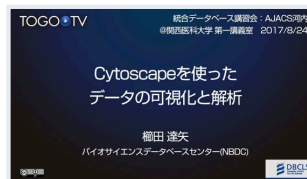
検索窓にキーワードを入力すると、入力の度ごとに即座に候補の番組が絞り込まれます

Cytoscapeを使ったデータの可視化と解析 @ AJACS河内

本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC) 柳田 達矢 による「Cytoscapeを使ったデータの可視化」をお送りします。約1時間22分です。

本講習では、Cytoscapeの特徴、機能について概説したのち、ライフサイエンスデータの可視化方法について、実際の操作方法をハンズオン形式で学びます。講習会で使用したテキスト・資料はこちらからご覧いただけます。

講習会の一連の動画はYouTubeの再生リストからもご覧いただけます。



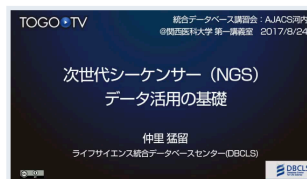
次世代シーケンサー (NGS) データ活用の基礎 @ AJACS河内

本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) 仲里 猛留 による「次世代シーケンサー (NGS) 解析・基礎編：関連データベース、ツール」をお送りします。約1時間30分です。

本講習では、主に次世代シーケンサー(NGS)解析に必要な基礎知識を概説するとともに、NGSに関連するデータベースやウェブツール(NCBI Sequence Read Archive (SRA)、European Nucleotide Archive (ENA)、DBJ Sequence Read Archive (DRA)、DBCLS SRA など)の使い方について実習形式で紹介しています。

講習会で使用したテキスト・資料はこちらからご覧いただけます。

講習会の一連の動画はYouTubeの再生リストからもご覧いただけます。



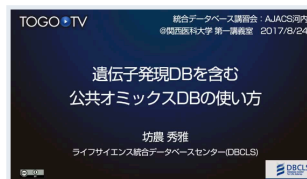
遺伝子発現DBを含む公共オミックスDBの使い方 @ AJACS河内

本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS) 坊農 秀雅 による「遺伝子発現DBの使い方」をお送りします。約1時間28分です。

本講習では、EBI ArrayExpressやNCBI Gene Expression Omnibus(GEO)を使って興味ある実験データセットを検索する方法や、DBCLS AOEを使ってそれらを絞り込む方法、RefExを使って個々の遺伝子の発現プロファイルを調べる方法、Metascapeを用いて発現データの結果を生物学的に解釈する方法について実習形式で紹介しています。

講習会で使用したテキスト・資料はこちらからご覧いただけます。

講習会の一連の動画はYouTubeの再生リストからもご覧いただけます。



生命科学分野の有用なDB
やツールの使い方を 動画
で手取り足取り解説!!

生命科学研究を進めるために最低限知っておくべき
バイオ系DBを網羅

さらに、コピペでできる
バイオインフォマティクス
から中級者・上級者向けの
コマンドライン操作まで
徹底解説

すべての動画にDOIを付与

統合TV YouTube 支店

<https://www.youtube.com/user/togotv>



統合TVプロモーションムービー2016

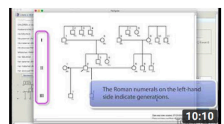
視聴回数 2,171 回・1 年前

本家はこちら <http://togotv.dbcls.jp/ja/20160321.html>
統合TVは、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。数多くの解説動画の情報をうまく整理し、ユーザーが真に必要なとする情報に素早く容易にたどりつけるようにまとめています。生命科学研究に頻繁に使われるサイトを知り、その使い倒し術を知る手段として、日々の実験や研究の進展のためぜひご利用ください。

関連チャンネル

 mutiomutiko
チャンネル登録

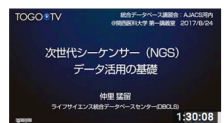
アップロード動画 すべて再生



Creating a pedigree chart using f-treeGC (ver.1.1)

視聴回数 23 回・2 日前

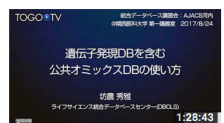
<http://togotv.dbcls.jp/20170910.html> f-treeGC is a pedigree-creating software program published by Iwate Medical University. The user simply enters genealogical information, and the program autom...



次世代シーケンサー (NGS) データ活用の基礎@AJACS河内

視聴回数 43 回・4 日前

<http://togotv.dbcls.jp/20171019.html> 本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) 仲里 猛留 による



遺伝子発現DBを含む公共オミックスDBの使い方@AJACS河内

視聴回数 22 回・4 日前

<http://togotv.dbcls.jp/20171018.html> 本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) 坊屋 秀雅 による



パスイデータベースの紹介と疾患研究への応用@AJACS河内

視聴回数 27 回・4 日前

<http://togotv.dbcls.jp/20171017.html> 本日の統合TVは、2017年8月24日に開催された統合データベース講習会：AJACS河内から、九州大学 生体防御医学研究所 山西 芳裕 准教授 による「パスイデータ



作成日: 2007/08/08・動画: 1,387
チャンネル

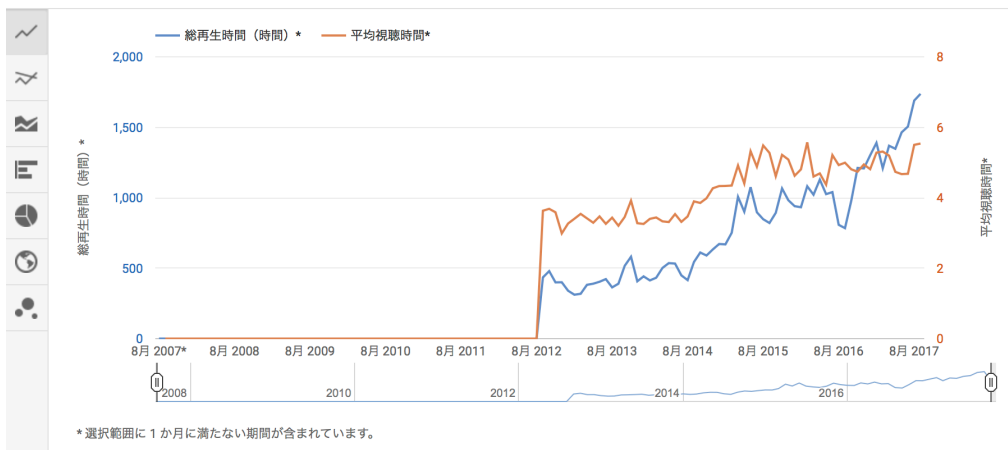
2007/08/08~2017/09/30

△ このレポートのデータに関する注意事項

*平均再生率 (%)、*平均視聴時間*、*総再生時間 (時間)* のデータは 2012年9月1日 以降に限り使用できます。

総再生時間 (時間)	視聴回数	平均視聴時間
48,382*	871,827	4:27*

統計情報の比較 月別 増加率を表示



* 選択範囲に 1 か月に満たない期間が含まれています。

動画 地域 日付 もっと見る

動画	総再生時間 (時間) * ↓	視聴回数	平均視聴時間*	平均再生率 (%) *
パワーポイントの図形描画機能でイラストを...	2,665 (5.5%)	43,607 (5.0%)	3:57	32%
【NGSハンズオン】 UNIX/Linuxとスクリプト...	1,816 (3.8%)	7,250 (0.8%)	15:01	5.0%
パワーポイントの図形描画機能でイラストを...	1,258 (2.6%)	18,435 (2.1%)	4:28	39%
PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方 2...	1,036 (2.1%)	16,829 (1.9%)	4:53	48%
Gmailの使い方(基本編)	855 (1.8%)	18,979 (2.2%)	2:42	36%
【NGSハンズオン】 UNIX/Linuxとスクリプト...	811 (1.7%)	3,416 (0.4%)	14:14	5.9%



Licensed under CC-BY 4.0 © 2017 Hiromasa Ono (DBCLS)

各種講習会の教材と動画を同時に閲覧できます

http://togotv.dbcls.jp/ja/ajacs_text.html

『統合TV』は、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。

目的別に検索

講習会 実習資料 (AJACS)

ゲノム・核酸 配列解析

タンパク質 配列・構造解析

発現制御解析・可視化

文献・辞書・プログラミング

著名データベース

その他講演・講習会

自由に使える画像を探す

生物学的解釈をするための遺伝子発現DB・解析ツールの使い方

イベント・講習会の情報

開催日時: 2016-08-08

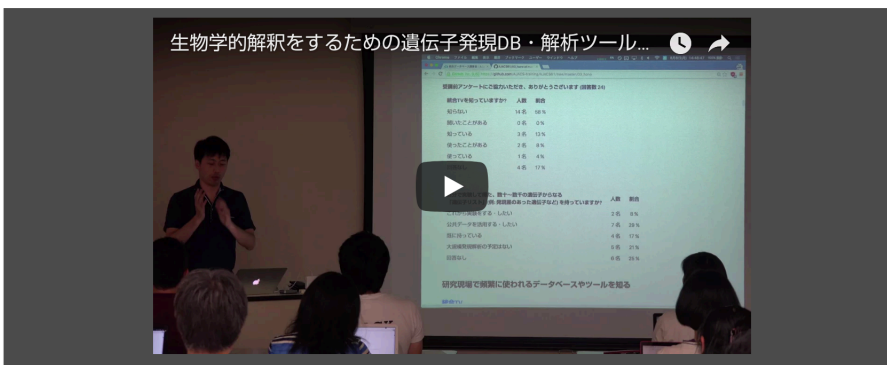
講習会名: AJACSこまち

講師: 小野 浩雅 (情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS))

会場: 秋田県産業技術センター 高度技術研究館

このテキストを引用する際はDOIをご利用ください。DOI: 10.7875/ajacs.2016.025

この講習に関連するタグ: 実習 AJACS 発現解析 データベース ウェブツール



AJACSこまち 生物学的解釈をするための遺伝子発現DB・解析ツールの使い方

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

データサイエンス共同利用基盤施設

ライフサイエンス統合データベースセンター

小野 浩雅

hono@dbcls.rois.ac.jp

2016年8月8日(月) AJACSこまち@秋田県産業技術センター 高度技術研究館 2階ミーティングルーム

これは統合データベース講習会 AJACS前橋「生物学的解釈をするための遺伝子発現DB・解析ツールの使い方」の講習資料です。

この内容の続編として、AJACS御茶ノ水(2015年5月)における**応用・実践編**がありますので、こちらもあわせてご活用ください。

【実習3】これまで学んだことを踏まえて、発現データの結果を生物学的に解釈する

- DAVID の使い方に慣れてきたところで、実戦的な生物学的解釈に挑戦してみましょう。
- 今回は「正解」はありません。情報分析力と想像力が問われます。
- 例題は、[GSE28619](#) をつかいます。
- 健康者 vs アルコール性肝炎患者 の2群比較です。
- 多重比較法(Benjamini & Hochberg)を指定して、有意水準1%未満かつ2倍以上発現差のあった遺伝子群のリストをあらかじめ用意しました。
 - 「健康者>AH患者_遺伝子リスト」 [GEO2R_Ctrl.txt](#)
 - 「AH患者>健康者_遺伝子リスト」 [GEO2R_AH.txt](#)
 - (この遺伝子リストの作り方は、[AJACS御茶ノ水の回](#) で解説しています。)
- DAVID 以外のツールを使ってみる
- GeneTrail2
 - 2016年1月公開。ザールラント大(独)が開発・運用。原著論文 [PMID: 26787660](#)
 - トランスクリプトームのほか、プロテオーム、miRNA、SNP にも対応
 - GSE 番号 の入力だけで、GEOから直接データ取得が可能
 - IDリストのほか発現量込みリスト、タイムコースデータなども使用可能
 - 主要なモデル生物種に対応
 - 実験系に適した統計解析の選択肢が豊富
 - 同じ生物種間であれば、別の解析結果同士を比較することも可能
 - 統合TV あります → [GeneTrail2を使って、エンリッチメント解析を行う](#)
 - 解析結果セットはダウンロード可能だがアップロードして再表示はできない
 - データセットによってエラーが出て解析できない...(バグ?)
- Metascape
 - 2015年10月スタート。原著論文 [PMID: 26651948](#)
 - 「なぜ、DAVIDはもはや使うべきではないのか」[提言](#) → metascape 使おう
 - 対応ID: Entrez Gene ID, RefSeq, Gene Symbol, Ensembl, UCSC, UniProt.
 - 生物種は、ヒト、マウス、ラットのみ
 - IDリストのほかタイムコースなどの複数リストデータも使用可能
 - 複数リスト間のアノテーションについて差分表示が可能
 - GOのエンリッチメント解析で階層的クラスタリングもできる
 - 統合TV 作成中
 - まだシステムが不安定(?)で大量クエリ投げると結果が帰ってこない場合もある
 - Chromeだとjavascript周りでエラーが出て使えない(?)ことも
- GeneSetDB
 - 九州大学 荒木さんが開発。オークランド大学/バイオインフォマティクス研究所が運用。原著論文 [PMID: 23650583](#)
 - 医学・薬学分野に特化したデータベースを解析対象にすることができる
 - 統合TV あります → [GeneSetDBで遺伝子解析とエンリッチメント解析を行う](#)
 - 2:50- [エンリッチメント解析を行う](#)
- 一応ひとつの答え
- このデータを使った論文があります。
 - [Transcriptome analysis identifies TNF superfamily receptors as potential therapeutic targets in alcoholic hepatitis.](#)
 - [Gut. 2013 Mar;62\(3\):452-60. doi: 10.1136/gutjnl-2011-301146.](#)
- 似たような結論が導かれたか? あるいは、著者が見逃している(かもしれない)着眼点や新たな着想が得られましたか?

最新の解析手法のハンズオン講習会の動画もあります

<http://togotv.dbcls.jp/ja/tags.html?tag=NGS速習・ハンズオン>



TOGO TV 生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル [はじめての方へ](#) [再生数ランキング](#) [お問い合わせ・番組をリクエスト](#)

「統合TV」は、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。

目的別に検索

☒ 講習会 実習資料 (AJACS)

☐ ゲノム・核酸 配列解析

☐ タンパク質 配列・構造解析

☐ 発現制御解析・可視化

☐ 文献・辞書・プログラミング

☐ 著名データベース

☐ その他講演・講習会

☐ 自由に使える画像を探す

関連するタグから検索

ゲノム (235) 遺伝子 (378)

タンパク質 (186)

配列解析 (211)

発現解析 (290)

NGS (215)

文献検索 (216)

情報収集 (117)

環境設定 (121)

DBCLS (179) English (184)

ウェブツール (193)

ソフトウェア (70)

データベース (310)

講演 (560) 実習 (321)

【NGS速習・ハンズオン】に関する動画・講習会資料・新着論文レビュー

【動画番組】 [さらに表示する \(36\)](#)

- 2016-10-25 [NGSハンズオン2016] 第3部 NGS解析 (中～上級) - トランスクリプトームアセンブリ、発現量推定
- 2016-10-24 [NGSハンズオン2016] 第2部 NGS解析 (中～上級) - クラウド環境との連携、ロングリードデータの解析
- 2016-10-23 [NGSハンズオン2016] 第3部 NGS解析 (中～上級) - Linux環境でのデータ解析:マッピング、トリミング、アセンブリ
- 2016-10-22 [NGSハンズオン2016] 第3部 NGS解析 (中～上級) - Linux環境でのデータ解析:JavaやRの利用法
- 2016-10-21 [NGSハンズオン2016] 第2部 NGS解析 (初～中級) - ChIP-seq
- 2016-10-20 [NGSハンズオン2016] 第2部 NGS解析 (初～中級) - RNA-seq
- 2016-10-19 [NGSハンズオン2016] 第2部 NGS解析 (初～中級) - ゲノムReseq、変異解析
- 2016-10-18 [NGSハンズオン2016] 第2部 NGS解析 (初～中級) - NGS解析基礎
- 2016-10-17 [NGSハンズオン2016] 第1部 統計解析 - トランスクリプトーム解析2
- 2016-10-16 [NGSハンズオン2016] 第1部 統計解析 - トランスクリプトーム解析1
- 2015-11-17 [NGSハンズオン2015] NGS解析 - ChIP-seqの基礎実習(初級)
- 2015-11-16 [NGSハンズオン2015] NGS解析 - RNA-seq、カウントデータ取得以降の統計解析
- 2015-11-15 [NGSハンズオン2015] NGS解析 - RNA-seq
- 2015-11-14 [NGSハンズオン2015] NGS解析 - ゲノムReseq、変異解析
- 2015-11-13 [NGSハンズオン2015] NGS解析 - NGS解析基礎
- 2015-11-12 [NGSハンズオン2015] データ解析環境 R - Bioconductorの利用法
- 2015-11-11 [NGSハンズオン2015] データ解析環境 R - R基礎
- 2015-11-10 [NGSハンズオン2015] UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Python入門
- 2015-11-09 [NGSハンズオン2015] UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Perl入門
- 2015-11-08 [NGSハンズオン2015] UNIX/Linuxとスクリプト言語 - シェルスクリプト入門
- 2015-11-07 [NGSハンズオン2015] UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Linux基礎
- 2014-11-06 [NGS速習コース] 4. 次世代シーケンサ～4.4. 次世代シーケンサ実習II (RNA-seq解析)
- 2014-11-05 [NGS速習コース] 4. 次世代シーケンサ～4.4. 次世代シーケンサ実習II (Reseq解析)
- 2014-11-04 [NGS速習コース] 5. ゲノム関連の倫理・法律～5.1. ゲノム情報倫理概論
- 2014-11-03 [NGS速習コース] 6. 分子生命科学～6.1. 分子生命科学概論、6.2. オミクス概論、6.3. 遺伝/進化概論
- 2014-11-02 [NGS速習コース] 4. 次世代シーケンサ～4.4. 次世代シーケンサ実習II (ChIP-seqの代表的なパイプラインに関する実習)
- 2014-11-01 [NGS速習コース] 4. 次世代シーケンサ～4.3. 次世代シーケンサ実習I
- 2014-10-31 [NGS速習コース] 3. データ解析基礎～3.4. R bioconductor I、3-5. R bioconductor II
- 2014-10-30 [NGS速習コース] 3. データ解析基礎～3.1. R基礎1、3-2. R基礎2、3-3. R各種パッケージ
- 2014-10-29 [NGS速習コース] 2. 配列インフォマティクス～2.2. バイオ系データベース概論
- 2014-10-28 [NGS速習コース] 2. 配列インフォマティクス～2.1. 配列解析基礎
- 2014-10-27 [NGS速習コース] 1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.4. スクリプト言語(Perl)
- 2014-10-26 [NGS速習コース] 1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.4. スクリプト言語(シェルスクリプト)
- 2014-10-25 [NGS速習コース] 1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.3. UNIX (Mac)～UNIXの基礎的理解、Linux導入
- 2014-10-24 [NGS速習コース] 1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.3. Unix I UNIXの基礎的理解、Linux導入
- 2014-10-23 [NGS速習コース] 1. コンピュータリテラシーとサーバー設計～1.1. OS、ハード構成、1-2. ネットワーク基礎

- ・ 2014年分で 延べ 43時間超
- ・ 2015年分で 延べ 47時間超
- ・ 2016年分で 延べ 64時間超
- ・ YouTubeのリスト機能で連続再生も可能

YouTube JP 検索

アップロード

togotv 動画 再生リスト チャンネル フリートーク 概要

NGSハンズオン講習会2015

togotv · 11 本の動画 · 視聴回数 247 回 · 最終更新日: 2015/11/16

説明を追加

すべて再生 共有 再生リストの設定 動画を追加

- 1 **【NGSハンズオン】UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Linux基礎**
作成者: togotv 3:52:11
- 2 **【NGSハンズオン】UNIX/Linuxとスクリプト言語 - シェルスクリプト入門**
作成者: togotv 4:03:11
- 3 **【NGSハンズオン】UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Perl入門**
作成者: togotv 5:31:47
- 4 **【NGSハンズオン】UNIX/Linuxとスクリプト言語 - Python入門**
作成者: togotv 4:59:05
- 5 **【NGSハンズオン】データ解析環境 R - R基礎**
作成者: togotv 4:29:35
- 6 **【NGSハンズオン】データ解析環境 R - Bioconductorの利用法**
作成者: togotv 4:46:32
- 7 **【NGSハンズオン】NGS解析 - NGS解析基礎**
作成者: togotv 4:33:25
- 8 **【NGSハンズオン】NGS解析 - ゲノムReseq、変異解析**
作成者: togotv 4:42:07
- 9 **【NGSハンズオン】NGS解析 - RNA-seq**
作成者: togotv 2:52:17
- 10 **【NGSハンズオン】NGS解析 - RNA-seq、カウントデータ取得以降の統計解析**
作成者: togotv 2:08:28
- 11 **【NGSハンズオン】NGS解析 - ChIP-seqの基礎実習(初級)**
作成者: togotv 5:07:20

生命科学分野の静止画素材もあります

<http://togotv.dbcls.jp/ja/pics.html>

≡ 目的別に検索

- 🔍 講習会 実習資料 (AJACS)
- 🧬 ゲノム・核酸 配列解析
- 🧬 タンパク質 配列・構造解析
- 🧬 発現制御解析・可視化
- 📖 文献・辞書・プログラミング
- 📖 著名データベース
- 📖 その他講演・講習会
- 🖼️ 自由に使える画像を探す

TOGO PICTURE GALLERY

生命科学分野のイラストをだれでも自由に閲覧・利用できるように無料で公開しています。研究発表のスライド作成や資料作成等にお使いください。リクエストはこちら。

下のタグをクリックするとサムネイルをソートします。全作品のリストはこちら。

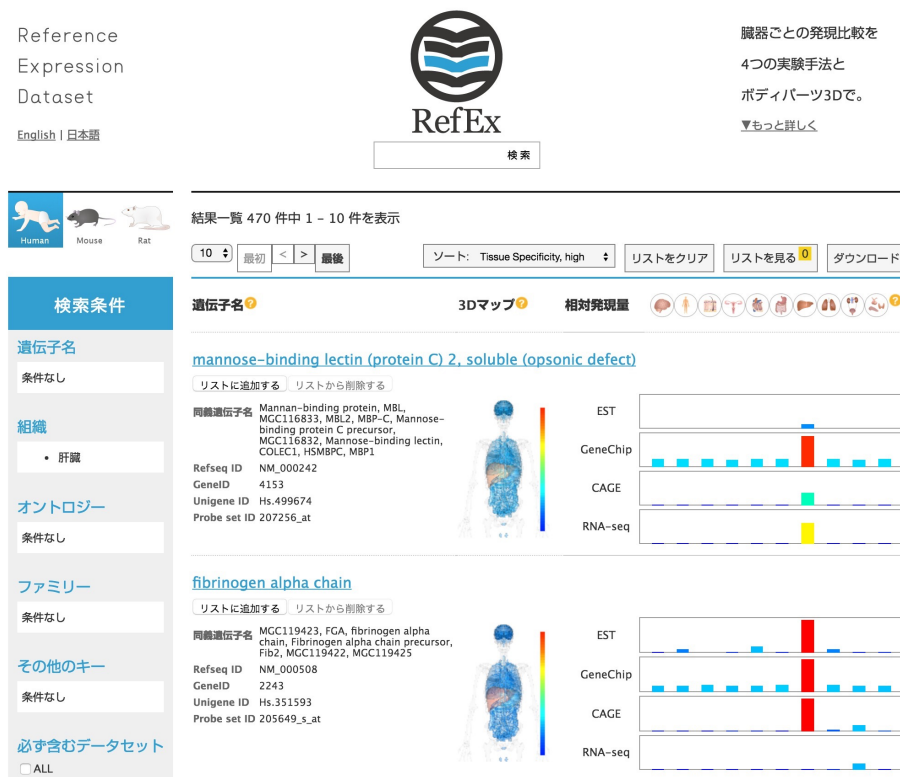
new	モデル生物	細胞	臓器	実験装置	次世代シーケンサー	顕微鏡	実験器具	模式図	活用事例	未分類
生物アイコン	海綿動物門	平板動物門	刺胞動物門	有櫛動物門	扁形動物門	環形動物門	軟体動物門	線形動物門	緩歩動物門	
節足動物門	珍渦虫動物門	棘皮動物門	半索動物門	脊索動物門	藍色細菌門	緑藻植物門	被子植物門	プロテオバクテリア門	子囊菌門	
纖毛虫門	フィルミクセス門	襟鞭毛虫門	脊椎動物亜門	尾索動物亜門	頭索動物亜門	哺乳綱	鳥綱	両生綱	爬虫綱	昆虫綱
緑藻綱	頭足綱	貧膜口綱	襟鞭毛虫綱	バシラス綱	γプロテオバクテリア綱	獣亜綱	原獣亜綱	無顎上綱	魚上綱	真獣下綱
後獣下綱	霊長目	クジラ目	恐竜上目・翼竜上目	ネコ目	ウシ目	アブラナ目	イネ目	腸内細菌目		



- ・ だれでも自由に閲覧・利用可能な、ライフサイエンス分野の画像・イラスト集
- ・ モデル生物、実験器具、実験装置、模式図、次世代シーケンサー、細胞、顕微鏡など、研究発表のスライド作成や資料作成等に利用可能
- ・ クレジットの明記で、転載・改変・再利用 OK



<http://refex.dbcls.jp/>



- ・ 遺伝子発現解析の基準となるデータを快適に検索できるウェブツール
- ・ 生命科学の公共データベースには遺伝子発現データが大量に蓄積されているが、その多様さ・膨大さから利用が困難
- ・ 正常臓器や細胞等における各遺伝子の遺伝子発現量を簡単に検索、閲覧できる

「データジャーナル」への投稿



Altmetric: 35 [More detail >>](#)

Article | [OPEN](#)

RefEx, a reference gene expression dataset as a web tool for the functional analysis of genes

Hiromasa Ono, Osamu Ogasawara, Kosaku Okubo & Hidemasa Bono 

Scientific Data **4**, Article number: 170105
(2017)
doi:10.1038/sdata.2017.105
[Download Citation](#)

[Gene expression profiling](#)

[Genetic databases](#) [Transcriptomics](#)

Received: 24 October 2016
Accepted: 29 June 2017
Published online: 29 August 2017



[PDF](#) [Share](#) [Share](#) [Tools](#) 

Associated Content

Collection

[The FANTOM5 project](#)

Scientific Data | [Comment](#) | [OPEN](#)

[The FANTOM5 collection, a data series underpinning mammalian transcriptome atlases in diverse cell types](#)

Hideya Kawaji, Takeya Kasukawa [...] Yoshihide Hayashizaki

Sections

[Figures](#)

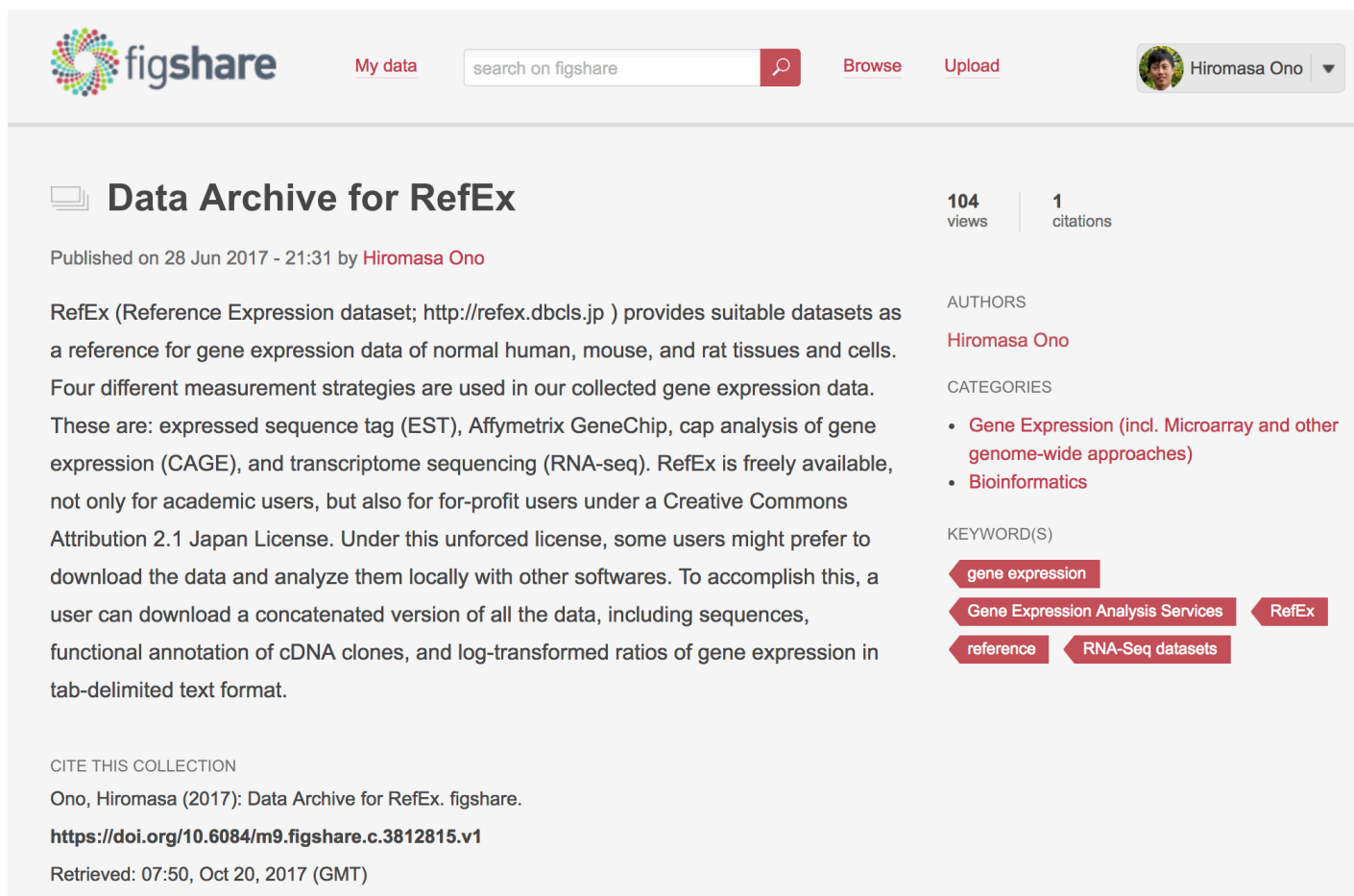
[References](#)

[Abstract](#)

- 新設されたArticleタイプの論文
 - 一次データセットについて測定の対象、方法、品質を記述する「Data descriptor」ではウェブツールは取り上げない
- Technical Validationを記述する
- 再解析したデータ・プログラムを公開レポジトリに公開する



「公開レポジトリ」への解析済みデータの寄託

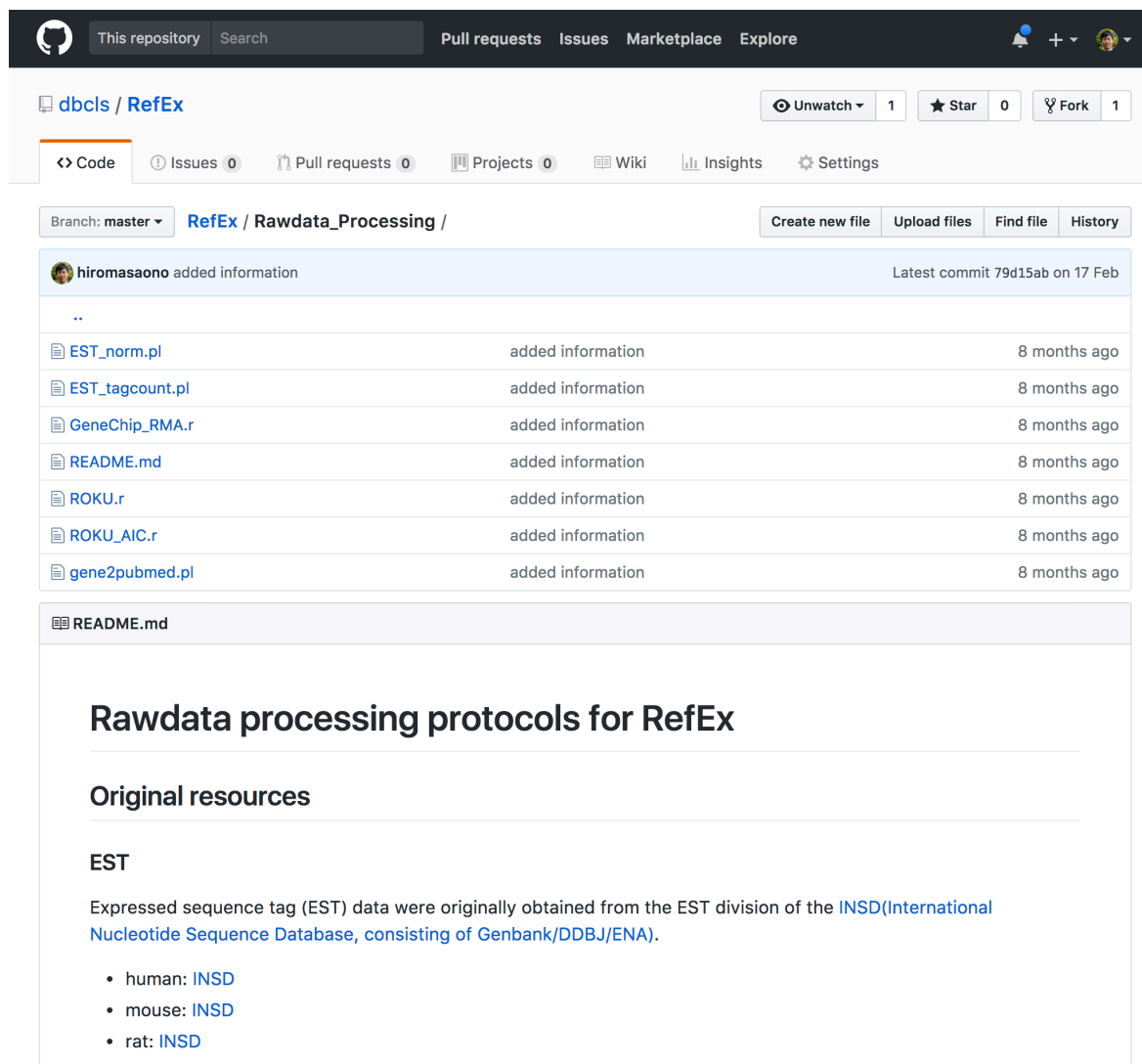


The screenshot shows the Figshare interface for a data archive. At the top, there's a navigation bar with the Figshare logo, a search bar, and links for 'My data', 'Browse', and 'Upload'. The user profile 'Hiromasa Ono' is visible on the right. The main content area features the title 'Data Archive for RefEx' with a document icon. Below the title, it states 'Published on 28 Jun 2017 - 21:31 by Hiromasa Ono'. The description explains that RefEx (Reference Expression dataset; <http://refex.dbcls.jp>) provides suitable datasets as a reference for gene expression data of normal human, mouse, and rat tissues and cells. It details four measurement strategies: expressed sequence tag (EST), Affymetrix GeneChip, cap analysis of gene expression (CAGE), and transcriptome sequencing (RNA-seq). It mentions that RefEx is freely available under a Creative Commons Attribution 2.1 Japan License. The right sidebar shows '104 views' and '1 citations'. Under 'AUTHORS', 'Hiromasa Ono' is listed. Under 'CATEGORIES', 'Gene Expression (incl. Microarray and other genome-wide approaches)' and 'Bioinformatics' are listed. Under 'KEYWORD(S)', there are tags for 'gene expression', 'Gene Expression Analysis Services', 'RefEx', 'reference', and 'RNA-Seq datasets'. At the bottom, there's a 'CITE THIS COLLECTION' section with the citation: 'Ono, Hiromasa (2017): Data Archive for RefEx. figshare. <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3812815.v1> Retrieved: 07:50, Oct 20, 2017 (GMT)'.

- <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3812815>
- 全ての再解析データがDOI付きで公開



「公開レポジトリ」への解析プログラムの寄託



dbcls / RefEx

Unwatch 1 Star 0 Fork 1

Code Issues 0 Pull requests 0 Projects 0 Wiki Insights Settings

Branch: master RefEx / Rawdata_Processing /

Create new file Upload files Find file History

hiromasaono added information Latest commit 79d15ab on 17 Feb

File	Action	Time
EST_norm.pl	added information	8 months ago
EST_tagcount.pl	added information	8 months ago
GeneChip_RMA.r	added information	8 months ago
README.md	added information	8 months ago
ROKU.r	added information	8 months ago
ROKU_AIC.r	added information	8 months ago
gene2pubmed.pl	added information	8 months ago

README.md

Rawdata processing protocols for RefEx

Original resources

EST

Expressed sequence tag (EST) data were originally obtained from the EST division of the [INSDB\(International Nucleotide Sequence Database, consisting of Genbank/DDBJ/ENA\)](#).

- human: [INSDB](#)
- mouse: [INSDB](#)
- rat: [INSDB](#)

- <https://github.com/dbcls/RefEx/>
- 公開データの再解析に用いたプログラムやドキュメントを整理



生命科学分野のプレプリントサーバ



arXiv.org > q-bio <https://arxiv.org/list/q-bio/recent>

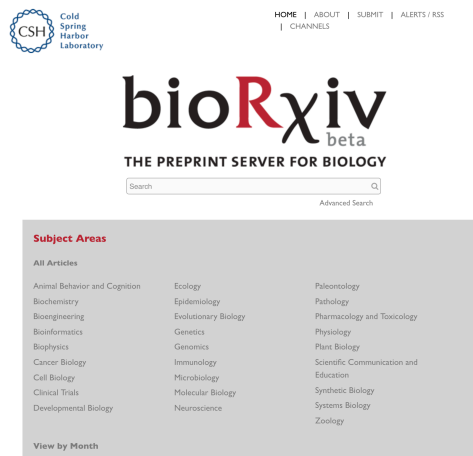


Quantitative Biology (since Sep 2003)

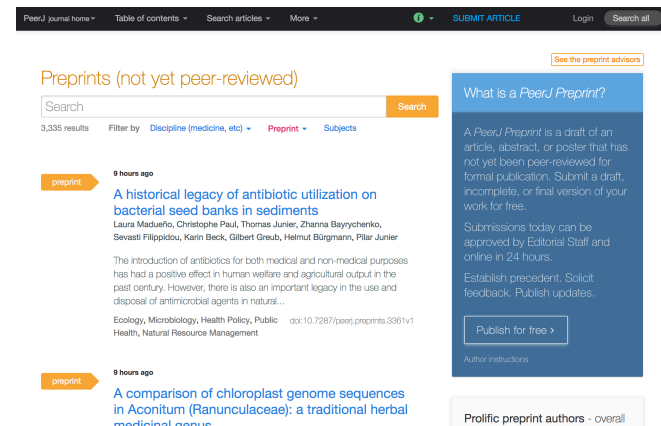
For a **specific paper**, enter the identifier into the top right search box.

- **Browse:**
 - **new** (most recent mailing, with abstracts)
 - **recent** (last 5 mailings)
 - **current month's q-bio** listings
 - **specific year/month:** 2017 10 Go
- **Catch-up:** Changes since: 15 10 (Oct) 2017 10, view results without abstracts Go
- **Search within the q-bio archive**
- **Article statistics by year:** 2017 2016 2015 2014 2013 2012 2011 2010 2009 2008 2007 2006 2005 2004 2003 2002 2001 2000 1999 1998 1997 1996 1995 1994 1993 1992
- **More information** about the q-bio archive

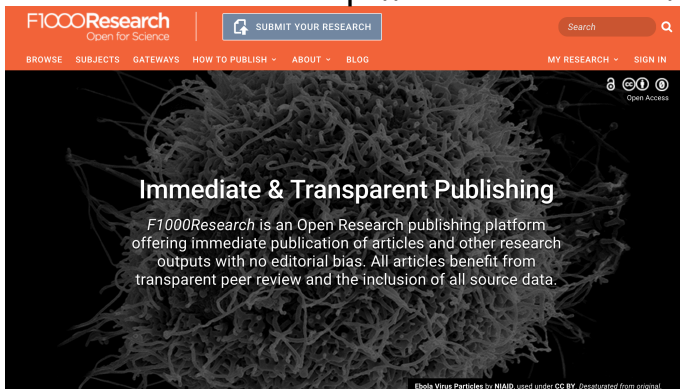
bioRxiv <https://www.biorxiv.org/>



PeerJ Preprints <https://peerj.com/preprints-search/>

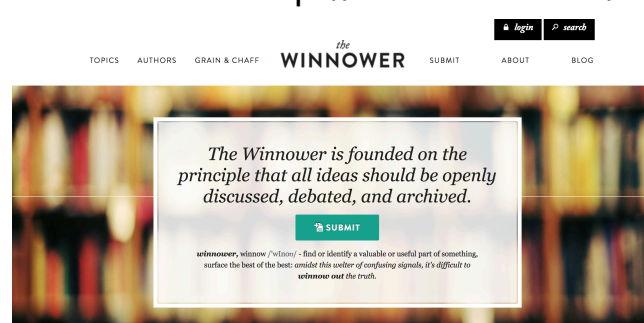


F1000Research <https://f1000research.com/>



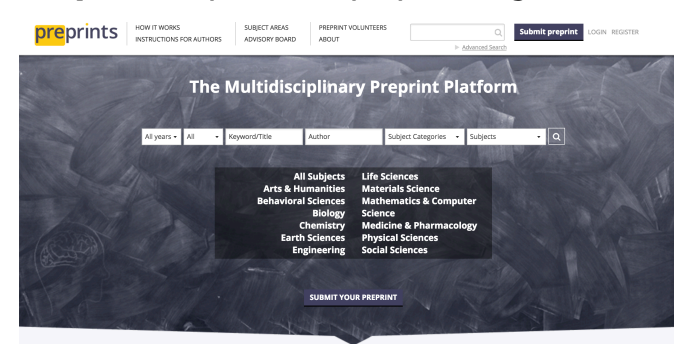
Why Publish on F1000Research?

the WINNOWER <https://thewinnower.com/>

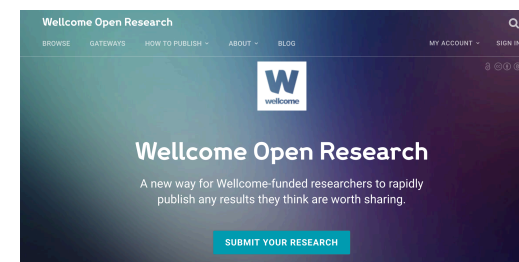


Submit your work. Collect Reviews. Assign DOI & Archive.

Preprints <https://www.preprints.org/>



Wellcome Open Research <https://wellcomeopenresearch.org/>



Licensed under CC-BY 4.0 © 2017 Hiromasa Ono (DBCLS)

プレプリントの検索サービス「PrePubmed」

<http://www.prepubmed.org/>

Omnes Res



Search

Advanced

Help

PrePubMed

PrePubMed indexes preprints from arXiv q-bio, PeerJ Preprints, bioRxiv, F1000Research, preprints.org, The Winnower, Nature Precedings, and Wellcome Open Research. Articles are not stored on PrePubMed, but you will be linked to

the article at the respective site.

Valid searches

Jordan Anaya
Anaya J
Anaya J cancer TCGA
"prognostic genes"

Invalid searches

Anaya J [au]
cancer AND TCGA
peptide OR protein
Berkeley

PrePubMed Tools

GRIM Test
General GRIM Test
GRIMMER Test
RSS Feed

Quick Guide

Titles Double Quotes!

Authors

Simply type name

Affiliations

Advanced Search

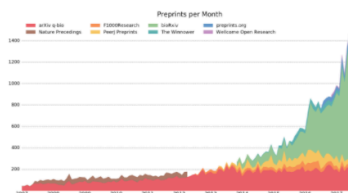
Text

Exact match

Terms

AND logic

Monthly Statistics



#preprint



Balint Kacsoh @BalintZKacsoh

Check out our new [#preprint](#) on Drosophila language and dialects! [#openaccess](#) [#Drosophila](#) [#dialects](#) @GiovanniBosco45 @JBozler



16h



Matthias Franken @MatthiasFranken

Why do speakers sometimes follow altered auditory feedback? Check out our new [#preprint](#) at [@PsyArXiv](#)! [dx.doi.org/10.17605/OSF.I...](https://doi.org/10.17605/OSF.I...)



Opposing and following res...
When talking, speakers contin...
psyarxiv.com



Oct 21, 2017



Denis A. Engemann @dngman

Making replication mainstream! [#preprint](#) [#openscience](#) [#psychology](#)

Embed

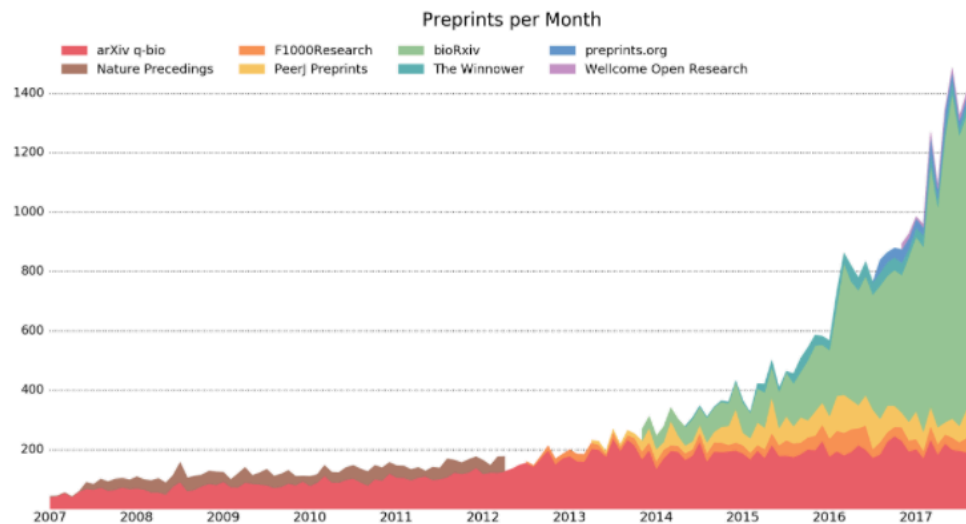
[View on Twitter](#)



Monthly Statistics for September 2017

1459 preprints added

753 new senior authors



http://www.prepubmed.org/monthly_stats/

生命科学分野のプレプリントサーバ「bioRxiv」

<https://www.biorxiv.org/>



HOME | ABOUT | SUBMIT | ALERTS / RSS
| CHANNELS

bioRxiv_{beta}

THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

Advanced Search

Subject Areas

All Articles

Animal Behavior and Cognition	Ecology	Paleontology
Biochemistry	Epidemiology	Pathology
Bioengineering	Evolutionary Biology	Pharmacology and Toxicology
Bioinformatics	Genetics	Physiology
Biophysics	Genomics	Plant Biology
Cancer Biology	Immunology	Scientific Communication and Education
Cell Biology	Microbiology	Synthetic Biology
Clinical Trials	Molecular Biology	Systems Biology
Developmental Biology	Neuroscience	Zoology

View by Month

- ・ 2013年11月にコールド・スプリング・ハーバー研究所が開始
- ・ 投稿は自由だが、体裁などの選別あり
- ・ 査読後に出版される前の研究成果の迅速な流通とフィードバックの活発化が期待されている
- ・ 現在までに16,000報以上の投稿
- ・ 有力な学術誌にそのまま転送して投稿できる機能
- ・ E-mailやRSS、Twitterによるアラートシステム










Licensed under CC-BY 4.0 © 2017 Hiromasa Ono (DBCLS)

List of academic journals by preprint policy

https://en.wikipedia.org/wiki/List_of_academic_journals_by_preprint_policy

Individual journals [\[edit \]](#)

Journal ↕	Publisher ↕	Policy type ▼	Policy text ↕	Source ↕
Journal of Biology of the Cell		Likely Incompatible / Unclear	Unclear. When submitting a manuscript to BoC it is understood that the data have been neither published nor also submitted for publication elsewhere in any language (excluding abstracts for conferences of less than one page and without illustrations)	[64] 
New England Journal of Medicine		Incompatible	NEJM expects that the articles it publishes will not have been published or released elsewhere before they are published in NEJM. The policy page does not explicitly mention preprints; however, the journal has come under public scrutiny.	[1] [2]
Bioessays	Wiley	Incompatible	Based on personal communication with editorial staff, deposition on preprint servers is considered prior publication.	[83] 
Journal of Clinical Investigation	ASCI [89] 	Incompatible	The JCI considers the following to be prior publication and therefore unacceptable: <ul style="list-style-type: none"> any printed or online material describing the findings, methods, or results of a submitted/in-press manuscript in excess of 400 words; any published tables or illustrations that in any way duplicate the content of another manuscript; any posters shown other than at a professional meeting and leaflets distributed other than to a professional audience (...) 	[90] 
Molecular Biotechnology	Springer	Incompatible	Based on personal e-mail communication with Publisher on 2016/12/19. Relevant quote from communication: "No is not compatible (if submitted in BioRxiv) we only publish original articles."	
FASEB Journal	FASEB	Compatible Compatible	FASEB permits the submission of preprint manuscripts, which will undergo the same review process as "non-preprint" manuscripts. Preprint submissions must meet the following criteria and conditions [...]	[3]
The BMJ (formerly British Medical Journal)	BMJ Publishing Group Ltd	Compatible	Preprint ("Original manuscript submitted to BMJ.") can be posted.	[39] 
Science	AAAS	Compatible	<i>Science</i> will not consider any original research paper or component of a research paper that has been published or is under consideration for publication elsewhere. Distribution on the Internet may be considered prior publication and may compromise the originality of the paper as a submission to <i>Science</i> , although we do allow posting of research papers on not-for-profit preprint servers such as arxiv.org and bioRxiv. Please contact the editors with questions regarding allowable postings to other servers.	[40] 
PNAS	NAS	Compatible	Posting to Preprint Servers, such as arXiv or bioRxiv, is permitted. See the PNAS statement  on prior publication for details, and see section vii for media embargo policies.	[4]



HOME | ABOUT | SUBMIT | ALERTS / RSS
| CHANNELS


Search



Advanced Search

New Results

Collaborative environmental DNA sampling from petal surfaces of flowering cherry *Cerasus* × *yedoensis* 'Somei-yoshino' across the Japanese archipelago

 Tazro Ohta, Takeshi Kawashima, Natsuko O. Shinozaki, Akito Dobashi, Satoshi Hiraoka, Tatsuhiko Hoshino, Keiichi Kanno, Takafumi Kataoka, Shuichi Kawashima, Motomu Matsui, Wataru Nemoto, Suguru Nishijima, Natsuki Saganuma, Haruo Suzuki, Y-h. Taguchi, Yoichi Takenaka, Yosuke Tanigawa, Momoka Tsuneyoshi, Kazutoshi Yoshitake, Yukuto Sato, Riu Yamashita, Kazuharu Arakawa, Wataru Iwasaki

doi: <https://doi.org/10.1101/165522>

 Previous

Posted July 19, 2017.

 **Download PDF**

 Share

 Email

 Citation Tools

 Tweet

 いいね! 0

 G+

Subject Area

Microbiology

<https://www.biorxiv.org/content/early/2017/07/19/165522>



Licensed under CC-BY 4.0 © 2017 Hiromasa Ono (DBCLS)



ゲノムのほうの愛ちゃん

@dritoshi

フォロー中

bioRxiv に preprint を置いたおかげで、世界中から反響が届いて、acceptされていないのに、国際共同研究がスタートしたり、有名どころで、すでに試してくれているところがあったりして、楽しいな。

20:11 - 2017年10月5日

18件のリツイート 59件のいいね



18

59



<https://twitter.com/dritoshi/status/915897232020316160>



ucchy 【いきもにあ両日】

@ucchy_v3

フォローする

Nature Plantsの某記事が読めねえ💢と思ってたら、bioRxivにPDFが上がってた。ありがたやありがたや。

10:26 - 2017年10月12日

3件のいいね



3



https://twitter.com/ucchy_v3/status/918286821234061312

プレプリントのメリット、デメリット

- ・ 即時性
- ・ オープンアクセス
- ・ アイデア・発見の先取権
- ・ SNSによる注目
- ・ 幅広いフィードバック
- ・ 新奇性の無いデータの発表

- ・ 不正確な研究成果の乱立
- ・ アイデアの盗用
- ・ 権威(?)がない

プレプリントを活用してオープンライフサイエンスを



仮説構築 から

実験、データ解析、

論文執筆 まで

研究者の暮らしをささえる



の 提供 で お送りしました

<http://dbcls.rois.ac.jp/>



Licensed under CC-BY 4.0 © 2017 Hiromasa Ono (DBCLS)



センターについて
研究開発
サービス
イベント
メンバー
アクセス
お問い合わせ



サービス
ホーム > サービス

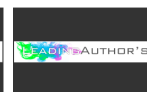
コンテンツ



統合TV



ライフサイエンス 新着論文レビュー



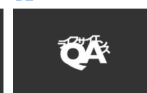
ライフサイエンス 領域融合レビュー



BodyParts3D/Anatomography



Togo Picture Gallery



ライフサイエンスQA

塩基配列



DBCLS Galaxy



DBCLS SRA



CRISPRdirect



統合遺伝子検索GGRNA



高速塩基配列検索GGGenome



Gendoo

遺伝子発現



RefEx



ChIP-Atlas



AOE (All Of gene Expression)

文献・テキストマイニング



Allie



Coil



inMeXes



OReFIL



PubAnnotation



TogoDoc Suite

セマンティック・ウェブ



OntoFinder & OntoFactory



TogoWS



TogoDB



TogoGenome



TogoTable



D2RQ Mapper