

平成27年度 NGSハンズオン講習会 R : Bioconductorの利用法 (7月30日) 講義資料

資料名	ファイル名
講義資料	<a href="#">Bioconductorの利用法(PDF:6.79MB)</a>
イントロ   一般   配列取得   プロモーター配列   GenomicFeatures (Lawrence_2013)	<a href="http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_getseq_promoter_GenomicFeatures">http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_getseq_promoter_GenomicFeatures</a>

○講義メモ	ハンズオンメモ
??alphabetFrequency実行結果は、MacとWin間で異なる。	
available.genomes()実行結果などで特定のキーワード(ex. 'Hsap')を含む行のみを抽出して表示させたい場合は、 <code>grep('Hsap', available.genomes())</code> などとすればよい。(受講生より情報提供)	<pre>genome &lt;- available.genomes() grep('Hsap', genome) hit &lt;- grep('Hsap', genome) genome[Hit]</pre>
<a href="#">イントロ</a>   <a href="#">一般</a>   <a href="#">配列取得</a>   <a href="#">プロモーター配列</a>   <a href="#">GenomicFeatures(Lawrence_2013)</a> で、取得したい領域がsense側のみゲノム配列の範囲内に収まるものを抽出する条件判定はしているものの、antisense側の条件判定は未実装であり改善が必要(2015/7/30の講義終了時点)。→取得したい領域がsense, antisense両方ともゲノム配列の範囲内に収まるものだけを抽出して出力するよりよいコードになった(受講生より提供情報; 2015/08/03追加)。	