

数理生物学演習

第8回 研究をはじめめるために

野下 浩司 (Noshita, Koji)

✉ noshita@morphometrics.jp

🏠 <https://koji.noshita.net>

理学研究院 数理生物学研究室

1

第8回：研究をはじめめるために

本日の目標

- 文献検索
- 論文の構成
- 文献管理
- 文献の引用方法

2

文献検索

- Google Scholar

<http://scholar.google.com/>

Google Scholar

- PubMed

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/>

PubMed

- Web of Science

<http://www.webofknowledge.com/>

<https://www.lib.kyushu-u.ac.jp/ja/databases/redirect/259>

Web of Science

- CiNii

<https://ci.nii.ac.jp/>

CiNii

など

他にもいろいろある。探したい文献のタイプにあわせて適切な検索エンジンを使おう。

3

文献管理ツールいろいろ

- Mendeley

- Papers

- Paperpile

- EndNote

- RefWorks

- Zotero

- BibDesk



Papers



Paperpile

EndNote



RefWorks

zotero



BibDesk

など

軽快さ、書誌情報データベース、料金、容量、アノテーション、クラウド同期、ソーシャル機能、リコメンド機能、対応プラットフォーム…、
など自分のニーズや好みにあったものを探そう

4

- 容量：100GB
 - プライベートグループ数：1000個
 - プライベートグループのメンバー数：100名
- 機関版が利用できる
- メールアドレスは九州大学のアドレスでなくても良い
 - 九州大学のキャンパス内ネットワークからMendeleyへログインすると自動的に九州大学の機関版へとアップグレードされる
 - 機関版の有効期間は九州大学のキャンパス内ネットワークからMendeleyへ最後にログインしてから12ヶ月間

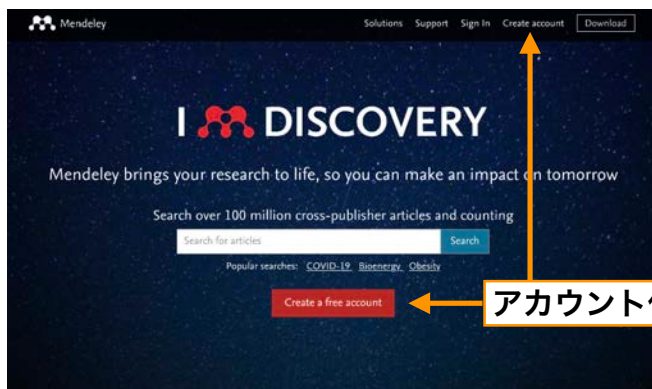
Mendeley | 九州大学附属図書館

<https://www.lib.kyushu-u.ac.jp/ja/databases/mendeley>

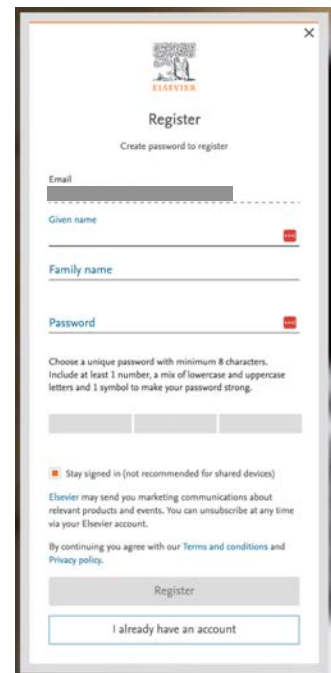
5

Mendeley : アカウント作成

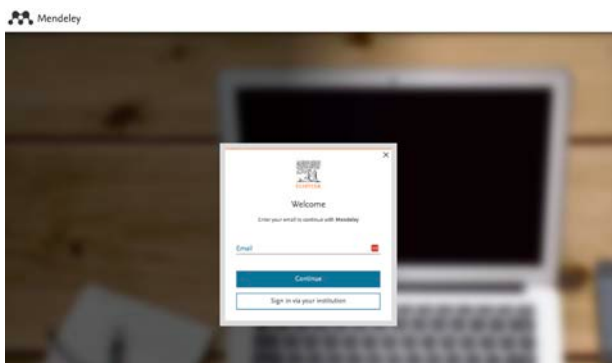
1. Mendeley Webページ



3. 氏名, パスワードを設定して登録



2. メールアドレスを入れてアカウントを作成



6

Mendeley Reference Manager : インストール

1. インストーラーのダウンロードページへ



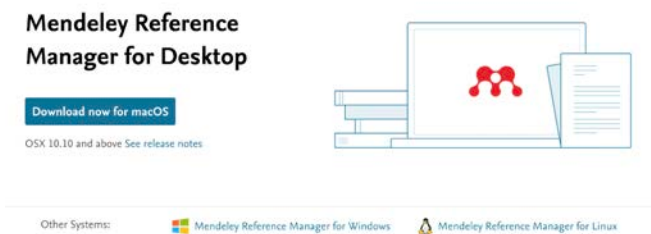
ダウンロードページへ

3. インストーラーを使ってインストール

4. Mendeley Reference Manager を起動し、作成したアカウントでログインする



2. 自分のOSに合わせてダウンロード



Webブラウザからでも利用できるの、インストールしなくてもOK

7

論文の構成

- Title : 論文の題名 (大体40words以下)
- Abstract 要旨 : 論文の要約 (大体400words以下)
- Introduction 序論 : 論文の意義づけ, 主張, 新規性, 重要性, 必要性.
- Materials & Methods 方法 : どうやってResultsを得たか? (なぜResultsが信頼できる?)
- Results 結果 : 論文のメッセージを支える事実
- Discussion 議論 : 主張, 論文のメッセージ, なぜResultsから論文のメッセージを主張できるか?
- References 引用文献 : 引用文献のリスト

この形式をIMRAD (Introduction, Methods, Results and Discussion) という。基本はIMRAD形式だが、分野や雑誌によってスタイルが異なる。

8

他のスタイルの例 (1)



Latent developmental and evolutionary shapes embedded within the grapevine leaf

Daniel H. Chitwood¹, Laura L. Klein², Regan O'Hanlon², Steven Chacko², Matthew Greg², Cassandra Kitchen², Allison J. Miller² and Jason P. Londo³

¹Donald Danforth Plant Science Center, St. Louis, MO 63132, USA; ²Department of Biology, Saint Louis University, St. Louis, MO 63103, USA; ³United States Department of Agriculture, Agriculture Research Service, Grape Genetics Research Unit, Geneva, NY 14456, USA

Title
Abstract
Introduction
Materials & Methods
Results
Discussion
References

Chitwood, D. H., Klein, L. L., O'Hanlon, R., Chacko, S., Greg, M., Kitchen, C., et al. (2016). Latent developmental and evolutionary shapes embedded within the grapevine leaf. *The New Phytologist*, 210(1), 343–355.

OPEN ACCESS Freely available online



Imitation, Genetic Lineages, and Time Influenced the Morphological Evolution of the Violin

Daniel H. Chitwood*

Donald Danforth Plant Science Center, St. Louis, Missouri, United States of America



Title
Abstract
Introduction
Results and Discussion
Conclusion
Materials & Methods
References

Chitwood, D. H. (2014). Imitation, Genetic Lineages, and Time Influenced the Morphological Evolution of the Violin. *PLoS ONE*, 9(10), e109229.

雑誌によってスタイルが異なる

9

他のスタイルの例 (2)

OPEN ACCESS Freely available online



Imitation, Genetic Lineages, and Time Influenced the Morphological Evolution of the Violin

Daniel H. Chitwood*

Donald Danforth Plant Science Center, St. Louis, Missouri, United States of America



Title
Abstract
Introduction
Results and Discussion
Conclusion
Materials & Methods
References

Chitwood, D. H. (2014). Imitation, Genetic Lineages, and Time Influenced the Morphological Evolution of the Violin. *PLoS ONE*, 9(10), e109229.



RESEARCH ARTICLE

Genomic Prediction of Biological Shape: Elliptic Fourier Analysis and Kernel Partial Least Squares (PLS) Regression Applied to Grain Shape Prediction in Rice (*Oryza sativa* L.)

Hiroyoshi Iwata^{1*}, Kaworu Ebana², Yusaku Uga³, Takeshi Hayashi⁴

¹ Department of Agricultural and Environmental Biology, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, University of Tokyo, Bunkyo, Tokyo, Japan, ² Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Ibaraki, Japan, ³ Agronomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Ibaraki, Japan, ⁴ Agrometabolism Division, National Agricultural Research Center, National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba, Ibaraki, Japan

* iwata@maff.ecc.u-tokyo.ac.jp



Title
Abstract
Introduction
Materials & Methods
Results
Discussion
Conclusion
References

Iwata, H., Ebana, K., Uga, Y., & Hayashi, T. (2015). Genomic Prediction of Biological Shape: Elliptic Fourier Analysis and Kernel Partial Least Squares (PLS) Regression Applied to Grain Shape Prediction in Rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS ONE*, 10(3), e0120610.

同じ雑誌でも記事毎にスタイルが異なる場合もある

10

他のスタイルの例（3）

IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, VOL. XX, NO. XX, JUNE 2018

DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs

Liang-Chieh Chen, George Papandreou, *Senior Member, IEEE*, Iasonas Kokkinos, *Member, IEEE*, Kevin Murphy, and Alan L. Yuille, *Fellow, IEEE*

Title
Abstract
Introduction
Related Work
Methods
Experimental Results
Conclusion
References

Chen, L. C., Papandreou, G., Kokkinos, I., Murphy, K., & Yuille, A. L. (2018). DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 40(4), 834–848.

SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Scene Segmentation

Vijay Badrinarayanan, Alex Kendall, Roberto Cipolla, *Senior Member, IEEE*,

Title
Abstract
Introduction
Literature Review
Architecture
Benchmarking
Discussion and Future Work
Conclusion
References

Badrinarayanan, V., Kendall, A., & Cipolla, R. (2017). SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 39(12), 2481–2495.

分野によってスタイルが異なる

11

とはいえ、基本はIMRAD形式。
スタイルが異なっても要素は一緒。
(専門用語や英文法の詳細よりは) 論文の
論理構造を捉えることに注力しよう。

12

引用

- 他者の著作の一部を自身の著作の一部として紹介・提示すること。
- 論文においては、他者の主張や結果などを自身の論文中で紹介する場合やそれを自身の主張の論拠する場合に他の文献を引用する。
- 引用する場合には出典を明記する必要がある。

例.

Hammer and Bucher (2005) defined the growth vector as a measure of shell growth per arbitrary time step, which may be standardized by “size”.

The aperture map (AM), proposed by Rice (1998), provides the norm (or magnitude) of the growth vector at each location of the GVM.

References

- Hammer, Ø., Bucher, H., 2005. Models for the morphogenesis of the molluscan shell. *Lethaia* **38**, 111–122.
- Rice, S.H., 1998. The bio-geometry of mollusc shells. *Paleobiology* **24**, 133–149.

Noshita (2016) 13

引用の方法（1）

- 直接引用：オリジナルの文章をそのまま（一字一句変えずに）引用すること。引用符などで本文と区別する必要がある。
- 間接引用：オリジナルの内容を要約や言い換えて引用すること。

直接引用の例

Rice (1998) pointed out that “the aperture map (the relative rates of shell production) stays the same through this uncoiling process, even if the total amount of shell produced decreases” and that “this strategy only works to a point, though, after which further uncoiling requires a change in the shape of the aperture map”.

間接引用の例

Hammer and Bucher (2005) defined the growth vector as shell growth rate. It may be standardized by “size”.

Noshita (2016)

引用の方法（2）

（著者が3名以上の場合には） *et al.* で略することもある

Here, we adopt the terminologies used by Urdu et al. (2010).

Noshita (2016)

et al. はラテン語 *et alii* (and others) の略.

Urdu, S., Goudemand, N., Bucher, H., Chirat, R. (2010). Allometries and the morphogenesis of the molluscan shell: a quantitative and theoretical model *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution* 314B(4), 280-302. <https://dx.doi.org/10.1002/jez.b.21337>

文中での引用形式も様々で、番号で示す場合もある

理論形態学が創始される契機となった Raup のモデル(Raup's model)を見てみよう [1-4]

野下 (2017)

（引用元を示さない）コピペはやめよう。 「盗用」という不正行為です。

課題に（Webあるいは他者からの）画像や文章のコピペはダメ。

これらは不正行為にあたります。絶対にやめてください。

何かの例や参考として画像や文章を利用したい場合は適切に引用しましょう。

文献の探し方

17

文献の探し方

- 検索エンジン：最初の一步
 - Google Scholar
 - Web of Science など
- 参考文献：より具体的な文献へのアクセス
- 定期：興味ある雑誌や会議をチェック
 - 定期購読
 - RSS など
- SNS：狙い撃ち，研究者をフィルター化
 - ResearchGate
 - Twitter など
- LLM：自然言語ベースでのクエリ
 - Perplexity
- 可視化ツール：論文同士の繋がりを見る
 - Connected Papers
 - その他

時代によって文献の探し方も変わっていく。自分なりの方法を考えアップデートしていこう。¹⁸

Google Scholar

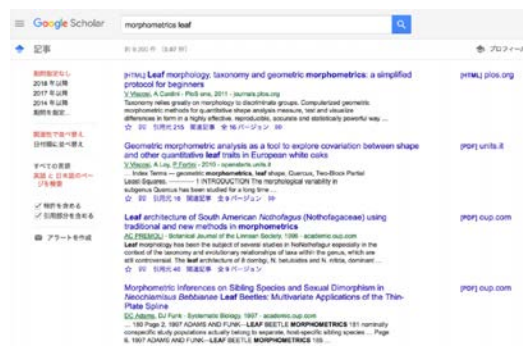


すべての言語 英語と日本語のページを検索

巨人の肩の上に立つ

Google Scholar in English

興味のあるキーワードを2, 3個入力して検索



いっぱい出てくる



面白そうなのを見つける
or
条件を追加して絞る
追加キーワード
年代 など

19

九州大学 学内ネットワークへのアクセス

Web of Scienceの例



SSO-KIDでログイン

- 九州大学附属図書館
- 学外から電子ジャーナルやデータベースにアクセスするには
<https://guides.lib.kyushu-u.ac.jp/remote-access>

20

論文にアクセスできない😓

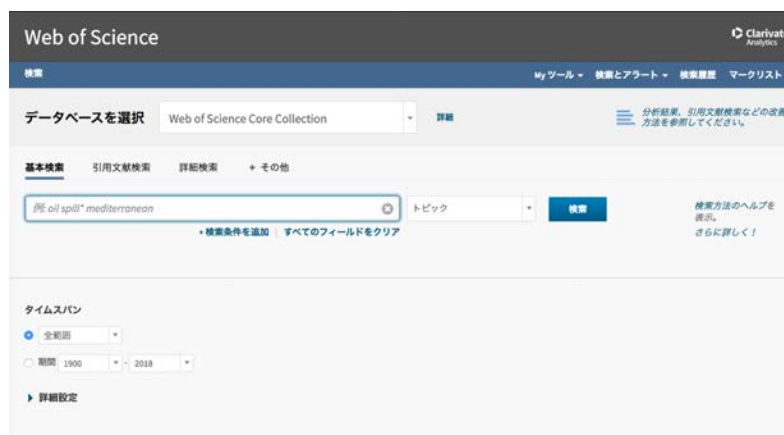
大学が契約していない論文は読めない

- オプション1. 有料で購入する
- オプション2. 著者に連絡して別刷りをもらう
- オプション3. プレプリントを手に入れる

今回の演習ではとりあえず諦めて別論文をダウンロードでOK。
もちろん、著者に連絡を取り別刷りをリクエストしても良い。

21

Web of Science

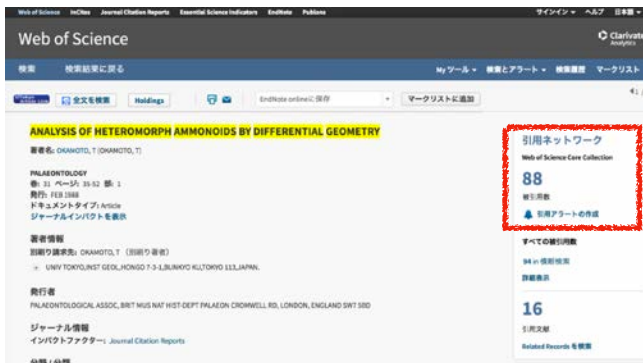


興味のあるキーワードを2, 3個入力して検索

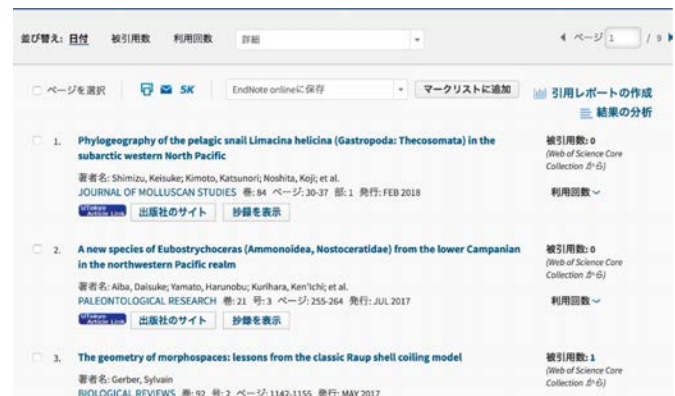
Web of Scienceも学内ネットワークからのみアクセス可能

22

被引用文献リスト



選択した論文が“引用されている（被引用）論文”のリストを調べる事が可能



23

その他の文献の探し方

ResearchGateなどの自動配信：論文をMendeleyに入れて、自動配信をONにしておくと、定期的におすすめ論文が送られてくる。たまに意図しない分野から近い興味の記事を紹介してくれる。ResearchGateなどにも似た機能がある。

RSS：論文誌などがRSSを公開しているので、RSSリーダー（Feedlyとか）で読めるようにしておく。

SNS：Twitterとかで研究者をフォローしておくと、その研究者の研究やその研究者が興味ある分野の論文を宣伝・紹介していたりする。

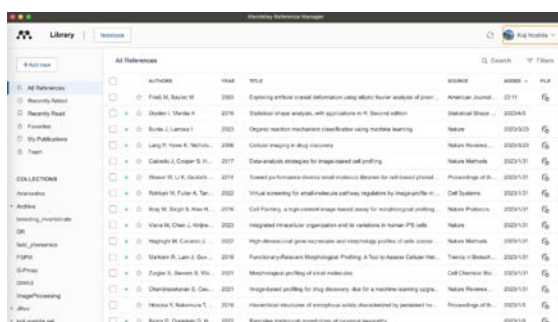
LLM：Perplexityなど、大規模言語モデルを活用したAI検索エンジンで、知りたいことの要約+参考文献を探す。ただし使うエンジンによっては提案された参考文献が実は存在しない、あまり関係ない、という例もあるので利用には注意が必要。

可視化ツール：Connected Papersなどで引用文献や被引用文献の関係性をもとにしたグラフを見て、重要そうな論文（ハブになっているものなど）や話題（クラスター）を整理する

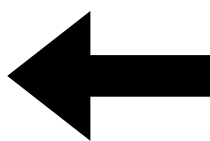
24

Mendeleyで文献管理

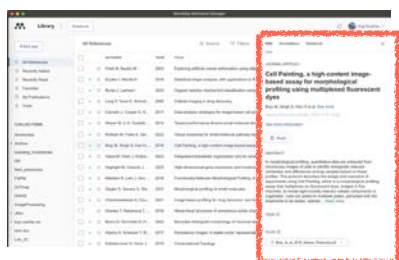
Mendeleyへの取り込み



ドラッグ&ドロップ



IDによる書誌情報の取得



IDENTIFIERSの
いずれかにIDを
入力して検索

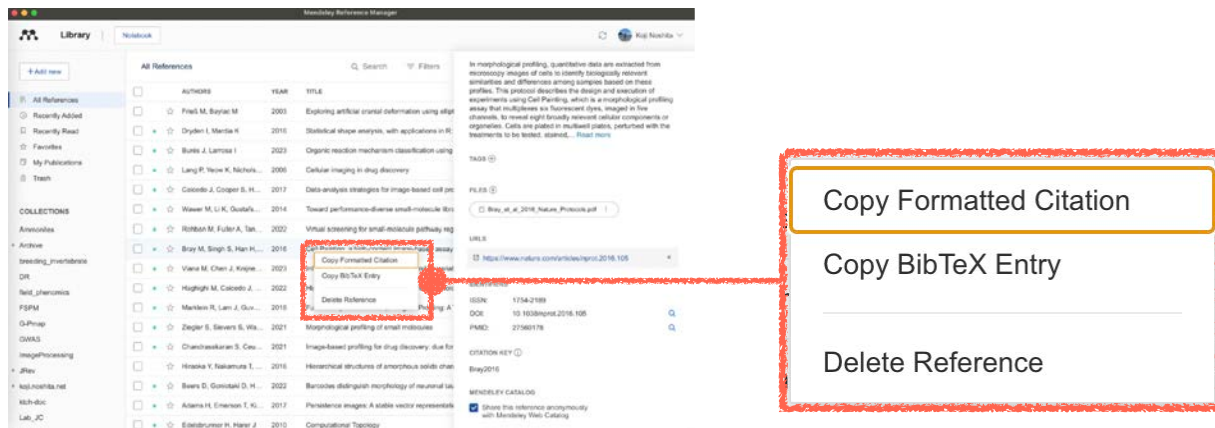


IDENTIFIERS	
ISSN:	1754-2189
DOI:	10.1038/nprot.2016.105
PMID:	27560178

今回はDOIを入力しよう！

Mendeleyから書誌情報の取得

文献を選択して右クリックし、「Copy Formatted Citation」



書誌情報を特定のフォーマットでコピーできる

Bray, M.-A., Singh, S., Han, H., Davis, C. T., Borgeson, B., Hartland, C., Kost-Alimova, M., Gustafsdottir, S. M., Gibson, C. C., & Carpenter, A. E. (2016). Cell Painting, a high-content image-based assay for morphological profiling using multiplexed fluorescent dyes. *Nature Protocols*, 11(9), 1757–1774. <https://doi.org/10.1038/nprot.2016.105>

27

Mendeleyの様々な機能

- クラウド同期
 - Wordプラグイン
 - 雑誌にあわせた引用スタイル
 - 文献の共有（プライベートグループ）
- など

Getting started with Mendeley Reference Manager

<https://www.mendeley.com/guides/mendeley-reference-manager/>

28

本日の課題 ノーマル

1. Google ScholarもしくはWeb of Scienceを用いて、興味ある論文を1本探し、読む。その後、配布したテンプレートに従い内容を1枚にまとめよ。
2. 最終課題発表会のチーム名及びチームメンバを書け
3. 質問、意見、要望等をどうぞ。

課題をノートブック (.ipynbファイル) にまとめて、Moodleにて提出すること
ファイル名は[回数, 01~15]_[難易度, ノーマル nかハード h].ipynb. 例. 08_n.pdf 29

本日の課題 ハード

ノーマル課題とまとめて提出

1. ノーマル課題1で読んだ論文が引用している論文の中から興味ある論文を1本探し、読む。その後、配布したテンプレートに従い内容を1枚にまとめよ。

課題をノートブック (.ipynbファイル) にまとめて、Moodleにて提出すること
ファイル名は[回数, 01~15]_[難易度, ノーマル nかハード h].ipynb. 例. 08_h.pdf 30

最終課題

- 数理生物学的なテーマを設定し
- 計算機を使ったアプローチで取り組み
- レポートにまとめる

ノーマルとハードのいずれかを選択

31

ノーマル

- IMRAD形式でレポートにまとめる
 - イントロダクション：論文を2本以上引用し，取り組むテーマについて説明する
 - マテリアル&メソッド：イントロダクションを踏まえ，レポート内で実施する解析・シミュレーションを説明する．参考にした文献について適宜引用する．
 - 結果：解析・シミュレーションの結果をまとめる．
 - 議論：結果を解釈し，先行研究と比較して考察する．
 - 参考文献：少なくとも3本以上
 - 適宜，図表を用いる．
- 参考文献として読んだ論文から1本以上を選び，テンプレートに従いまとめる

32

ハート

- IMRAD形式でレポートにまとめる
 - イントロダクション：論文を4本以上引用し，取り組むテーマについて説明する
 - マテリアル&メソッド：イントロダクションを踏まえ，レポート内で実施する解析・シミュレーションを説明する．参考にした文献について適宜引用する．
 - 結果：解析・シミュレーションの結果をまとめる．
 - 議論：結果を解釈し，先行研究と比較して考察する．
 - 参考文献：少なくとも6本以上
 - 適宜，図表を用いる．
- 参考文献として読んだ論文から3本以上を選び，それぞれテンプレートに従いまとめる

33

最終課題発表会

第13回（予定）に実施

- 1～6名でチームを組んで取り組む
- メンバーの一人の内容について最終課題への取り組み方（テーマ，背景，どんなモデル，解析で取り組むか，（+期待される結果））の紹介・説明（仮でOK!）
- スライド5～7ページにまとめて，5分以内でプレゼン
- スライドの1ページ目はタイトルとチーム名及びメンバーの一覧必須

対面で実施予定．ただし，状況次第で変更の可能性あり．
チームメンバー全員前に出て，スライド使って，プレゼン．
Slackで来た質問にも回答できるとGood．

みんな一言ぐらいは喋ってね．

34

第13回の課題（予定）

1. 最終課題発表会で使用したスライド
pdf化して，他の内容と一緒に提出
2. 他の発表者の内容についてのコメント
それぞれの発表について，発表者のチーム名
とそれに対する意見，質問などを記入.
- ハード 3. Slackにて1回以上，発表者に質問する.
- ハード 4. Slackできた質問に1回以上回答する.
5. 質問，意見，要望等.

変わるかもしれませんが，概ねこんな感じになる予定.

チーム決め

- 最終課題発表会向けのチームを作ってください
- 1～6人チーム。ただし，チームの人数が少なくても最終課題発表会での点数が加点されることはない（人数多いほうが分業できる。そのかわりチームと協調する必要がある。）
- 複数人のチームでも発表できるのは1人の課題についてのみ。
- 課題提出までに決めて，課題で回答しよう
- Slackにチームのチャンネルを作るなどしてコミュニケーションを取りながら作業を進めよう（その他のツールでもOK）

次回予告

第9回：疫学モデル

6月19日

復習推奨

- SIRモデルの解析
- オイラー法
- matplotlibによる可視化

37

今後の予定

- 6月19日 第9回 数理生物学は役に立つのか？（1）：疫学モデル，研究紹介
- 6月26日 第10回 人工生命，セルオートマトン，（ライフゲーム）
- 7月3日 第11回 数理生物学は役に立つのか？（2）：数理モデルを用いた植物デンプン代謝の解析
- 7月10日 第12回 パターン形成，（拡散反応モデル）
- 7月24日 第13回 最終課題発表会
- 7月31日 第14回 数理生物学は役に立つのか？（3）：機械学習，画像解析，研究紹介，数理生物学でのプログラミング
- 8月18日 最終課題提出期限

基本ハイブリッド，第13回は原則対面。

38

宣伝

数理生物学

第9回：「かたち」の数理モデル（2）

6月14日

内容

- ・ 形態測定学
 - ・ プロクラステス解析
 - ・ 楕円フーリエ解析
- など