
遺伝子発現データの知識化

～公開レポジトリデータの活用～

2021年8月19日



Japan Science and Technology Agency

バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)

自己紹介

太田紀夫 (おおた としお) toshio.ota@jst.go.jp

- ・ 製薬会社で35年間、研究業務に従事。退職後、NBDCに再就職
 - '84~'93 抗生物質生産菌育種研究、組換え酵素の大量生産系開発
 - '93~'96 放線菌ゲノム解析・ゲノム育種
 - '96~'03 ヒト完全長cDNA解析／経産省 NEDO ヒト完全長cDNAプロジェクト
 - '00~'08 DNAマイクロアレイを活用した創薬研究
 - '08~'19 生命科学情報を活用した創薬研究・開発支援
 - '19~ **NBDC企画運営室 (現職)**

【会社員時代にやってきたこと】

- ✓ 創薬標的探索、バイオマーカー探索 (データマイニング)
- ✓ 病態機序、薬効機序、毒性機序 (プロファイリング・機序解析)
- ✓ 予後予測、薬効予測、毒性予測 (判別分析)

【担当していた業務】

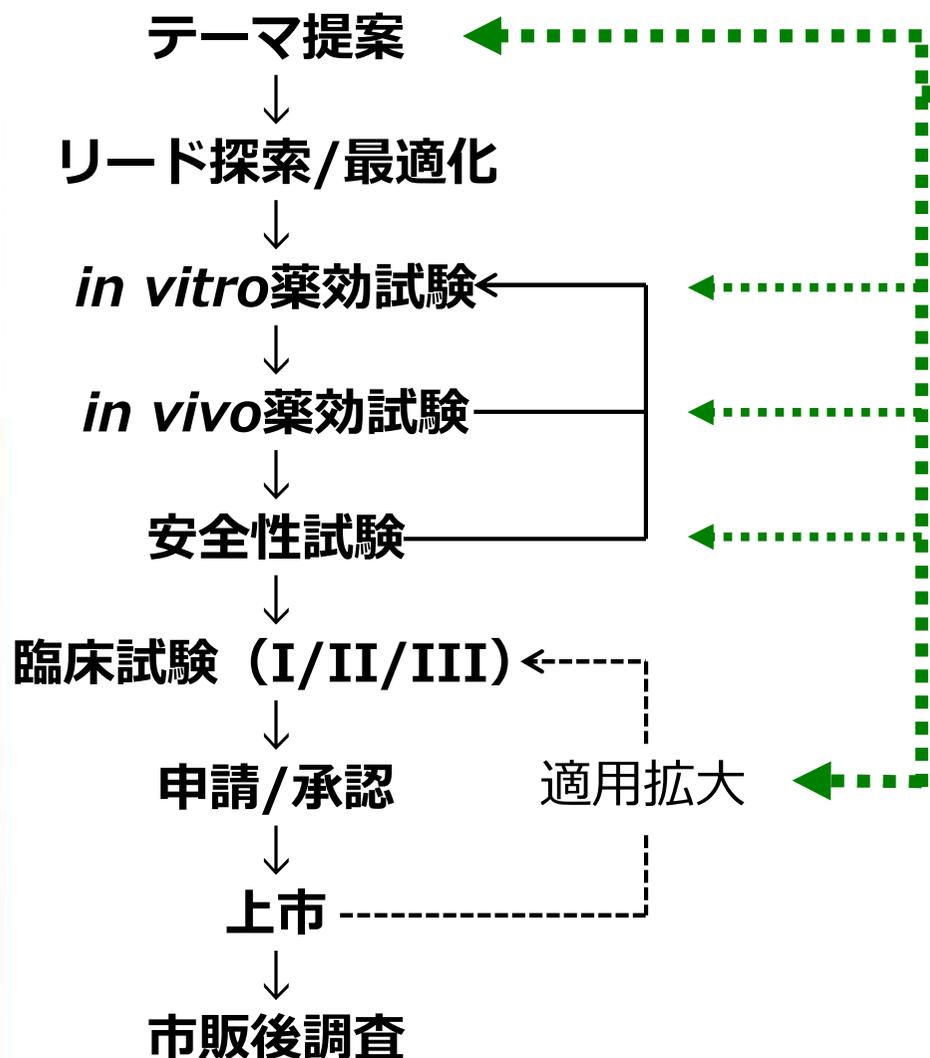
がん、免疫・アレルギー、中枢神経、腎臓、安全性、新規テーマ探索、開発支援

【使っていたデータベース・ツール等】

NCBI Gene, Blast, GEO, SRA, dbEST, UniGene, HomoloGene, PubMed, OMIM, ClinVar, GRASP, GSEA, Connectivity Map, Cell Encyclopedia, NCI 60, caArray, UniProt, Ensembl, COSMIC, ArrayExpress, BioMart, RefEx, GGRNA, GGGenome, Allie, Chip-Atlas, FANTOM, DBTSS, *GeneSpring GX*, *SpotFire*, *IPA*, *MetaCore/KPA*, *NextBio (Correlation Engine)*ほか

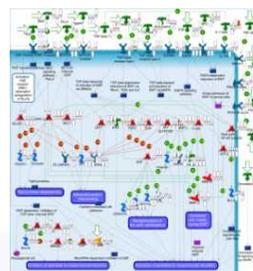
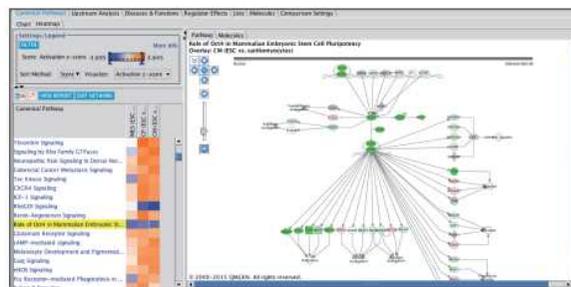
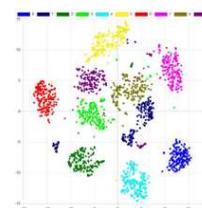
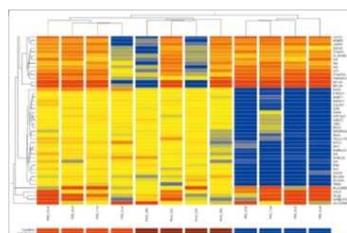
くすりの開発とデータ活用

【創薬研究－開発の流れ】

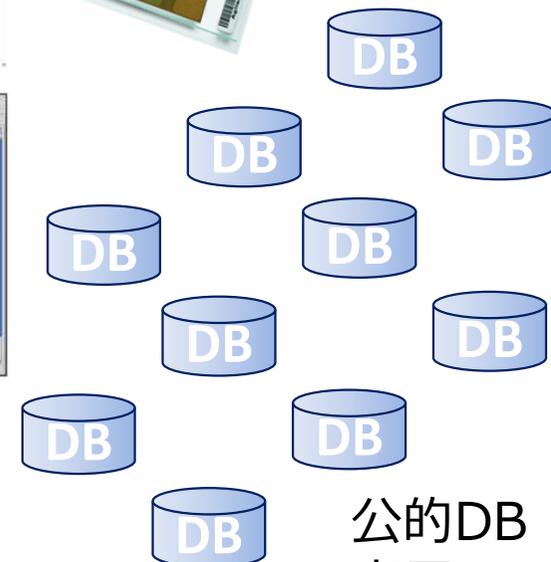


情報調査・解析

- データマイニング (Data Mining)
- プロファイリング (Profiling)
- 判別分析 (Discriminant Analysis)



自社・外注分析



公的DB
商用DB

バイオインフォーマティクス？

"No"

or

データサイエンティスト？

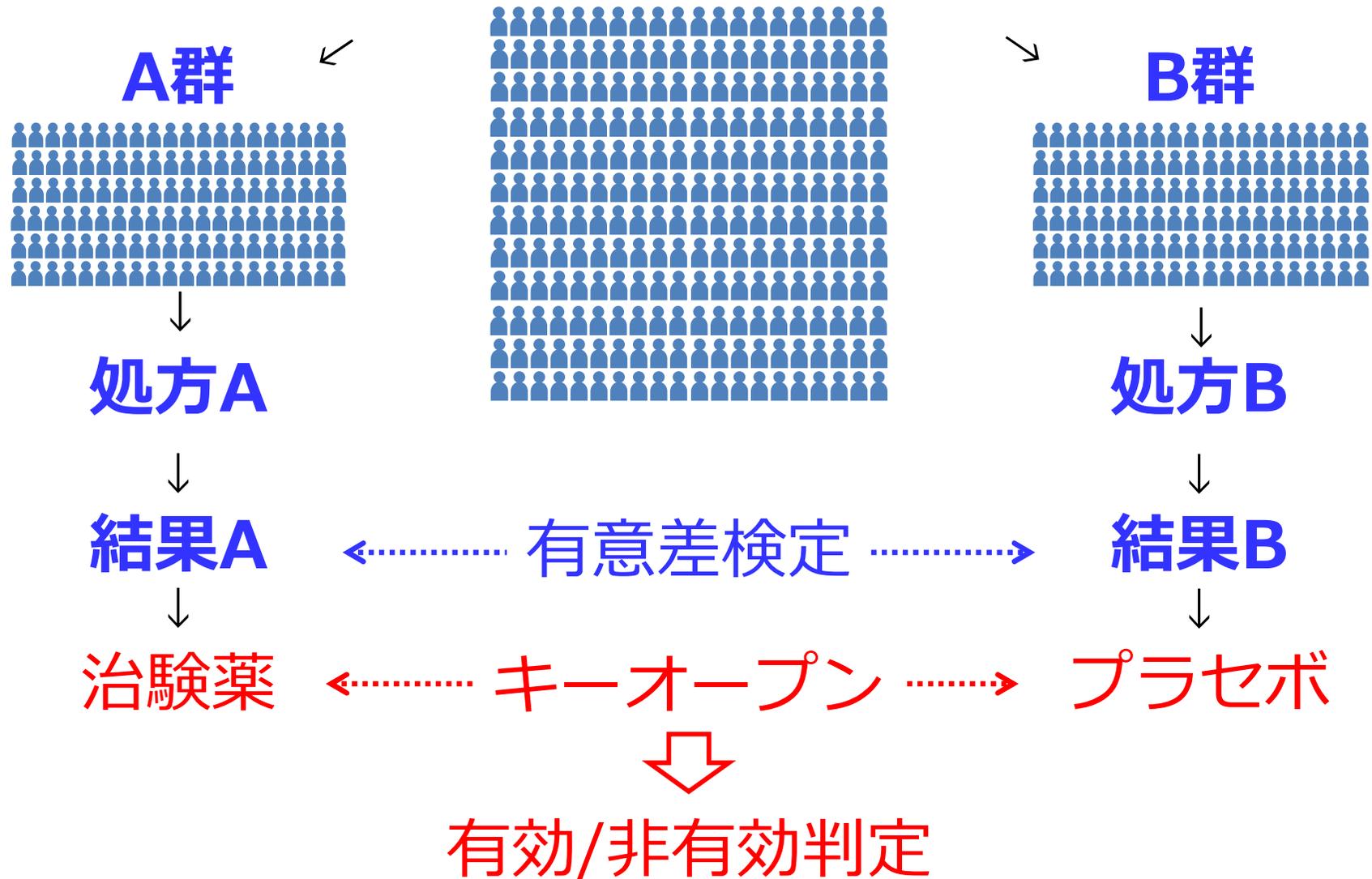
"Yes"

(たぶん…)

「統計学的有意差」

臨床試験(二重盲検比較試験)

被験者エントリー



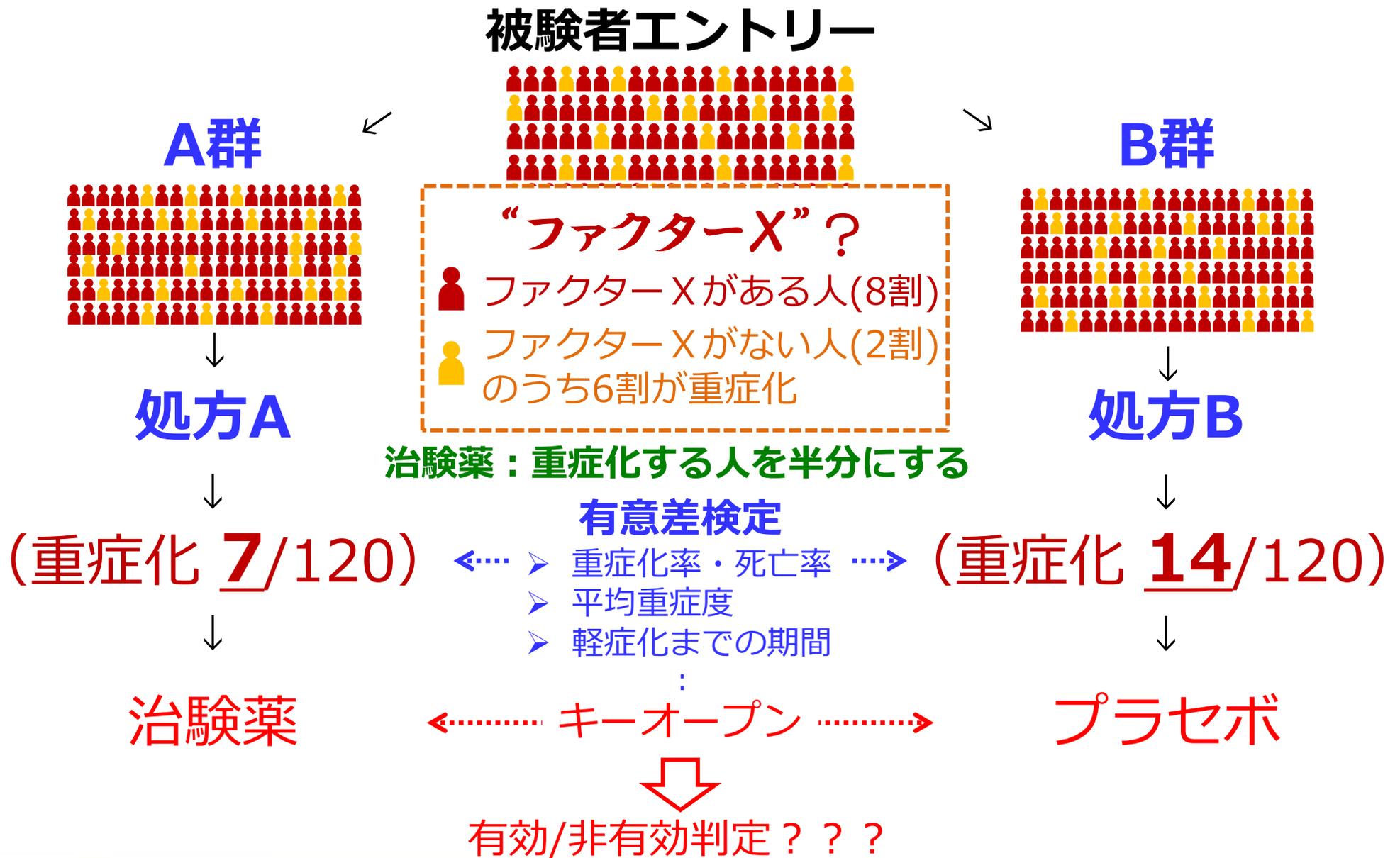
バイオインフォマティクスにおける **統計学**

「統計学」 はとても重要です。
だから、よく勉強して理解しましょう。

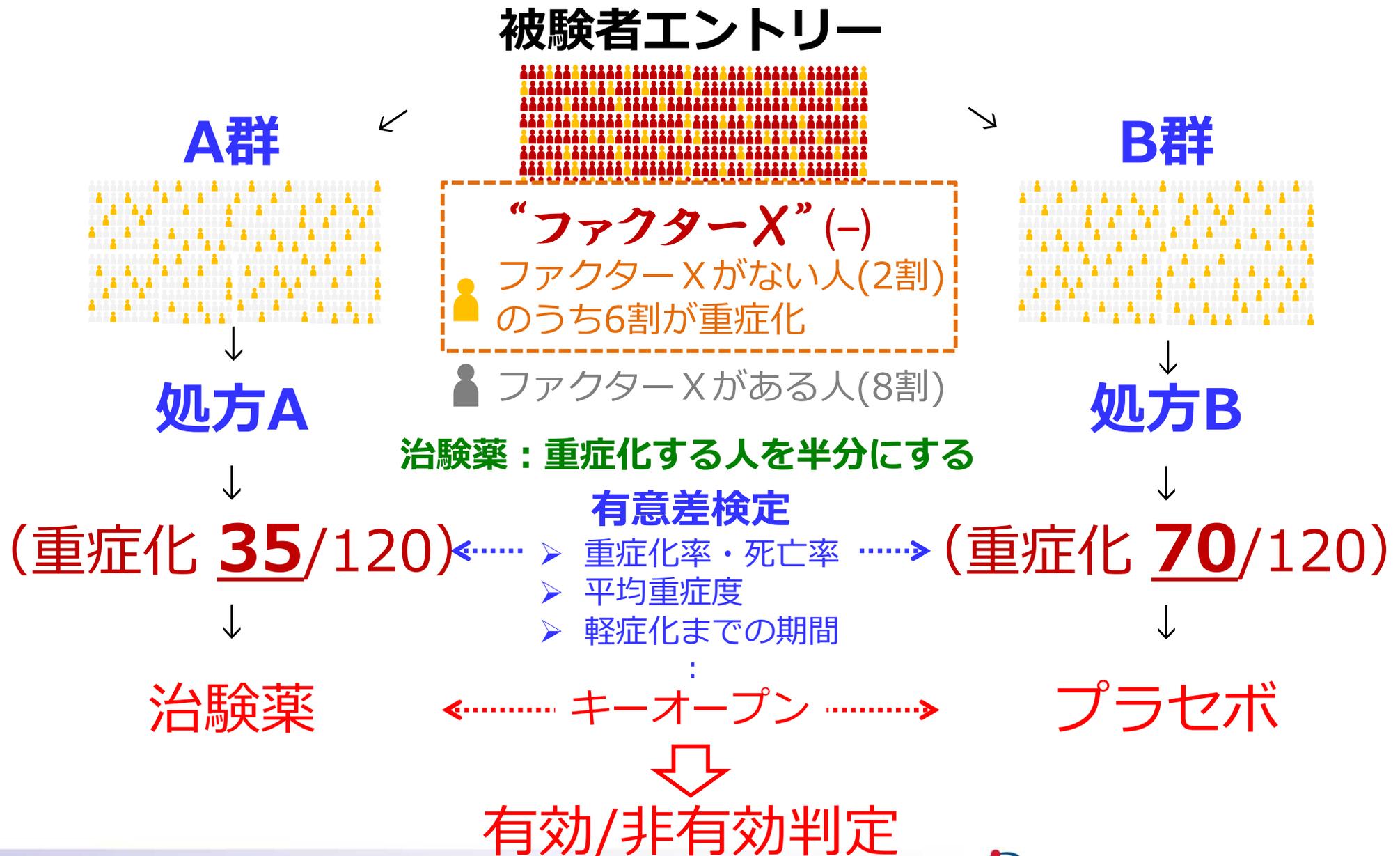


“ファクターX”の呪い

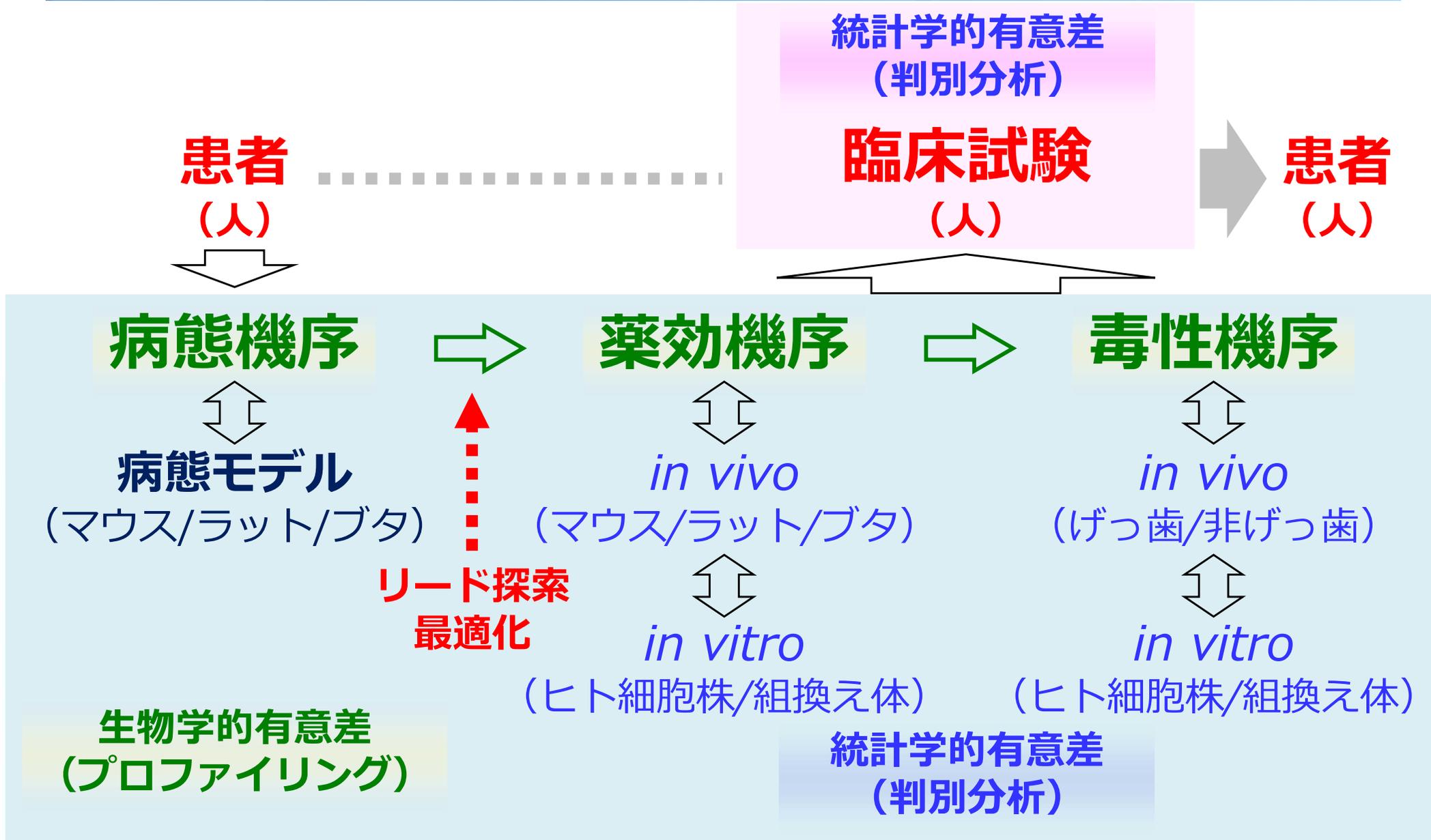
不均一な標本での有意差検定の問題



層別化マーカーを使った臨床試験



統計学的有意差と生物学的有意差



“統計学的”有意差

&

“生物学的”有意差

どちらも大切！

公共レポジトリの遺伝子発現データ

福田繁雄 「潮風公園島の日曜日の午後」



公共レポジトリの遺伝子発現データ

【気になる点】

- 衆目に晒されている使い古されたデータ。
- どうせデータを取った人がしゃぶりつくしている。
- サンプル調製や実験などの条件がまちまち。
- サンプルに関する情報が十分でないデータも多い。
- 記載されている情報が本当かどうかわからない。
- ひと昔前の技術で取られた古いデータ。
- どの馬の骨かもわからないデータ。

⋮

所詮、「他人が取ったデータ」・・・

遺伝子発現データの公共レポジトリ

NCBI Gene Expression Omnibus (GEO)

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)



EBI Array Express

(<http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/>)



Genomic Expression Archive (GEA)

(<https://www.ddbj.nig.ac.jp/gea/index-e.html>)



【URL】 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

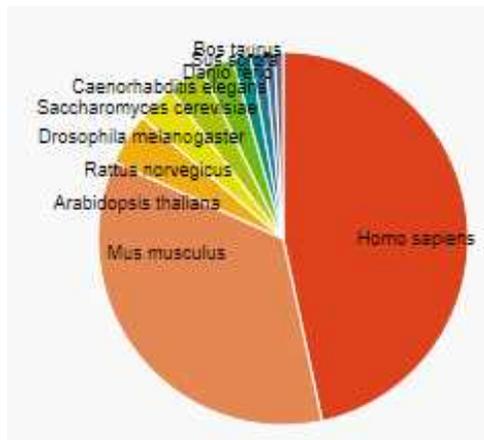
NCBI GEOの公開データ数 (2021.08.08現在)

DataSets (GDS):	4,348	NCBIがまとめた解析単位
Series (GSE):	158,136	登録された実験セット
Platforms (GPL):	22,456	測定プラットフォーム
Samples (GSM):	4,560,461	サンプルごとのデータ

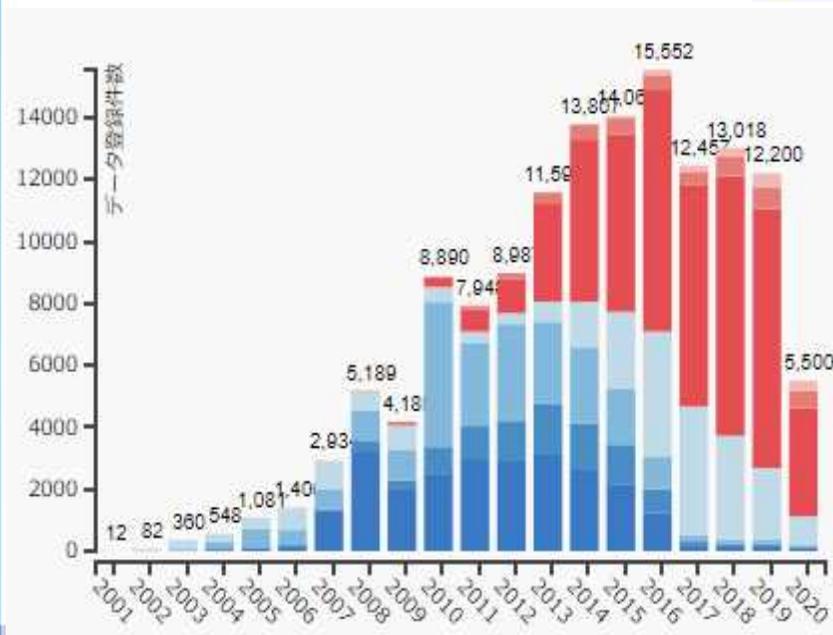


広島大 坊農秀雅
特任教授

NCBI BioSampleの遺伝子発現データ登録数



1	Homo sapiens	52,665	
2	Mus musculus	39,674	
3	Arabidopsis thaliana	5,088	
4	Rattus norvegicus	3,808	



1	Illumina	51,589
2	Affymetrix	25,040
3	Unknown_Array	24,626
4	Others_Array	22,959
5	Agilent	9,429
6	Others_NGS	4,470
7	Unknown_NGS	1,702

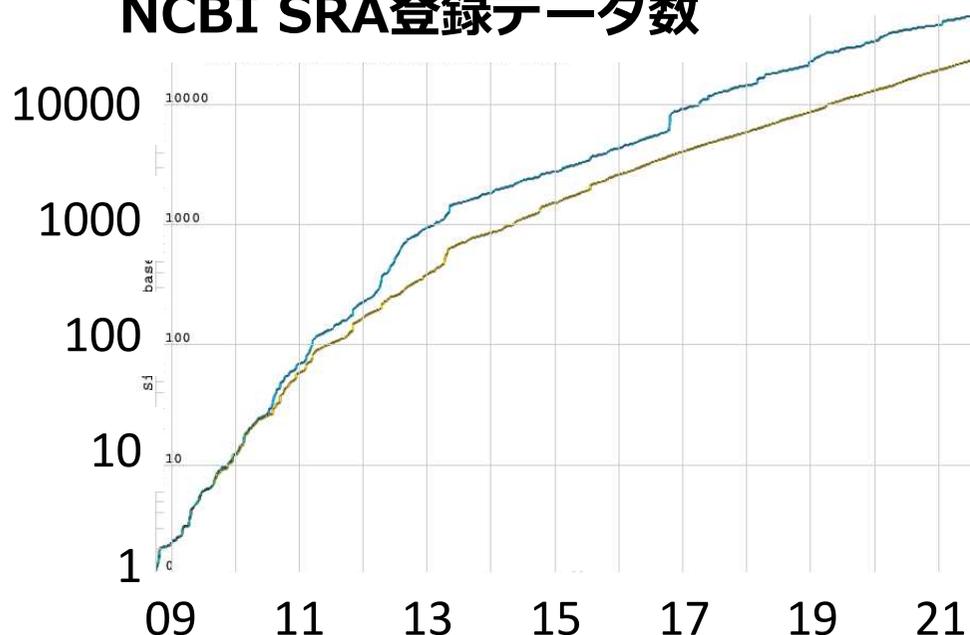
ヒト **半分弱**
マウス **1 / 3**
NGS **4割**
アレイ **6割**

【URL】 <https://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra/>
 NGSデータの一次レポジトリ

NCBI SRAの公開データ数 (2021.08.08現在)

Study: 324,672 登録された実験セット
Samples: 11,056,478 シーケンスデータ

NCBI SRA登録データ数



ゲノム、遺伝子発現、エピゲノム解析など様々なシーケンスデータを含む。SRAはあくまで一次レポジトリなので、このサイト内でSRAに登録されたRNA-seqデータから得られた遺伝子発現情報を見るということはできない。一部のRNA-seqデータについては、GEOに遺伝子発現情報が登録されていることもあるが、すべてではない。



EBI Expression Atlas

【URL】 <https://www.ebi.ac.uk/gxa/home>

RNA-seqデータのビューワ。 **65生物種, 139,128データ**を公開

(2021.07.19現在)



Homo sapiens
1518 experiments
Baseline: 79
Differential: 1439



Mus musculus
1185 experiments
Baseline: 49
Differential: 1136



Rattus norvegicus
152 experiments
Baseline: 3
Differential: 149



Drosophila melanogaster
142 experiments
Baseline: 4
Differential: 138



Gallus gallus
39 experiments
Baseline: 4
Differential: 35



Caenorhabditis elegans
30 experiments
Baseline: 1
Differential: 29

【統合TV】 TOGO TV

「Expression Atlasで様々な生物種の組織や疾患などにおける遺伝子発現の情報を調べる」 (11分30秒) [2018-07-25]

<https://togotv.dbcls.jp/20180725.html>

Expression Atlas は様々な生物種における遺伝子発現情報を提供するEMBL-EBI のウェブサイト。組織や細胞種、発生段階、疾患の有無などの条件別に、遺伝子の発現情報をまとめている。データは GTEX、Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE)、ENCODE、FANTOM5 などのプロジェクトに由来する。全てのデータは専門家がキュレーションしている。

遺伝子名で検索し、発現している実験条件を検索する方法をはじめ、遺伝子の発現に差が見られる実験条件の検索、生物学的条件から発現している遺伝子を検索する方法、さらに、一細胞 RNA-seq の実験データを検索できるSingle Cell Expression Atlas の使い方を紹介します。

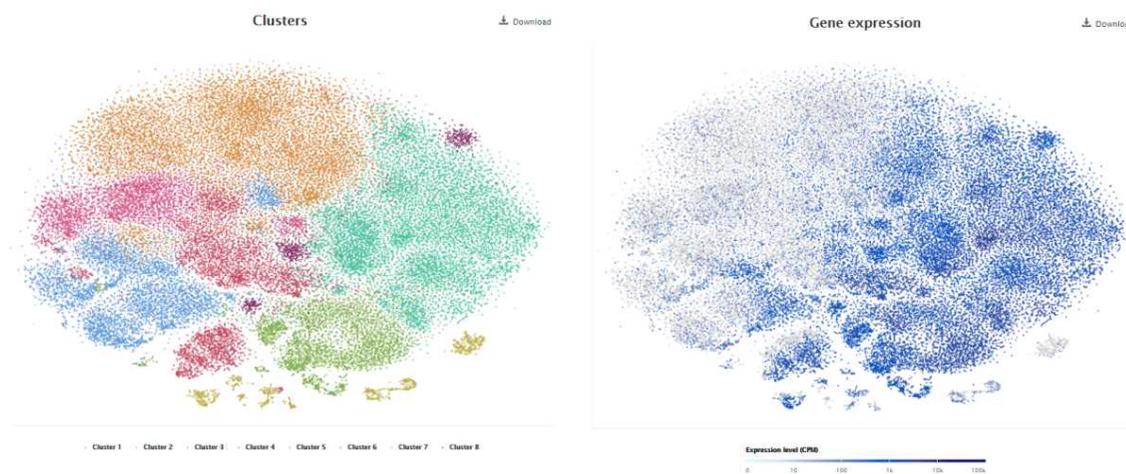


EBI Single Cell Expression Atlas

【URL】 <https://www.ebi.ac.uk/gxa/sc/home>
EBIに登録されているssRNA-seqデータのビューワ。

Single Cell Expression Atlasのデータ数 (2021.08.08現在)

Species :	18	生物種
Study:	217	登録された実験セット
Cells:	5,312,183	細胞数

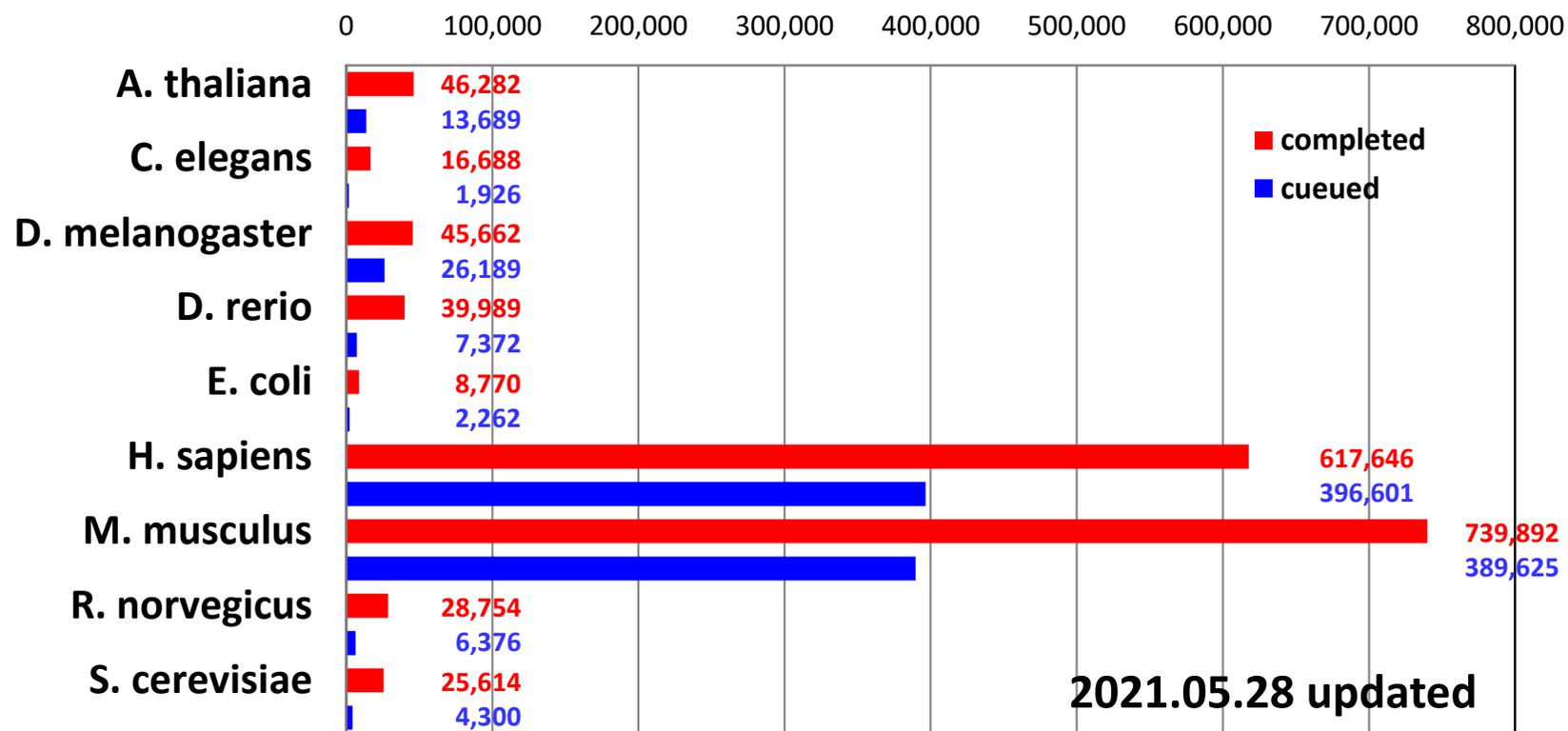


Digital Expression Explorer 2 (DEE2)

【URL】 <http://dee2.io>

NCBI SRAのRNA-seqデータを統一プロトコールで再解析したデータのレポジトリ。データごとのQCデータも提供。

9生物種, 1,569,297データを公開。(2021.05.28現在)



複数のSeriesを組み合わせた第三者解析

Series GSE119087

Public on Aug 29, 2018

URL <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE119087>

Title **Human Boolean Implication Network**

Third-party reanalysis

Summary Numerous gene expression datasets from diverse human tissue samples have been already deposited in the public domain. There have been several attempts to do [large scale meta-analyses](#) of all of these datasets. Most of these analyses summarize pairwise gene expression relationships using correlation, or identify differentially expressed genes in two conditions. We propose here a new large scale meta-analysis of all of the publicly available human datasets to identify Boolean logical relationships between genes. Boolean logic is a branch of mathematics that deals with two possible values. In the context of gene expression datasets we use qualitative high and low expression values. A strong logical relationship between genes emerges if at least one of the quadrants is sparsely populated.

Overall design **25,955 published human microarray samples** assayed on the GPL570 were re-analyzed. RMA was used to normalize the RAW CEL files all together.

Contributor(s) Sahoo D

Citation(s) Dabydeen SA, *et al.*, Unbiased Boolean analysis of public gene expression data for **cell cycle gene identification**. Mol Biol Cell 2019 Jul 1;30(14):1770-1779. PMID: 31091168

Dang D, *et al.*, Computational Approach to Identifying **Universal Macrophage Biomarkers**. Front Physiol 2020;11:275. PMID: 32322218

Organization UCSD

公共レポジトリの遺伝子発現データの特徴

【良い点】

- **膨大な数**のデータがある。
- **多様な種類**のサンプルのデータがある。
- **簡単には入手できないサンプル**のデータもある。
- **さまざまな測定手法**で取られたデータがある。
- **異なる施設やラボ**で取られたデータがある。
- **すぐに解析できる（迅速性）**。
- **無償で利用できる（タダ！💰）**

：

実は、**誰でも使える「宝の山」！**

公共レポジトリの遺伝子発現データを取り扱う際の留意点

【取り扱うデータについて理解を深める】

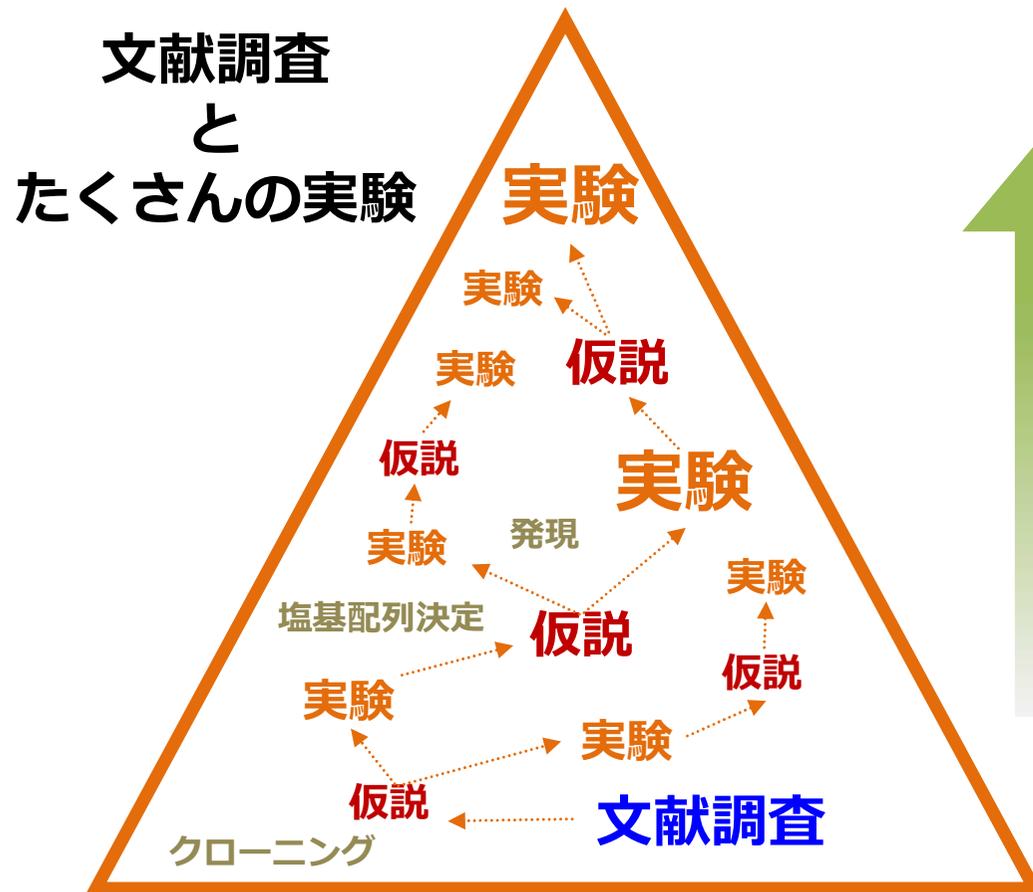
- ✓ 対応論文があればよく読みこむ（Supplementaryも含めて）。
- ✓ **サンプルの由来・調製法**などに注意を払う（**サンプルのQC**）。
- ✓ **測定手法・計測方法**にも注意を払う。
- ✓ **定量方法や正規化方法**にも注意を払う。

【データの利用にあたって】

1. 必要に応じ、適切なプロトコールで**再正規化**を行う。
2. **信頼できるデータ区間**を見極める（**データのQC**）。
3. **適切な閾値**を設定する（**データのQC**）。
4. **最適な解析手法**を選ぶ。
5. できる限り、複数のデータやほかの論文でも**裏を取る**。

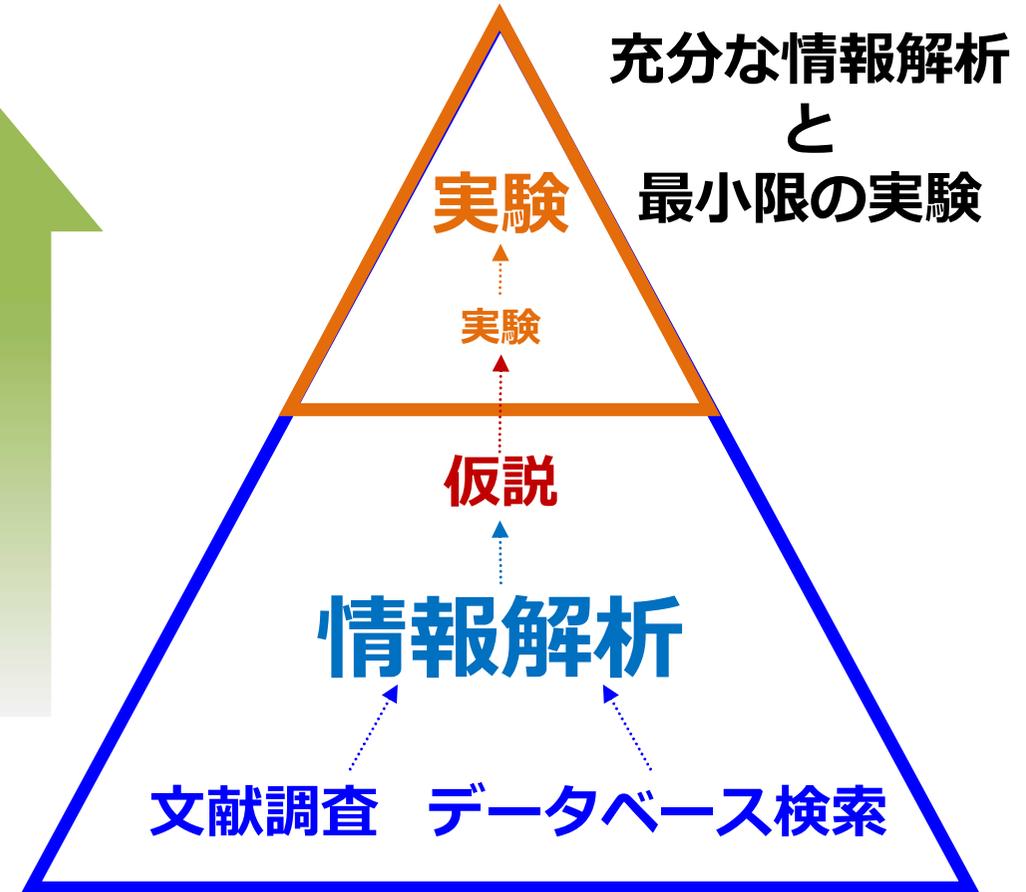
「データ駆動型研究」

新しい発見



セレンディピティ期待型研究

新しい発見



データ駆動型研究

【URL】 <https://togotv.dbcls.jp/>



DBCLS 小野浩雅
特任助教



「公共の遺伝子発現データの検索や解析を行う」

- **NCBI GEO**の使い方1 ~マイクロアレイデータの検索・取得~2017
- **NCBI GEO**の使い方2 ~遺伝子プロファイルの検索・処理済みデータの取得~ 2018
- **NCBI GEO**のデータセットブラウザを使って公共データの遺伝子発現解析を行う 2019
- **AOE**を使って遺伝子発現データベースの統計を見ながら検索する 2018
- **RefEx**の使い方
- **OmicsDI** を使って様々なデータベースからオミクスデータを縦断的に検索する
- **Expression Atlas** で 様々な生物種の組織や疾患などにおける遺伝子発現の情報を調べる
- **IMOTA** を使って、組織別に分類された様々なマルチオミクスデータ (miRNA/mRNA/protein)を調べる
- **Spotfire**を用いた公共マイクロアレイデータとローカルなデータの統合 2019
- **Bgee** を使って複数の生物種の正常組織における遺伝子発現データを検索、比較、取得する
- **MGI**を使ってマウスの遺伝子発現情報を調べる 2019
- **MGI**を使ってノックアウトマウスの情報を調べる 2018
- **GTEx Portal**を使ってヒトの各組織での遺伝子発現量や影響するeQTLを調べる
- **UCSC VisiGene**を使って生体内におけるmRNAの局在を調べる 2017
- **The Human Protein Atlas**でヒトのタンパク質の発現情報をRNA-seqデータ、画像データとともに調べる 2017
- **Allen Brain Atlas**を使い倒す ~基本編~ 2017
- **Arabidopsis eFP Browser** でシロイヌナズナの遺伝子発現情報を見る
- **Human Brain Transcriptome**を使ってヒトの脳の発達に関する時空間トランスクリプトームを見る
- **NCBI GEO**の**GEO2R**を使って公開されているマイクロアレイデータを解析する
- 疾患に関連するバリエーションや遺伝子発現の情報を調べる

同じデータでも視点を変えると違うものが見えてくる!!



福田繁雄 「潮風公園島の日曜日の午後」

福田繁雄
「潮風公園島の日曜日の午後」

スーラ
「ラ・グランド・ジャッド島の日曜日の午後」

遺伝子発現情報の 「知識化」 について考える

本日のデモデータ [1]
GSE21422
非侵襲性乳管がん (DCIS) と侵襲性乳管がん (IDC)

URL : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE21422>

非侵襲性乳管がん (DCIS) ・侵襲性乳管がん (IDC)

Series GSE21422

URL	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE21422
Title	Expression profiling of human DCIS and invasive ductal breast carcinoma
Organism	Homo sapiens
Overall design	Expression profiling by array
Platforms (1)	GPL570 [HG-U133_Plus_2] Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GPL570
BioProject	PRJNA126373 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA126373

【関連論文】

Cell Oncol. (2011) 34:419–434

Latent transforming growth factor binding protein 4 (LTBP4) is downregulated in mouse and human DCIS and mammary carcinomas

Celine Kretschmer *et al.* (Charité Berlin, CVK, Med. Klinik Hepatologie & Gastroenterologie)

【解析サンプル】

Healthy breast

5 サンプル

Ductal carcinoma in situ (DCIS)

9 サンプル

Invasive ductal carcinoma (IDC)

5 サンプル

【要旨】

TGF- β は上皮細胞の増殖を阻害し、乳腺腫瘍の発がんに関与する。また、3種類のLTBPがTGF- β の機能の調節に関与していることが知られている。

ヒトとマウスの非浸潤性乳管がん (DCIS) におけるLTBP4とそのアイソフォームLTBP1、LTBP3、そしてTGF β 1、TGF β 2、TGF β 3、SMAD2、SMAD3、SMAD4の発現を調べ、浸潤性乳管がん (IDC) と比較した。さらに乳がん細胞株 (MCF7、Hs578T、MDA-MB361) と良性乳腺細胞株 (Hs578BsT) の発現を調べた。マイクロアレイ、q-PCR、イムノブロット、免疫組織化学、免疫蛍光抗体法を用いた。

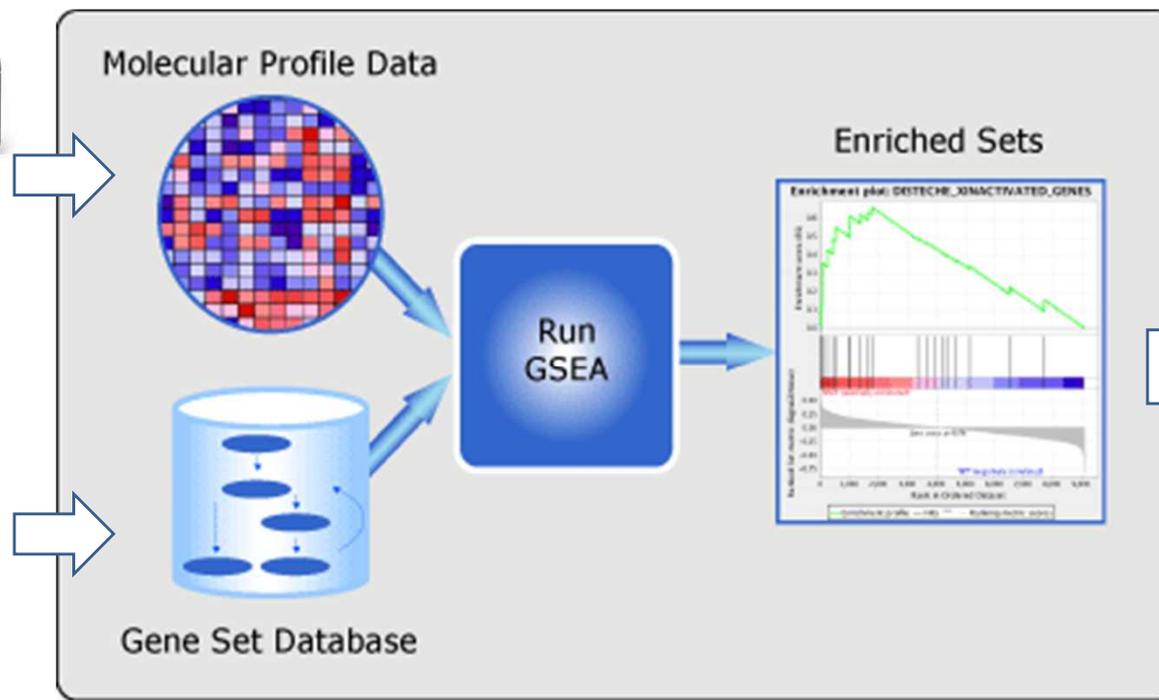
非がん組織 (n=5) と比較し、調べた全てのWAP-TNP8マウスとヒトのDCIS (n=9)、およびIDC (n=5) において、**LTBP4の発現低下**とともに、**BMP4の発現が低下**し、またその阻害因子である**GREM1の発現が増加**していることを見出した。さらに、乳がん細胞株 (Hs578T) を組換えTGF β 1で処理したところ、BMP4は上昇しGREM1は低下した。

悪性乳腺腫瘍組織では、LTBP4を介したターゲティングが欠如することにより、TGF β 1とBMPのバイオアベイラビリティと機能の変化が引き起こされている可能性が考えられた。

GSEA

(Gene Set Enrichment Analysis)

<https://www.gsea-msigdb.org/gsea/index.jsp>



- H** **hallmark gene sets** are coherently expressed signatures derived by aggregating many MSigDB gene sets to represent well-defined biological states or processes.
- C1** **positional gene sets** for each human chromosome and cytogenetic band.
- C2** **curated gene sets** from online pathway databases, publications in PubMed, and knowledge of domain experts.
- C3** **regulatory target gene sets** based on gene target predictions for microRNA seed sequences and predicted transcription factor binding sites.
- C4** **computational gene sets** defined by mining large collections of cancer-oriented microarray data.
- C5** **ontology gene sets** consist of genes annotated by the same ontology term.
- C6** **oncogenic signature gene sets** defined directly from microarray gene expression data from cancer gene perturbations.
- C7** **immunologic signature gene sets** represent cell states and perturbations within the immune system.
- C8** **cell type signature gene sets** curated from cluster markers identified in single-cell sequencing studies of human tissue.

機能情報

【クエリ】 アレイデータ/RNA-seqデータ (gct/clsファイル)
【得られる結果】 どのような機能が亢進/減衰しているか

MSigDB

- H** **hallmark gene sets** (biological states or processes).
- C1** **positional gene sets** (human chromosome and cytogenetic band).
- C2** **curated gene sets** (pathway databases in PubMed and knowledge of domain experts).
- C3** **regulatory target gene sets** (microRNA target seed sequences and predicted transcription factor binding sites).
- C4** **computational gene sets** (large collections of cancer-oriented microarray data).
- C5** **ontology gene sets** (annotated by the same ontology term).
- C6** **oncogenic signature gene sets** (cancer gene perturbations).
- C7** **immunologic signature gene sets** (cell states and perturbations within the immune system).
- C8** **cell type signature gene sets** (cluster markers identified in single-cell studies of human tissue).

C2: "curated gene sets"

Gene sets enriched in phenotype DCIS (9 samples), top 10

Rank	GS	SIZE	ES	NES	NOM p-val	FDR q-val	FWER p-val	RANK AT MAX	LEADING EDGE
	follow link to MSigDB								
1	REACTOME CONDENSATION OF PROPHASE CHROMOSOMES	58	0.80	1.83	0.000	0.230	0.125	2945	tags=52%, list=14%, signal=60%
2	REACTOME PRC2 METHYLATES HISTONES AND DNA	57	0.80	1.82	0.000	0.147	0.152	2390	tags=47%, list=11%, signal=53%
3	WP_FBXL10 ENHANCEMENT OF MAPERK SIGNALING IN DIFFUSE LARGE BCELL LYMPHOMA	28	0.71	1.81	0.000	0.133	0.190	1650	tags=36%, list=8%, signal=39%
4	REACTOME AMYLOID FIBER FORMATION	94	0.58	1.81	0.021	0.101	0.191	2390	tags=30%, list=11%, signal=33%
5	REACTOME MEIOTIC RECOMBINATION	71	0.73	1.80	0.000	0.093	0.214	2902	tags=39%, list=14%, signal=46%
6	REACTOME SIRT1 NEGATIVELY REGULATES RRNA EXPRESSION	52	0.78	1.79	0.006	0.101	0.278	3040	tags=44%, list=15%, signal=52%
7	REACTOME PROCESSING OF DNA DOUBLE STRAND BREAK ENDS	90	0.68	1.78	0.000	0.092	0.293	2902	tags=46%, list=14%, signal=53%
8	REACTOME ACTIVATED PKN1 STIMULATES TRANSCRIPTION OF AR ANDR OGEN RECEPTOR REGULATED GENES KLK2 AND KLK3	51	0.76	1.78	0.010	0.082	0.298	2390	tags=39%, list=11%, signal=44%
9	REACTOME DNA METHYLATION	49	0.84	1.78	0.004	0.083	0.325	2390	tags=49%, list=11%, signal=55%
10	REACTOME OXIDATIVE STRESS INDUCED SENESENCE	108	0.56	1.77	0.000	0.089	0.367	2390	tags=32%, list=11%, signal=36%

Gene sets enriched in phenotype IDC (5 samples), top 10

Rank	GS	SIZE	ES	NES	NOM p-val	FDR q-val	FWER p-val	RANK AT MAX	LEADING EDGE
	follow link to MSigDB								
1	PID_AURORA_B_PATHWAY	39	0.68	1.83	0.000	0.161	0.122	1162	tags=46%, list=6%, signal=49%
2	JEON_SMAD6_TARGETS_DN	19	0.73	1.79	0.000	0.189	0.204	1022	tags=42%, list=5%, signal=44%
3	NAKAYAMA_SOFT_TISSUE_TUMORS_PCA2_UP	89	0.75	1.74	0.000	0.342	0.439	1093	tags=49%, list=5%, signal=52%
4	SU_TESTIS	80	0.63	1.74	0.000	0.264	0.443	2301	tags=31%, list=11%, signal=35%
5	LEE_EARLY_T_LYMPHOCYTE_UP	109	0.77	1.73	0.000	0.242	0.455	2268	tags=61%, list=11%, signal=69%
6	REACTOME_TRNA_MODIFICATION_IN_THE_NUCLEUS_AND_CYTOSOL	41	0.63	1.73	0.000	0.204	0.455	2900	tags=44%, list=14%, signal=51%
7	CHEMNITZ_RESPONSE_TO_PROSTAGLANDIN_E2_UP	147	0.60	1.73	0.000	0.179	0.459	1422	tags=42%, list=7%, signal=45%
8	REACTOME_PROTEIN_UBIQUITINATION	77	0.59	1.72	0.010	0.171	0.481	3210	tags=45%, list=15%, signal=54%
9	FERREIRA_EWINGS_SARCOMA_UNSTABLE_VS_STABLE_UP	161	0.66	1.72	0.000	0.161	0.500	2211	tags=48%, list=11%, signal=54%
10	ODONNELL_TFRC_TARGETS_DN	141	0.67	1.71	0.000	0.187	0.580	2739	tags=47%, list=13%, signal=54%

C2: "curated gene sets"

【DCISで亢進していた機能】

【IDCで亢進していた機能】

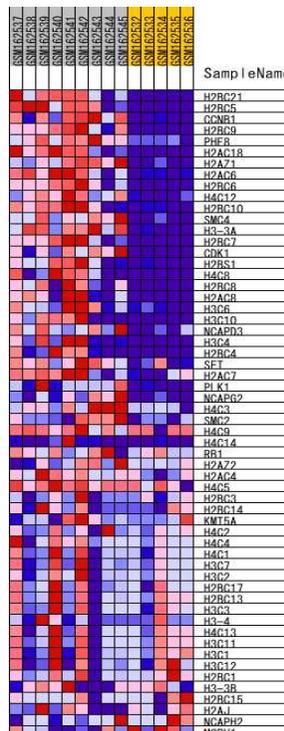
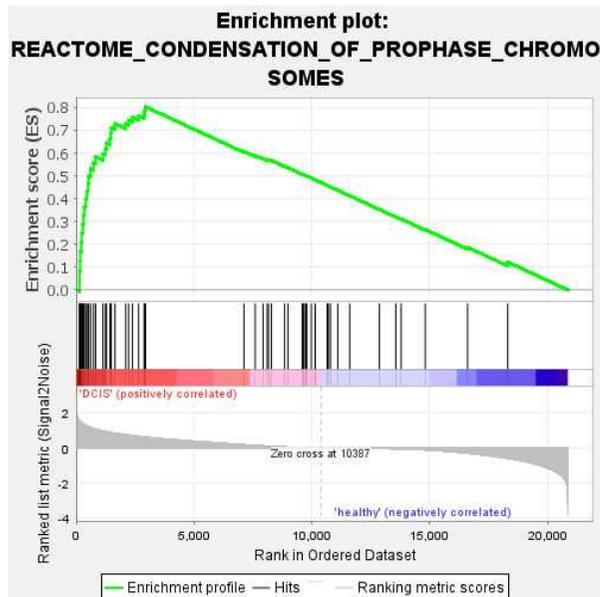
"REACTOME_CONDENSATION_OF_PROPHASE_CHROMOSOMES"

"PID_AURORA_B_PATHWAY"

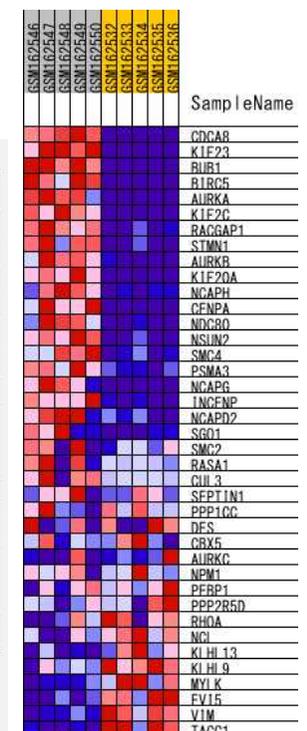
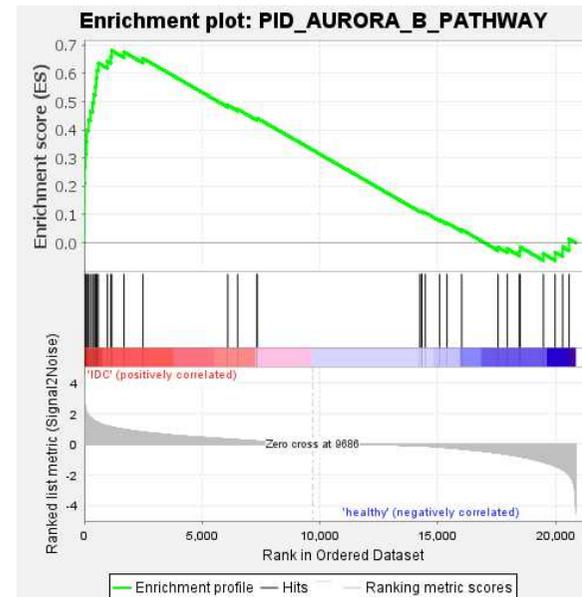
Group	Rank	ES	NES	NON P
DCIS	1	0.80	1.83	0.000
IDC	329	0.72	1.47	0.058

Group	Rank	ES	NES	NON P
DCIS	377	0.57	1.39	0.154
IDC	1	0.68	1.83	0.000

DCIS



IDC



【統合TV】GSEAの使い方はこちらへ

1) GSEA softwareの使い方 基本編 (9分56秒) [2010-07-23]

<https://togotv.dbcls.jp/20100723.html>

GSEA softwareは米国Broad Instituteによって提供されているGSEAを行うソフトウェアです。Gene Set Enrichment Analysis (GSEA) は、予め用意した遺伝子セットが異なる条件下でどう振舞うかを調べる手法です。これを利用し発現プロファイルを解釈することができます。詳しいアルゴリズムは、[GeneSet Enrichment Analysis PNAS paper \(pdf\)](#)を参照してください。今回は、GSEA softwareのGUI版の導入と簡単な解析を行い、GSEA softwareで何ができるかを示します。

2) GSEA softwareの使い方 発展編 (8分57秒) [2010-08-30]

<https://togotv.dbcls.jp/20100830.html>

NCBI GEOより取得した公共の遺伝子発現データ (GSE1657:Adipocyte Differentiation Homo sapiens]のSeries Matrix Files) を表計算ソフトを使い加工し、GSEA softwareに読み込ませ、解析を行う手順を解説します。

3) GSEA software を使って遺伝子リストのエンリッチメント解析を行う

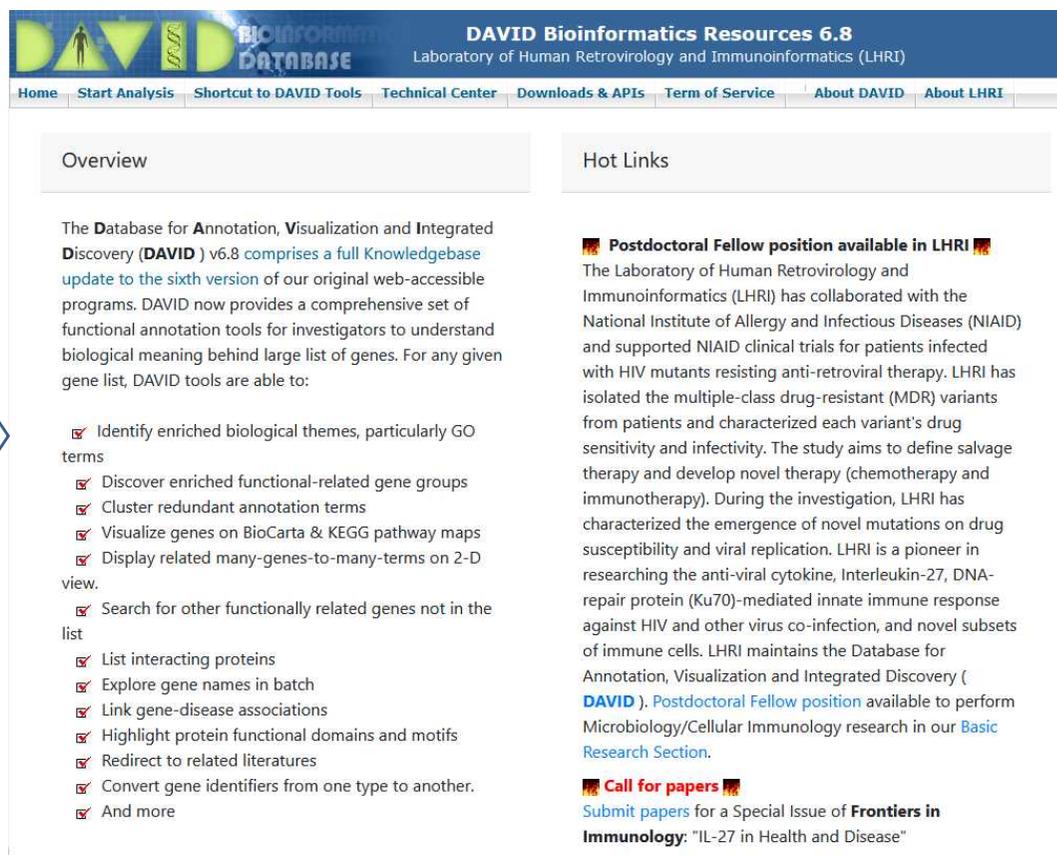
(8分52秒) [2019-04-01]

<https://togotv.dbcls.jp/20190401.html>

GSEA softwareのGUI版の導入と設定方法の解説とともにデモデータを用いた簡単な解析を行いながら、GSEA softwareで何ができるかを示します。

DAVID

(The Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery)
 (https://david.ncifcrf.gov/home.jsp/)

DAVID Bioinformatics Resources 6.8
 Laboratory of Human Retrovirology and Immunoinformatics (LHRI)

Home Start Analysis Shortcut to DAVID Tools Technical Center Downloads & APIs Term of Service About DAVID About LHRI

Overview

The Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) v6.8 comprises a full Knowledgebase update to the sixth version of our original web-accessible programs. DAVID now provides a comprehensive set of functional annotation tools for investigators to understand biological meaning behind large list of genes. For any given gene list, DAVID tools are able to:

- Identify enriched biological themes, particularly GO terms
- Discover enriched functional-related gene groups
- Cluster redundant annotation terms
- Visualize genes on BioCarta & KEGG pathway maps
- Display related many-genes-to-many-terms on 2-D view.
- Search for other functionally related genes not in the list
- List interacting proteins
- Explore gene names in batch
- Link gene-disease associations
- Highlight protein functional domains and motifs
- Redirect to related literatures
- Convert gene identifiers from one type to another.
- And more

Hot Links

Postdoctoral Fellow position available in LHRI

The Laboratory of Human Retrovirology and Immunoinformatics (LHRI) has collaborated with the National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID) and supported NIAID clinical trials for patients infected with HIV mutants resisting anti-retroviral therapy. LHRI has isolated the multiple-class drug-resistant (MDR) variants from patients and characterized each variant's drug sensitivity and infectivity. The study aims to define salvage therapy and develop novel therapy (chemotherapy and immunotherapy). During the investigation, LHRI has characterized the emergence of novel mutations on drug susceptibility and viral replication. LHRI is a pioneer in researching the anti-viral cytokine, Interleukin-27, DNA-repair protein (Ku70)-mediated innate immune response against HIV and other virus co-infection, and novel subsets of immune cells. LHRI maintains the Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID). [Postdoctoral Fellow position](#) available to perform Microbiology/Cellular Immunology research in our [Basic Research Section](#).

Call for papers

Submit papers for a Special Issue of **Frontiers in Immunology**: "IL-27 in Health and Disease"



機能情報

Upload List Background

Gene List Manager

Select to limit annotations by one or more species [Help](#)

- Use All Species -
- Homo sapiens(2090)
- Unknown(104)

Select Species

List Manager [Help](#)

- IDC_UpDown 4 of 6 (2)

Select List to:

- Use Rename
- Remove Combine
- Show Gene List

[View Unmapped Ids](#)

Annotation Summary Results

[Help and Tool Manual](#)

Current Gene List: IDC_UpDown 4 of 6 (2194)

1537 DAVID IDs

Current Background: Homo sapiens

Check Defaults

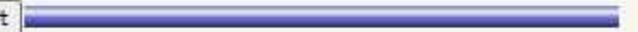
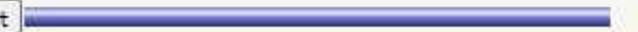
Disease (1 selected)

<input type="checkbox"/> GAD_DISEASE	75.5%	1160	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GAD_DISEASE_CLASS	75.5%	1160	<input type="button" value="Chart"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> OMIM_DISEASE	24.6%	378	<input type="button" value="Chart"/>	

Functional Categories (3 selected)

<input checked="" type="checkbox"/> COG_ONTOLOGY	9.2%	142	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> PIR_SEQ_FEATURE	14.2%	218	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> SP_COMMENT_TYPE	93.8%	1442	<input type="button" value="Chart"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	96.0%	1475	<input type="button" value="Chart"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	95.1%	1462	<input type="button" value="Chart"/>	

Gene Ontology (3 selected)

<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_1	88.1%	1354	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_2	87.8%	1350	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_3	87.2%	1341	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_4	86.1%	1323	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_5	84.8%	1303	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_ALL	88.1%	1354	<input type="button" value="Chart"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	88.1%	1354	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_FAT	87.2%	1341	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_1	92.6%	1424	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_2	91.5%	1407	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_3	91.5%	1406	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_4	89.9%	1382	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_5	84.8%	1303	<input type="button" value="Chart"/>	
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_ALL	92.6%	1424	<input type="button" value="Chart"/>	

DAVIDを使った解析事例 (GSE21422 乳管がん)

【IDCで亢進していた機能】

Annotation Cluster	Enrichment Score	Count	P_Value	Benjamini
Annotation Cluster 1	Enrichment Score: 10.4			
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	signal peptide	366	1.2E-17	4.5E-14
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Secreted	228	8.7E-14	1.3E-11
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Disulfide bond	340	5.7E-11	4.2E-9
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Signal	398	6.6E-11	4.3E-9
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Glycoprotein	420	2.1E-9	1.1E-7
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	disulfide bond	292	3.7E-9	7.1E-6
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	glycosylation site:N-linked (GlcNAc...)	377	5.7E-6	5.3E-3
Annotation Cluster 2	Enrichment Score: 5.35			
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Cell division	58	1.7E-7	5.3E-6
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Cell cycle	82	6.9E-7	1.9E-5
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Mitosis	43	7.1E-7	1.9E-5
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	cell division	51	5.1E-5	2.0E-2
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	mitotic nuclear division	37	4.0E-4	5.8E-2
Annotation Cluster 3	Enrichment Score: 5.26			
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_DIRECT	bicellular tight junction	29	2.9E-8	2.4E-6
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Tight junction	21	2.1E-6	4.6E-5
<input type="checkbox"/> KEGG_PATHWAY	Tight junction	18	2.7E-3	6.0E-2
Annotation Cluster 4	Enrichment Score: 4.34			
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Oxidoreductase	74	1.9E-6	4.6E-5
<input type="checkbox"/> GOTERM_MF_DIRECT	oxidoreductase activity	32	1.8E-4	2.5E-2
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	oxidation-reduction process	73	2.7E-4	5.6E-2
Annotation Cluster 5	Enrichment Score: 3.97			
<input type="checkbox"/> KEGG_PATHWAY	Focal adhesion	41	5.8E-6	7.9E-4
<input type="checkbox"/> KEGG_PATHWAY	ECM-receptor interaction	22	3.9E-5	3.5E-3
<input type="checkbox"/> KEGG_PATHWAY	PI3K-Akt signaling pathway	48	5.5E-3	7.4E-2
Annotation Cluster 6	Enrichment Score: 3.65			
<input type="checkbox"/> INTERPRO	Pleckstrin homology-like domain	58	1.7E-5	8.4E-3
<input type="checkbox"/> INTERPRO	Pleckstrin homology domain	39	1.5E-4	3.7E-2
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:PH	33	9.4E-4	1.9E-1
<input type="checkbox"/> SMART	PH	39	1.1E-3	1.3E-1
Annotation Cluster 7	Enrichment Score: 3.2			
<input type="checkbox"/> INTERPRO	Insulin-like growth factor binding protein, N-terminal	31	1.2E-7	2.1E-4
<input type="checkbox"/> INTERPRO	Epidermal growth factor-like domain	42	2.1E-7	2.1E-4
<input type="checkbox"/> SMART	EGF	38	1.3E-6	5.0E-4
<input type="checkbox"/> INTERPRO	EGF-like conserved site	35	5.4E-6	3.6E-3
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	EGF-like domain	37	1.6E-5	2.8E-4
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 4; calcium-binding	12	1.8E-5	1.3E-2
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 1	23	1.7E-5	1.2E-2
<input type="checkbox"/> INTERPRO	EGF-like calcium-binding	24	1.5E-5	2.3E-2
<input type="checkbox"/> INTERPRO	Complement C1r-like EGF domain	10	1.4E-4	2.7E-2
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 2; calcium-binding	14	2.2E-4	7.7E-2
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 3	16	3.3E-4	1.1E-1
<input type="checkbox"/> SMART	EGF_CA	17	3.8E-4	1.2E-1
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 3; calcium-binding	17	1.3E-3	1.1E-1
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 5; calcium-binding	17	1.3E-3	1.2E-1
<input type="checkbox"/> INTERPRO	EGF-like calcium-binding conserved site	18	1.5E-3	1.8E-1
<input type="checkbox"/> INTERPRO	EGF-type aspartate/asparagine hydroxylation site	18	2.4E-3	1.6E-1
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 2	15	4.9E-3	4.8E-1
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	domain:EGF-like 6; calcium-binding	7	9.6E-3	6.2E-1

Annotation Cluster 1	Enrichment Score: 10.4
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	signal peptide
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Secreted
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Disulfide bond
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Signal
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Glycoprotein
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	disulfide bond
<input type="checkbox"/> UP_SEQ_FEATURE	glycosylation site:N-linked (GlcNAc...)

糖タンパク質

Annotation Cluster 2	Enrichment Score: 5.35
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Cell division
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Cell cycle
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Mitosis
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	cell division
<input type="checkbox"/> GOTERM_BP_DIRECT	mitotic nuclear division

細胞分裂

Annotation Cluster 3	Enrichment Score: 5.26
<input type="checkbox"/> GOTERM_CC_DIRECT	bicellular tight junction
<input type="checkbox"/> UP_KEYWORDS	Tight junction
<input type="checkbox"/> KEGG_PATHWAY	Tight junction

タイトジャンクション

ヒットした機能情報を
クラスター化して結果表示

【統合TV】DAVIDの使い方はこちらへ

1) DAVIDを使ってマイクロアレイデータを解析する (7分40秒) [2009-09-25]

<https://togotv.dbcls.jp/20090925.html>

DAVIDはマイクロアレイ実験から得られたデータを解析するツールです。このツールを使うことで発現変動のあった遺伝子群の特徴を可視化し、直感的に分析することができます。DAVIDという名前はThe Database for Annotation, Visualization and Integrated Discoveryの頭文字に由来しています。ムービーではサンプルデータとして、NCBI GEOに登録されている公共の遺伝子発現データ (GSE17913:Effects of Cigarette Smoke on the Human Oral Mucosal Transcriptome) からGEO2Rを用いて取得した、喫煙者女性と非喫煙者女性の口腔内で発現に差のある250個の遺伝子群のリストを使って説明しています。

2) DAVIDを使ってマイクロアレイデータを解析する2012 (6分56秒) [2012-09-27]

<https://togotv.dbcls.jp/20120927.html>

3) DAVIDの使い方 実践編 (5分42秒) [2013-05-28]

<https://togotv.dbcls.jp/20090925.html>

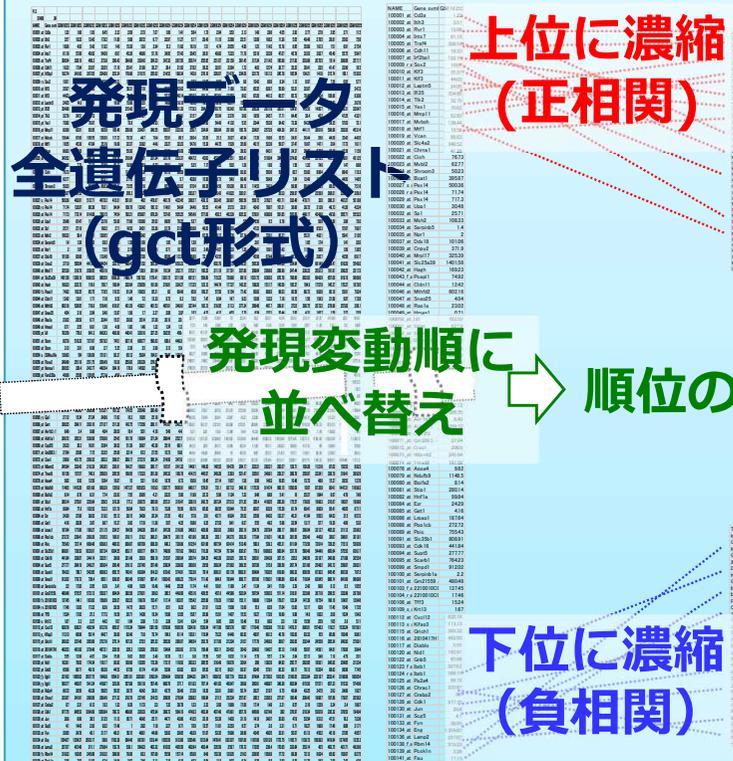
「DAVID の使い方 実践編」と題して、DAVID による GO 解析、KEGG パスウェイ解析と、Gene ID Conversion Tool の解説をしています。動画内では、NCBI GEO に登録されているデータ(GSE18121: Gene expression regulation in response to heat stress in different yeast strains)から得た遺伝子リストを用いています。酵母に熱ショックを 30分間与えた後で発現が上昇した遺伝子約 2000 個を、GEO2R を用いて取得したものです。

GSEAとGSAの比較

GSEA

【クエリ】

【リファレンス】



発現データ
全遺伝子リスト
(gct形式)

発現変動順に並べ替え → 順位の偏りを評価

サンプル情報
(cls形式)

⋮

GSA (Gene Set Analysis)

【クエリ】

発現変動
遺伝子リスト

Lepr
Mdf1
Mdf1
Mdf1
Lact1
Omi1
Omi1
Gsr1b
Ank1
Ank1
Tbr4
Rorc2
Cdk5
Sorr1b
Sorr1b
Hya2
Acvt1
Acvt1
Acvt1
Mef1
Mef1
Cdk2b
Pipr1
Snai1
Gai1
Mab1
Rgs5
Cnr9

機能リスト
[1]

機能リスト
[2]

機能リスト
[3]

機能リスト
[4]

統計的
有意差

【リファレンス】

ランダム
選抜遺伝子

(注：DAVIDなど)

⋮

検出限界以下の低シグナル域順位に意味ない

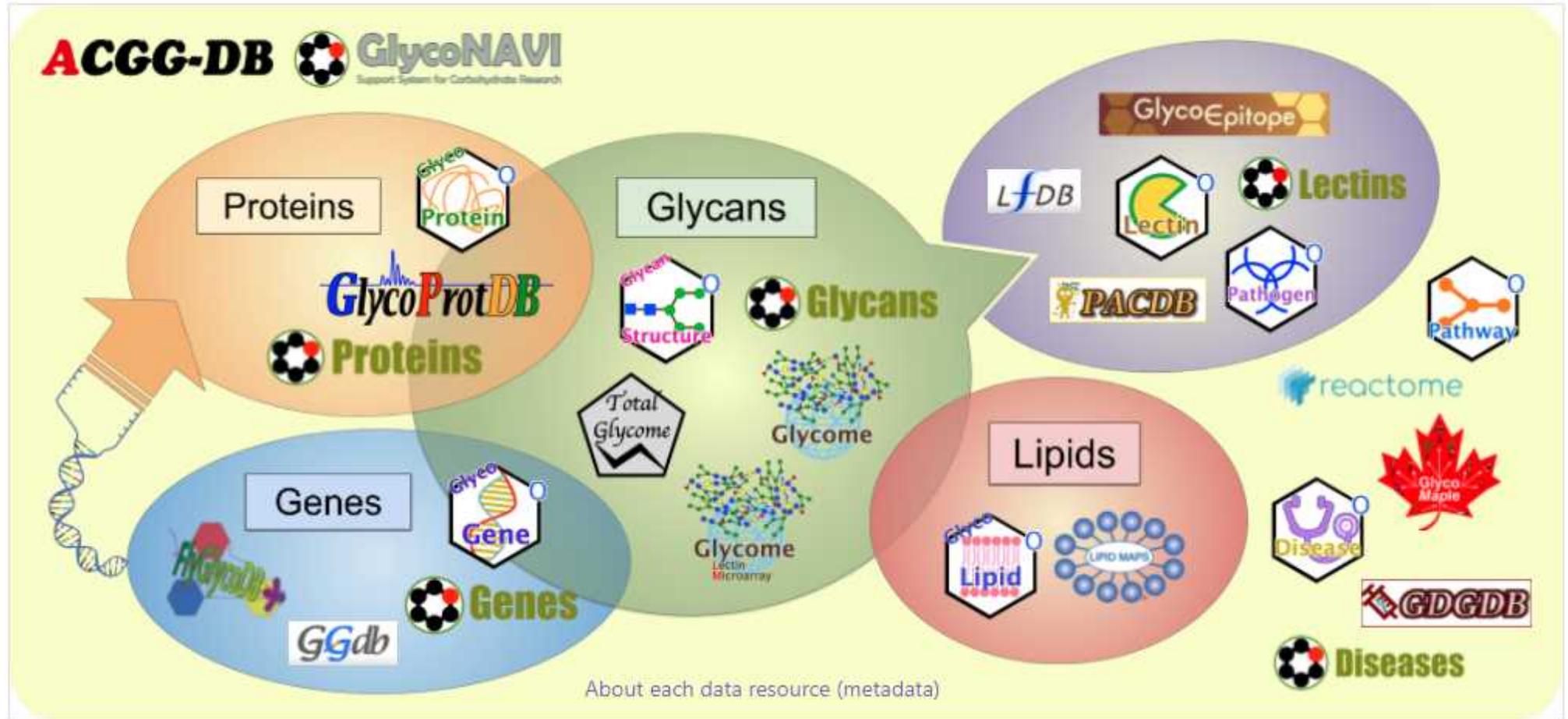
正と負の調節因子が区別できない



糖鎖科学ポータル

GlyCosmos

(<https://glycosmos.org>)





GlycoMaple (<https://glycosmos.org/glycomaple/index>)

【クエリ】 遺伝子発現データ（マイクロアレイ/RNA-seq）

【得られる結果】 どのような糖鎖が合成されているかを予測

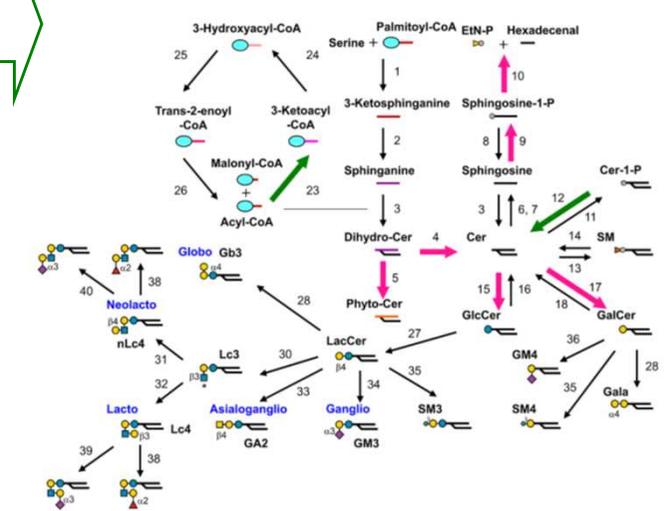
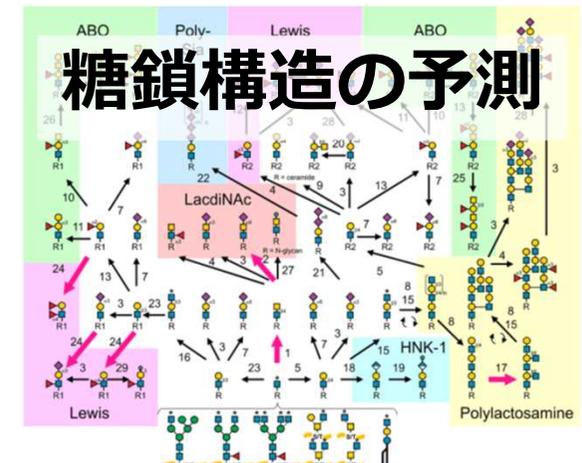
糖鎖関連遺伝子
発現データ
マイクロアレイ
RNA-seq

Gene	hveRFL	QDS	IOC	1453
DOCK	147.8	176	218	1453
ALDO	171.2	208	218	1453
ALDO2	171.2	208	218	1453
ALDO3	171.2	208	218	1453
ALDO4	171.2	208	218	1453
ALDO5	171.2	208	218	1453
ALDO6	171.2	208	218	1453
ALDO7	171.2	208	218	1453
ALDO8	171.2	208	218	1453
ALDO9	171.2	208	218	1453
ALDO10	171.2	208	218	1453
ALDO11	171.2	208	218	1453
ALDO12	171.2	208	218	1453
ALDO13	171.2	208	218	1453
ALDO14	171.2	208	218	1453
ALDO15	171.2	208	218	1453
ALDO16	171.2	208	218	1453
ALDO17	171.2	208	218	1453
ALDO18	171.2	208	218	1453
ALDO19	171.2	208	218	1453
ALDO20	171.2	208	218	1453
ALDO21	171.2	208	218	1453
ALDO22	171.2	208	218	1453
ALDO23	171.2	208	218	1453
ALDO24	171.2	208	218	1453
ALDO25	171.2	208	218	1453
ALDO26	171.2	208	218	1453
ALDO27	171.2	208	218	1453
ALDO28	171.2	208	218	1453
ALDO29	171.2	208	218	1453
ALDO30	171.2	208	218	1453
ALDO31	171.2	208	218	1453
ALDO32	171.2	208	218	1453
ALDO33	171.2	208	218	1453
ALDO34	171.2	208	218	1453
ALDO35	171.2	208	218	1453
ALDO36	171.2	208	218	1453
ALDO37	171.2	208	218	1453
ALDO38	171.2	208	218	1453
ALDO39	171.2	208	218	1453
ALDO40	171.2	208	218	1453
ALDO41	171.2	208	218	1453
ALDO42	171.2	208	218	1453
ALDO43	171.2	208	218	1453
ALDO44	171.2	208	218	1453
ALDO45	171.2	208	218	1453
ALDO46	171.2	208	218	1453
ALDO47	171.2	208	218	1453
ALDO48	171.2	208	218	1453
ALDO49	171.2	208	218	1453
ALDO50	171.2	208	218	1453
ALDO51	171.2	208	218	1453
ALDO52	171.2	208	218	1453
ALDO53	171.2	208	218	1453
ALDO54	171.2	208	218	1453
ALDO55	171.2	208	218	1453
ALDO56	171.2	208	218	1453
ALDO57	171.2	208	218	1453
ALDO58	171.2	208	218	1453
ALDO59	171.2	208	218	1453
ALDO60	171.2	208	218	1453
ALDO61	171.2	208	218	1453
ALDO62	171.2	208	218	1453
ALDO63	171.2	208	218	1453
ALDO64	171.2	208	218	1453
ALDO65	171.2	208	218	1453
ALDO66	171.2	208	218	1453
ALDO67	171.2	208	218	1453
ALDO68	171.2	208	218	1453
ALDO69	171.2	208	218	1453
ALDO70	171.2	208	218	1453
ALDO71	171.2	208	218	1453
ALDO72	171.2	208	218	1453
ALDO73	171.2	208	218	1453
ALDO74	171.2	208	218	1453
ALDO75	171.2	208	218	1453
ALDO76	171.2	208	218	1453
ALDO77	171.2	208	218	1453
ALDO78	171.2	208	218	1453
ALDO79	171.2	208	218	1453
ALDO80	171.2	208	218	1453
ALDO81	171.2	208	218	1453
ALDO82	171.2	208	218	1453
ALDO83	171.2	208	218	1453
ALDO84	171.2	208	218	1453
ALDO85	171.2	208	218	1453
ALDO86	171.2	208	218	1453
ALDO87	171.2	208	218	1453
ALDO88	171.2	208	218	1453
ALDO89	171.2	208	218	1453
ALDO90	171.2	208	218	1453
ALDO91	171.2	208	218	1453
ALDO92	171.2	208	218	1453
ALDO93	171.2	208	218	1453
ALDO94	171.2	208	218	1453
ALDO95	171.2	208	218	1453
ALDO96	171.2	208	218	1453
ALDO97	171.2	208	218	1453
ALDO98	171.2	208	218	1453
ALDO99	171.2	208	218	1453
ALDO100	171.2	208	218	1453



GlycoMaple

The screenshot shows the GlycoMaple web portal. At the top, there are navigation tabs: Submissions, Resources, and Standards. Below this is a search bar with a 'Submit' button. To the right, there are input fields for 'Ligand' (set to 'D-421') and 'Enzyme' (set to 'Endoglycosidase'). Below the search bar, there are several sections: 'Glycan Processing' with buttons for 'Glycanase', 'Glycanase 2', and 'Glycanase 3'; 'Glycan Glycosyltransferase' with buttons for 'Glycosyltransferase', 'Glycosyltransferase 2', and 'Glycosyltransferase 3'; and 'Glycan Glycosyltransferase' with buttons for 'Glycosyltransferase', 'Glycosyltransferase 2', and 'Glycosyltransferase 3'. At the bottom, there is a 'Glycan Structure' section with a diagram of a glycan structure and a 'Download Image' button.



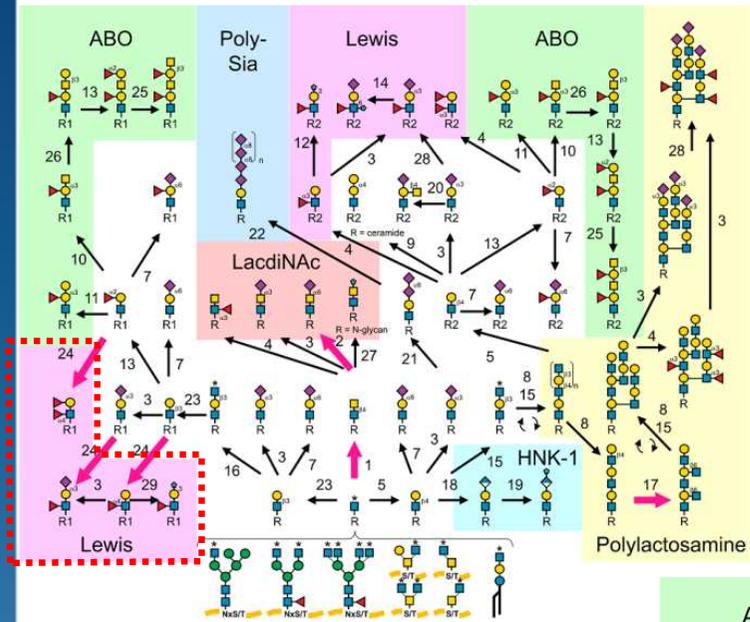


GlycoMapleを使った解析事例 (GSE21422 乳管がん)

乳管がんで増加する糖鎖構造を予測

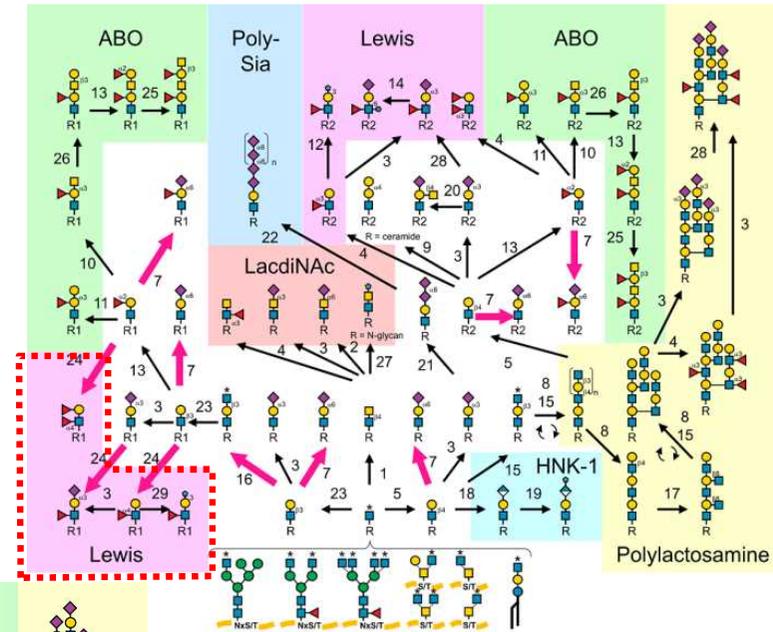
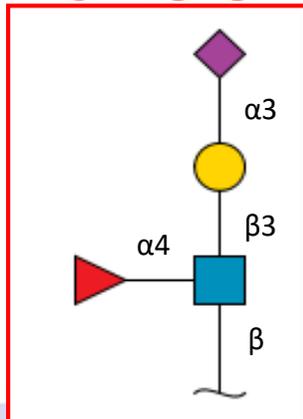
Healthy < DCIS < IDC

IDC vs. DCIS



DCIS vs. Healthy

CA19-9



IDC vs. Healthy

(使用データ : GSE21422)

【統合TV】GlyCosmosの使い方はこちらへ

1) GlyCosmosを使って糖鎖の情報を検索する (16分32秒) [2020-11-24]

<https://togotv.dbcls.jp/20201124.html>

GlyCosmos Portalは、日本糖質学会の公式ポータルとして認定されている、糖鎖科学とライフサイエンスの融合を目指したWebポータルです。リポジトリ (Submissions) からは、国際糖鎖構造リポジトリであるGlyTouCanと、グライコムクス・グライコプロテオミクスのための質量分析データリポジトリであるGlycoPOSTにアクセスすることができます。そして2020年8月より、質量分析から同定された糖鎖構造データのリポジトリUniCarb-DRがスウェーデンから移行され新たに追加されました。データセット (Resources) では、遺伝子、タンパク質、脂質、糖鎖、複合糖質、グライコム、パスウェイ、疾患についてのデータがまとめられており、網羅的に検索することができます。

2) Find information related to glycans using GlyCosmos

(16分33秒) [2021-01-23]

<https://togotv.dbcls.jp/20210123.html>

=====

3) 3分ちょっとで分かる！「世界初 糖鎖ポータルサイト開発」

(3分42秒) (創価大作成動画)

<https://www.youtube.com/watch?v=5UgGG4cXoIQ>

本日のデモデータ [2]
GSE7032
マウス 褐色脂肪細胞・白色脂肪細胞
初代培養細胞

URL : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE7032>

GSE7032: 褐色脂肪細胞と白色脂肪細胞

URL	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE7032
Organism	Mus musculus
Overall design	Comparisons of white and brown pre- and mature-adipocytes
Platforms (1)	GPL81 [MG_U74Av2] Affymetrix Murine Genome U74A Ver. 2 Array https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GPL81
BioProject	PRJNA98391 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA98391

【関連論文】

PNAS March 13, 2007 vol. 104 no. 11 4401-4406

Myogenic gene expression signature establishes that brown and white adipocytes originate from distinct cell lineages

James A. Timmons et al. (Stockholm University)

【解析サンプル】

NMRI雄マウス(3-4週齢)

↓ 肩甲骨間・頸部・腋窩褐色脂肪組織、精巣上体白色脂肪組織

↓ DMEM with 10% 新生仔牛血清/2.4 nM インスリン/25 µg/ml アスコルビン酸Na/10 mM HEPES, pH 7.4 /4 mM グルタミン/50 U/ml ペニシリン/50 µg/ml ストレプトマイシン.

↓ 表現型をUcp1の発現で確認

Treated with 0.1 µM ノルエピネフリン処理 (4時間)

↓ 培養

4日後 前駆褐色脂肪細胞・白色脂肪細胞 (未分化)

7日後 褐色脂肪細胞・白色脂肪細胞 (分化)

【要旨】

- ✓ 褐色脂肪前駆細胞の初代培養は、筋原性のシグネチャを示した。
- ✓ 分化した褐色脂肪細胞では、筋原性シグネチャをサイレンシングする **Sirt11** 関連の転写シグネチャを示した。
- ✓ 白色脂肪前駆細胞では、筋形成に関わる核内受容体を抑制する転写因子 **Tcf21** が発現していた。
- ✓ 褐色脂肪前駆細胞と白色脂肪前駆細胞では、肥満に関与する多くの分化関連遺伝子が発現していた。
- ✓ 褐色脂肪前駆細胞と筋細胞の類似性から褐色脂肪組織と白色脂肪組織は起源が異なることが示唆された。
- ✓ 褐色脂肪細胞が骨格筋組織のような酸化的な脂質異化作用に特化した機能を有する理由を説明するものと考えられた。



ChIP-seq統合データベース

ChIP-Atlas

(<https://chip-atlas.org/>)

➤ Peak Browser

IGVゲノムブラウザで転写因子が結合するゲノム領域を調べる

➤ Target Genes

転写因子が結合するターゲット遺伝子を調べる

➤ Colocalization

近傍に一緒に結合する転写因子の組み合わせを調べる

➤ Enrichment Analysis

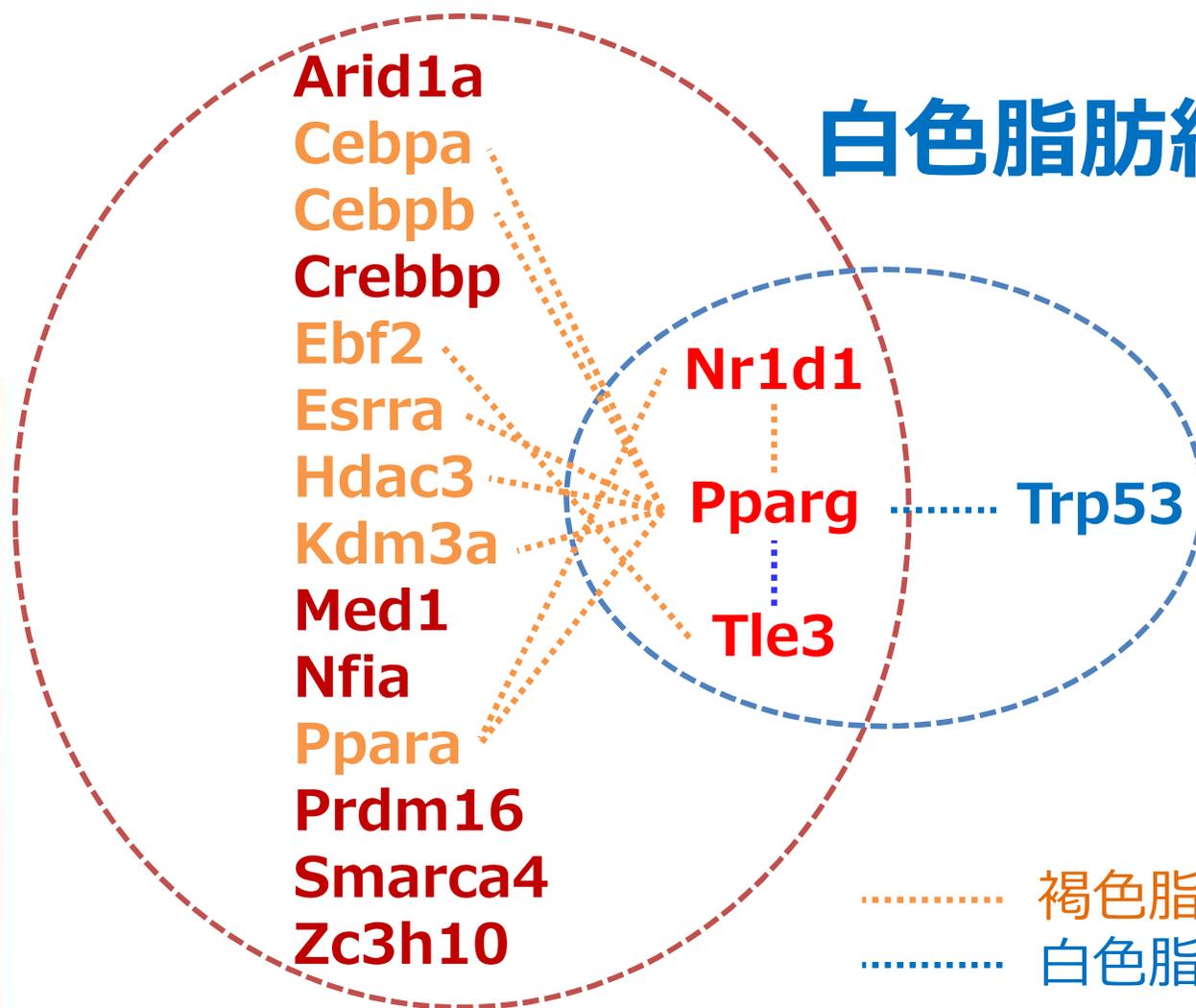
与えた遺伝子群の発現制御に関わる転写因子を予測する

褐色脂肪細胞と白色脂肪細胞の特徴的転写因子

(使用データ：GSE7032)

褐色脂肪細胞

白色脂肪細胞



【解析手順】

褐色脂肪細胞と白色脂肪細胞で発現差があった遺伝子群を **Enrichment Analysis** にかき、褐色脂肪細胞と白色脂肪細胞に共通で挙げられた3つの転写因子 Nr1d1、Pparg、Tle3 に関して褐色脂肪細胞と白色脂肪細胞で共局在する転写因子パートナーを **Colocalization** で調べた。

- 褐色脂肪細胞で共局在
- 白色脂肪細胞で共局在

Ppargの褐色/白色脂肪細胞におけるターゲット遺伝子

褐色脂肪細胞でのターゲット

Ech1	Ate1	Art3
Pdgfra	Acot8	Smyd5
Acaa2	Gpr137b	Acsf3
Etfdh	Mcm7	Entpd5
Slc39a1	Myl4	Ghitm
Pcx	Myl1	Fli1
Hcls1	Pdk4	Angpt1
Dnajc15	Nfyc	Ndufa9
Gabpa	Hccs	Tomm6
Chp1	Cox7a2	Gipc1
Coa3	Pvr	Tspan12
Aco2	Arl8b	Txlng
Nos3	Fubp1	Rad51ap1
Gapdh	Rangap1	Uqcc1
Pdhb	Idh3a	:

白色脂肪細胞でのターゲット

Mgst1	Ggt5	C3
Lpl	Mkln1	Entpd2
Cidec	Ncoa4	Tnfaip3
Serpine1	Atp1a2	Bdnf
Cdkn1a	Arid1a	Zranb1
Me1	C1qtnf1	Atp6v0a1
Cast	Nupr1	Tcf4
Acp5	Taf15	Klf9
Slc27a1	Amy1	Abca1
Rom1	Ttc14	Selenbp1
Clcn2	Otud5	Notch2
Nr2f2	Repin1	Dicer1
S100a13	Cmip	Ptprs
Rbm39	Fmr1	Apbb2
Rbck1	Orm2	:

【統合TV】ChIP-Atlasの使い方はこちらへ

1) ChIP-Atlasを使って既報のChIP-seqデータをまとめて閲覧する

～Peak Browserの使い方～ (9分40秒) [2018-01-23]

<https://togotv.dbcls.jp/20180123.html>

ChIP-Atlas は、(NCBI, EMBL-EBI, DDBJなどに登録されたほぼ全ての ChIP-seq データが解析できます。既報のChIP-seqデータをまとめて閲覧する「Peak Browser」の使い方。Peak Browserでは、Integrative Genomics Viewer (IGV)を用いてスムーズなブラウジングができ、遺伝子のシス調節領域を予測したり、その遺伝子の発現を制御する転写因子を予測します。

2) ChIP-Atlasを使って興味のある転写因子を選択しその標的遺伝子候補を検索する

～Target Genesの使い方～ (7分21秒) [2018-01-24]

<https://togotv.dbcls.jp/20180124.html>

興味ある転写因子を選択し、転写開始点と検索範囲を指定すると、その転写因子が制御する標的遺伝子を予測する「Target Genes」の使い方を紹介します。

3) ChIP-Atlasを使って共局在タンパク質を探す

～Colocalizationの使い方～ (6分11秒) [2018-01-28]

<https://togotv.dbcls.jp/20180128.html>

興味ある転写因子を選択し、それとゲノム上で共局在する転写因子候補を検索、つまり結合部位が近接する転写因子ペアを検索する「Colocalization」の使い方を紹介します。

4) ChIP-Atlasを使って興味ある遺伝子リストを制御する可能性の高い転写因子を調べる

～Enrichment Analysisの使い方～ [2019-01-05]

<https://togotv.dbcls.jp/20190105.html>

利用者の遺伝子リストと既存のChIP-seqデータを比較解析する「Enrichment Analysis」の使い方を紹介します。入力した遺伝子群の発現をまとめて制御する転写因子を予測するほか、BED形式ファイルやシーケンスモチーフを入力すると、それらにenrichmentする転写因子群を調べることができます。

プロテオーム統合データベース

jPOST

(<https://jpostdb.org/>)



The infographic illustrates the data workflow:

- Post raw data** (To repository) and **Views** (To database)
- Submission form data dashboard** and **Slices**
- Register** (Repository) and **Faceted search** (Cube, Globe)
- Aggregate** (Repository, Cube, Globe)
- Reprocessing** (Results) and **Pack into database**

Recent posts:

- Other:** jPOST member's co-authored paper about USI has been published. (2021-06-30)
- Event:** JCompMS 6th workshop. (2021-05-26)
- Other:** jPOST database and repository will be stopped. (on Nov. 27-30). (2020-11-19)

About jPOSTrepo

jPOSTrepo (Japan ProteOme Standard Repository) is a new data repository of sharing MS raw/processed data. It consists of a newly-developed, high-speed file upload process, flexible file management system and easy-to-use interfaces. Users can release their "raw/processed" data via this site with a unique identifier number for the paper publication. Users also can suspend (or "embargo") their data until their paper is published. The file transfer from users' computer to our repository server is very fast (roughly ten times faster than usual file transfer) and uses only web browsers – it does not require installing any additional software.



jPOST is a certified member of ProteomeXchange Consortium and jPOSTrepo provides official ProteomeXchange Identifiers to projects stored in our repository.

Reference

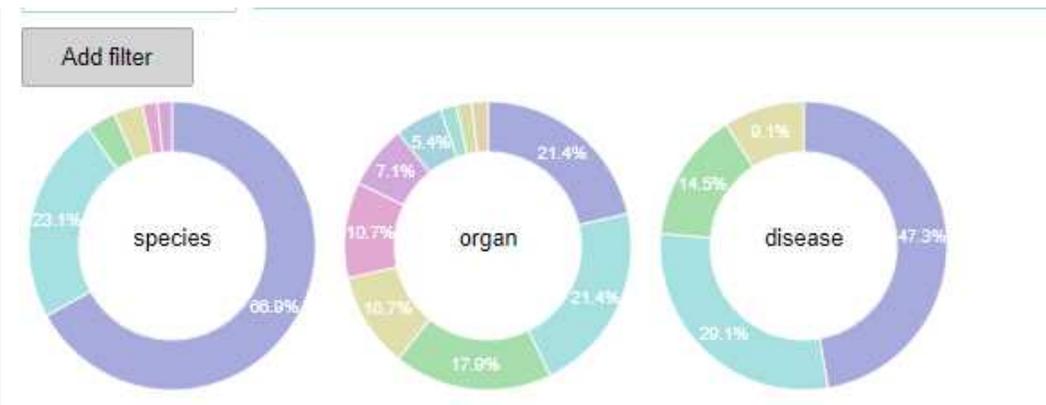
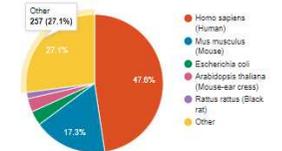
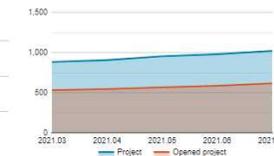
Please cite the following article when using jPOSTrepo:
Okuda, S. et al. jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes. Nucl. Acids Res. 45 (D1): D1107-D1111 (2017). doi: 10.1093/nar/gkw1080 [pubmed]

Statistics

1021 projects are registered. 615 are opened.

77931 files amount to 33.5 TB.

164 species.



プロテオームデータからの転写因子予測

jPOST (https://jpostdb.org/)

Slice1: White adipocyte

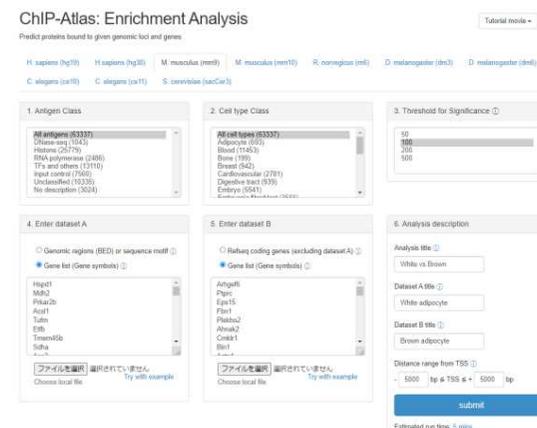
Dataset ID	Project ID	#proteins	#spectra
DS791_1	JPST000791	1,385	4,047
DS791_2	JPST000791	1,182	3,527
DS791_3	JPST000791	1,615	5,404
DS791_4	JPST000791	1,519	5,089

Slice2: Brown Adipocyte

Dataset ID	Project ID	#proteins	#spectra
DS793_1	JPST000793	1,223	4,421
DS793_2	JPST000793	1,100	3,499
DS793_3	JPST000793	1,321	4,513
DS793_4	JPST000793	786	2,408

	White adipocyte			Brown Adipocyte	
	total	unique	share	total	unique
# proteins	2,000	716	1,284	1,688	404
# peptides	3,771	1,644	2,127	3,524	1,397

ChIP-Atlas (https://chip-atlas.org/)



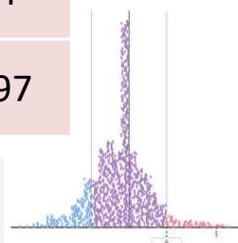
Brown adipocytes

- Cebpa
- Cebpb
- Ebf2
- Esrra
- Hdac3
- Med1
- Nfia
- Nr1d1
- Ppara
- Pparg
- Prdm16
- Tle3
- Zc3h10

White adipocytes

- Pparg
- Tle3
- Nr1d1
- Trp53

プロテオームデータからも、遺伝子発現データとほぼ同じ転写因子群の関与が予測された。



「信頼できるデータ区間と 変動遺伝子の選抜方法」 について考える

発現量で見るか、発現変動で見るか

発現量
(シグナル値)

発現変動
(対照群に対する変動比)

シグナル値 ≡ 発現量

発現変動 ≡ 機能変化

≠ 機能の重要性

≠ 生物学的機能の重み

➤ 測定系の検出感度とノイズ

➤ 低発現遺伝子ほど変動幅が振れやすい

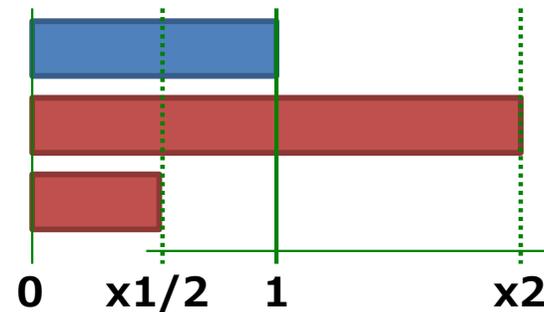
変動値は「対数値」で扱う

線形数値だと発現上昇遺伝子と発現低下遺伝子が均等に比較できない

対照群

x2 発現上昇

x1/2 発現低下



変動幅は「A (処置) / B (対照)」

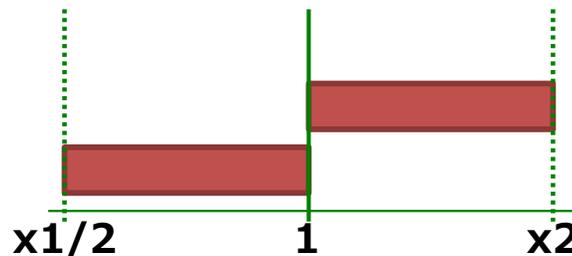
等距離にならない

対数化することで発現上昇遺伝子と発現低下遺伝子が均等に比較できる

対照群

x2 発現上昇

x1/2 発現低下



変動幅は「A (処置) - B (対照)」

等距離になる

※ 慣習的に、対数の底は「2」を使うことが多い。

※ 対数以外にも+/-で示したFold Changeを使うケースもある。

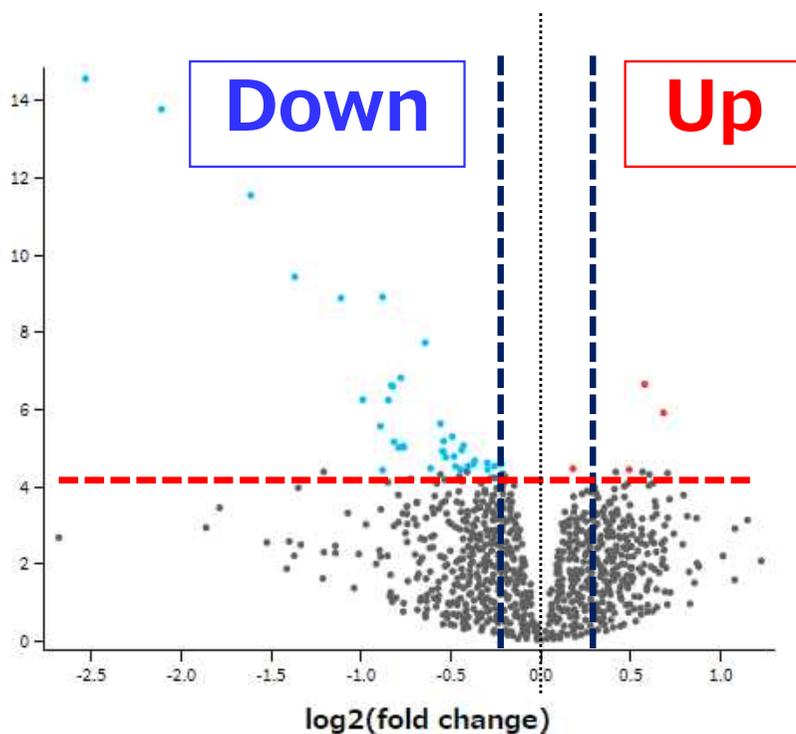
① 変動倍率とP値による選抜 (Volcanoプロット)

Volcanoプロット

Help

GSE17913: Effects of Cigarette Smoke on
the Human Oral Mucosal...
Never_smoker_F vs Smoker_F, Padj<0.05

P値 (-log10(P.value))



変動倍率 (log2FC)

NCBI GEO2R

比較する2群間のデータを比較し、『**統計学的に有意な差**』がある遺伝子を選抜する手法。多くの論文で採用され、一般的で、かつ最もよく使われている手法。

【前提 (暗黙の条件)】

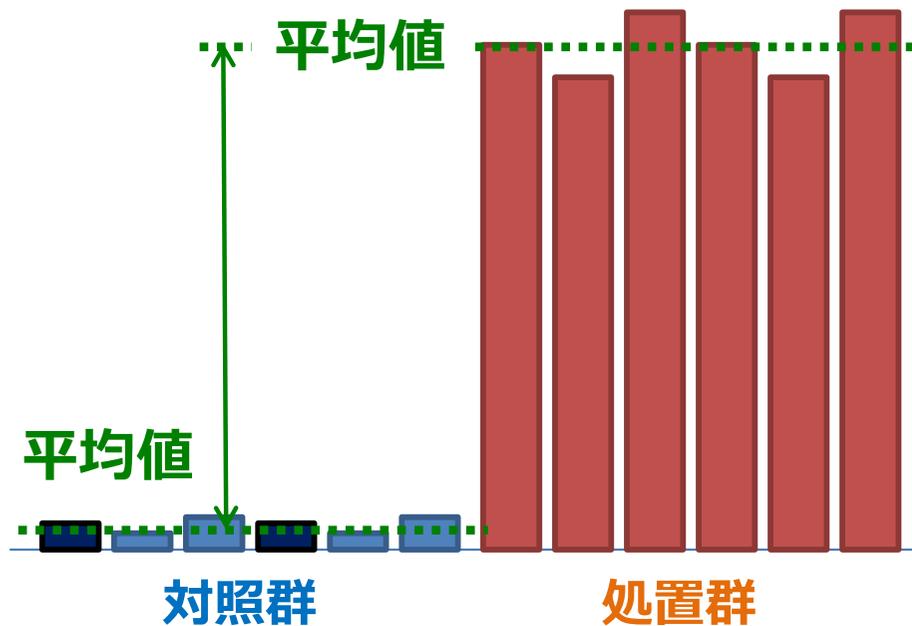
- ✓ 2つのサンプル群内のデータが『**質的に揃っている**』こと。
- ✓ 群間差が有意かどうか判定できる『**十分な数**』のデータがあること。

【問題点】

- ✓ 臨床サンプルデータでは、この二つの条件を満たすことがむずかしい。

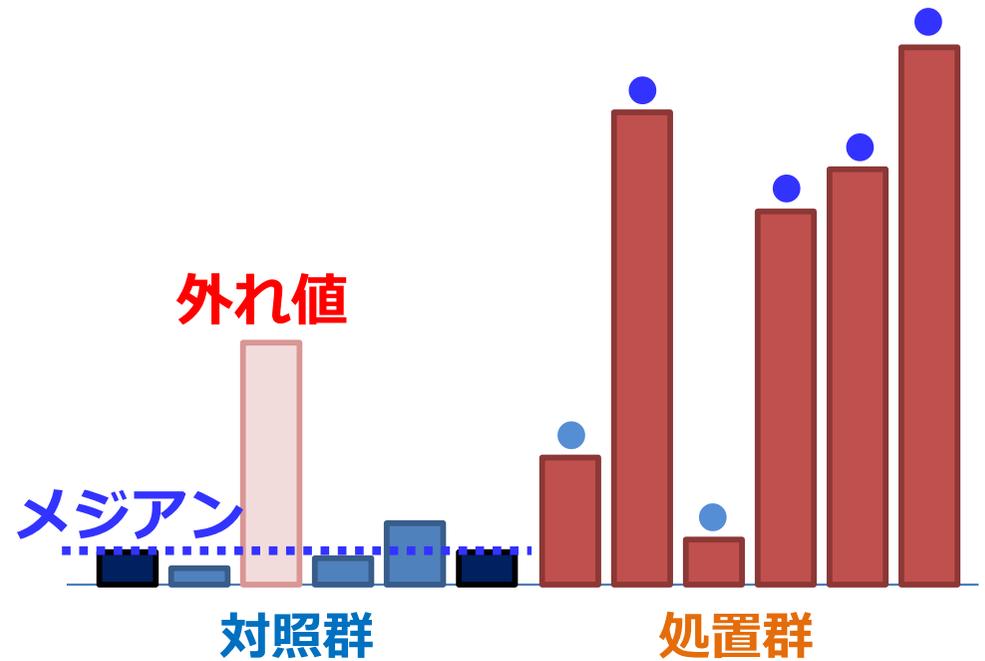
「群代表値」の選択肢

A) 群内のばらつきが小さい場合



ばらつきが小さくN数がある場合は、T検定(2群)やANOVA(3群以上)などの**検定手法**で、**平均値**の比とP値から変動遺伝子を抽出すると良い。

B) 群内のばらつきが大きい場合

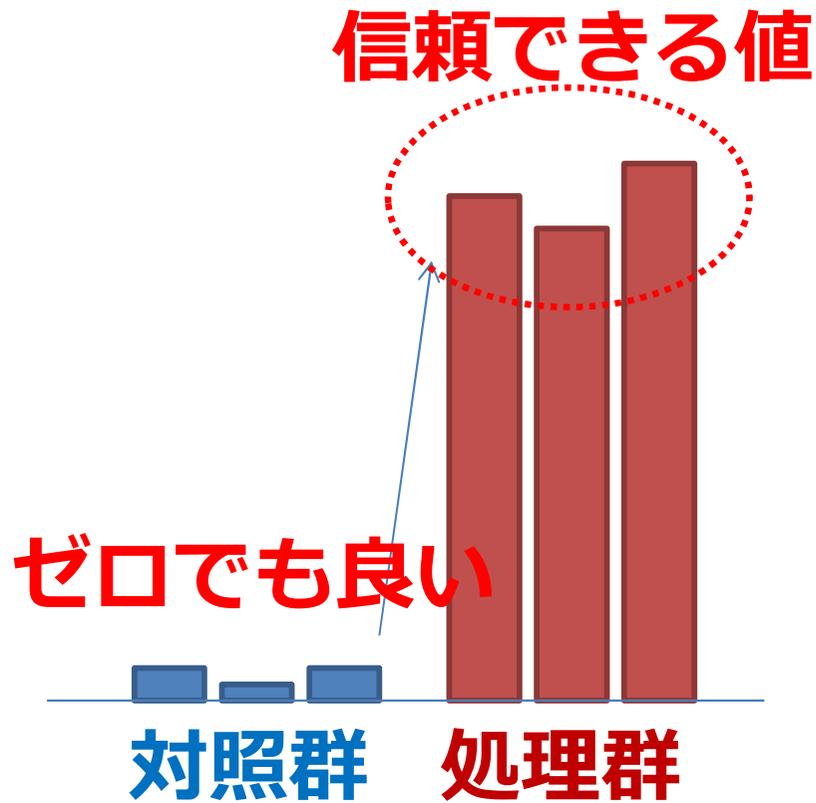


ばらつきが大きい場合やN数が少ない場合は、**メジアン**を対照群の代表値として個別サンプル毎の変動を算出し、3/6以上とか4/6以上などの**頻度条件**で変動遺伝子を抽出すると良い。

※ T検定やANOVAで変動遺伝子を抽出する場合は、群代表値はメジアンではなく平均値を使う。

「信頼できる発現変動」の考え方

発現上昇遺伝子のQC

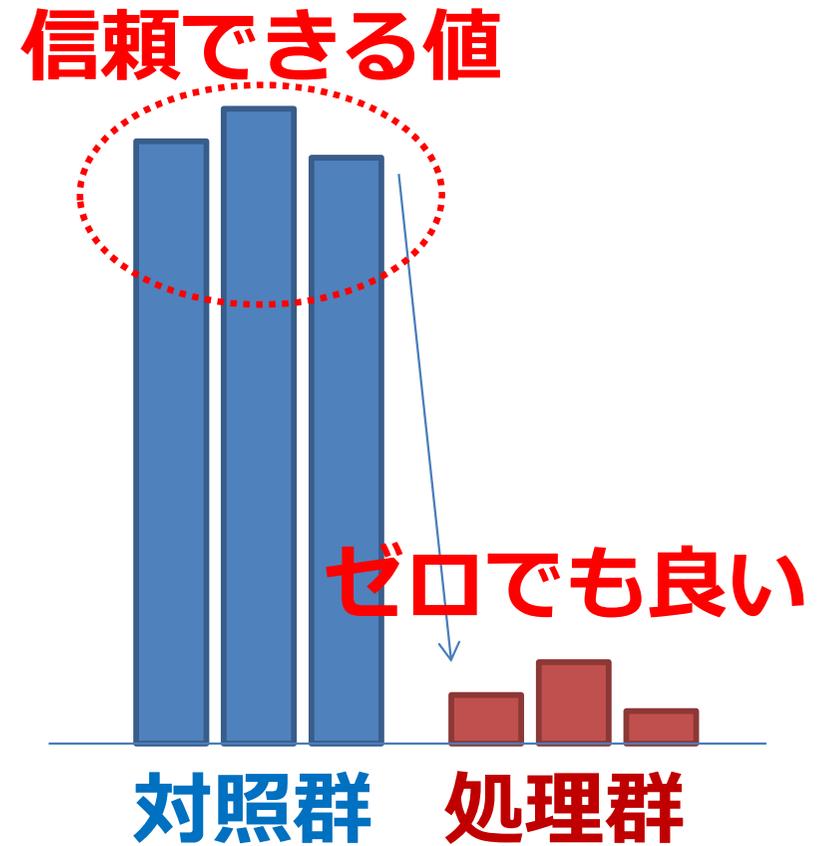


フラグ
Raw値
変動値

No
No
-

P or M
Yes
Yes

発現低下遺伝子のQC

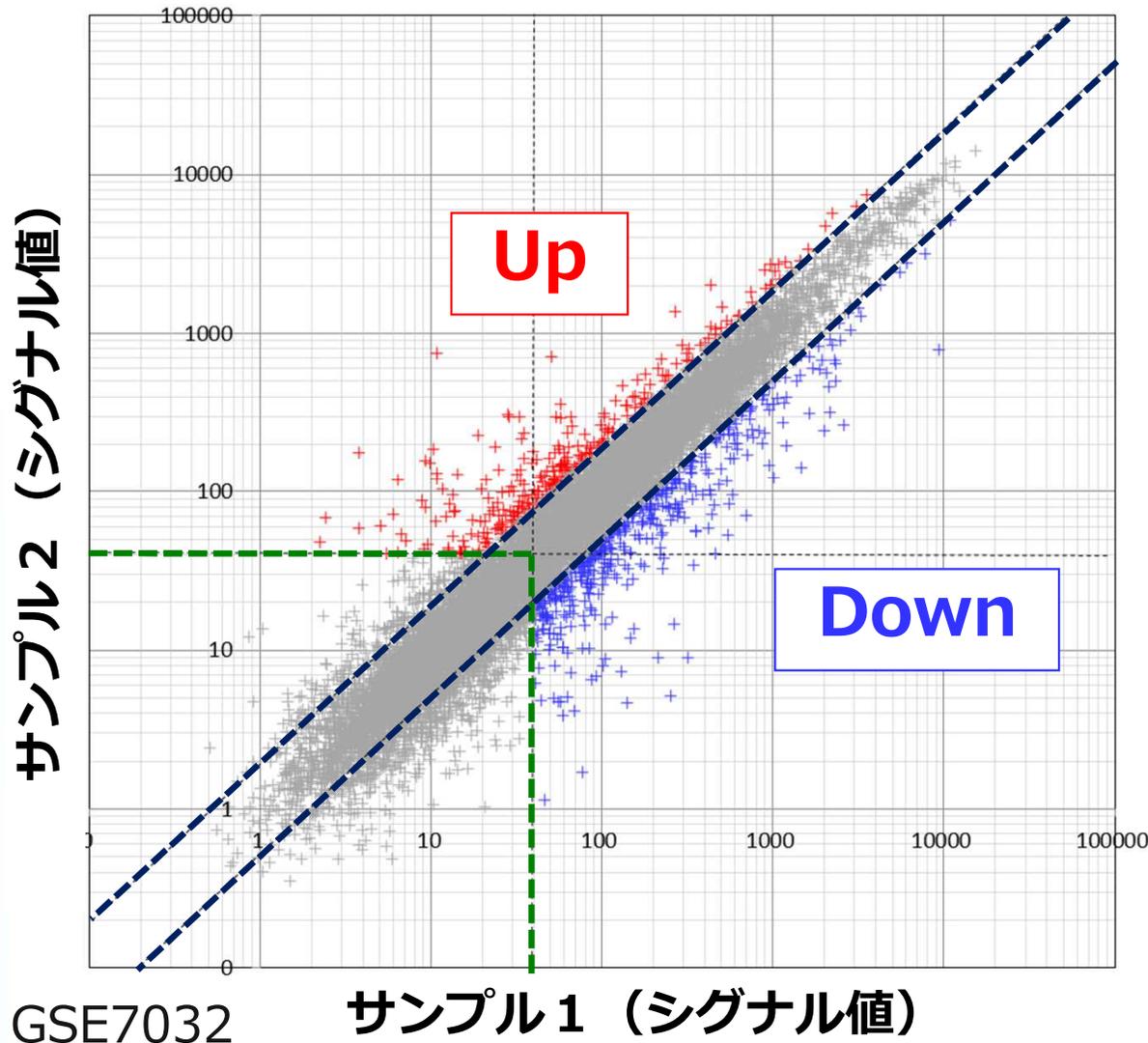


P or M
Yes
-

No
No
Yes

② シグナル閾値と変動倍率を使った選抜

Brown vs. White, adipocytes (Expression and FC)



『2つのサンプル』を比較し、
『適切な閾値』を設定した上で、
遺伝子を選抜する。

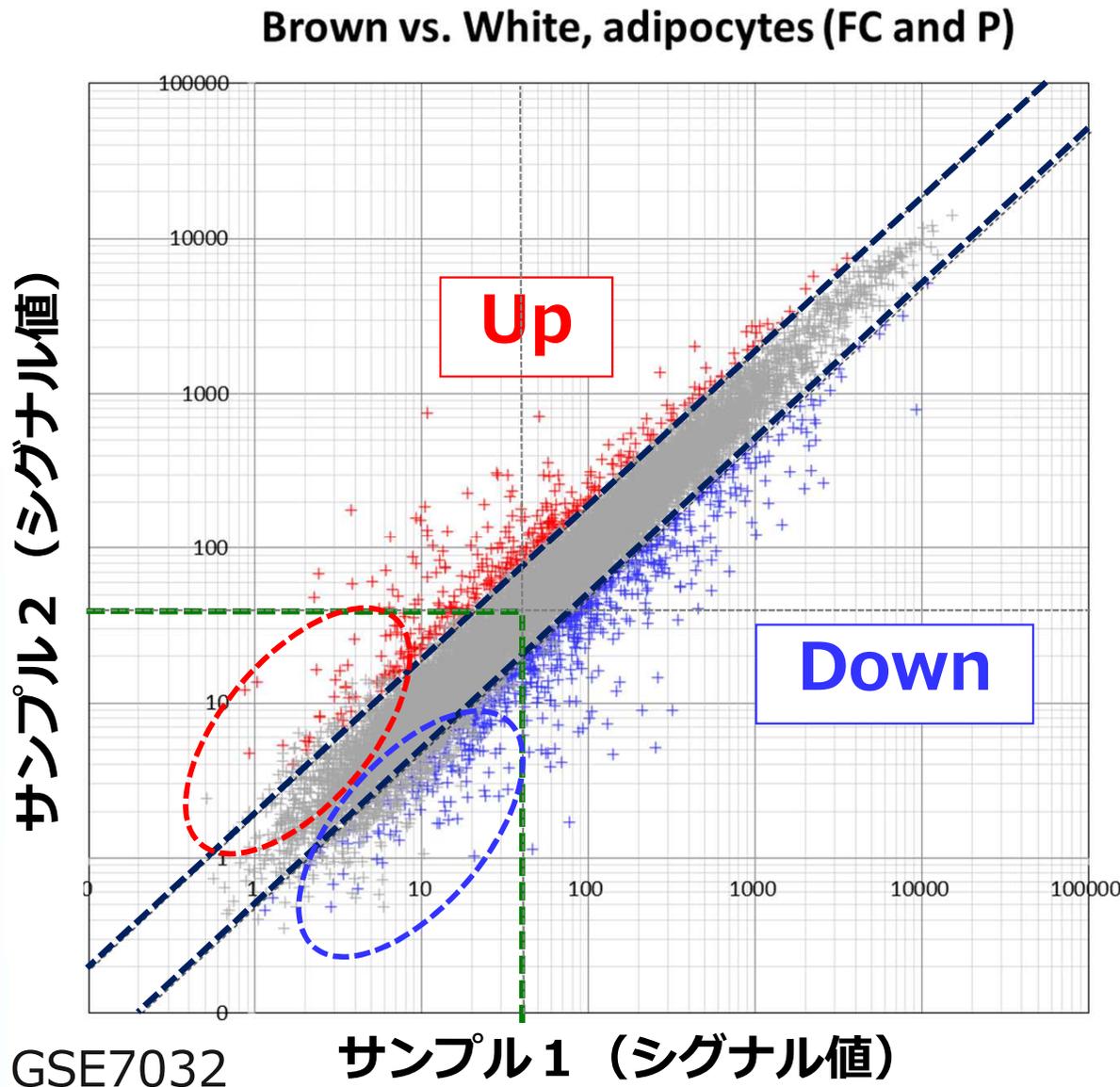
【利点】

- ✓ サンプル数に依存しない。
- ✓ 質的に揃っていないデータに対しても対応可能。

【課題】

- ✓ 『適切な閾値』はどのように決めるか。

変動倍率とP値による選抜の問題点



変動遺伝子選抜（検定手法）では、有意差さえつけば、検出限界以下の発現レベルが低い遺伝子についても『有意な発現変動遺伝子』と判定してしまう。

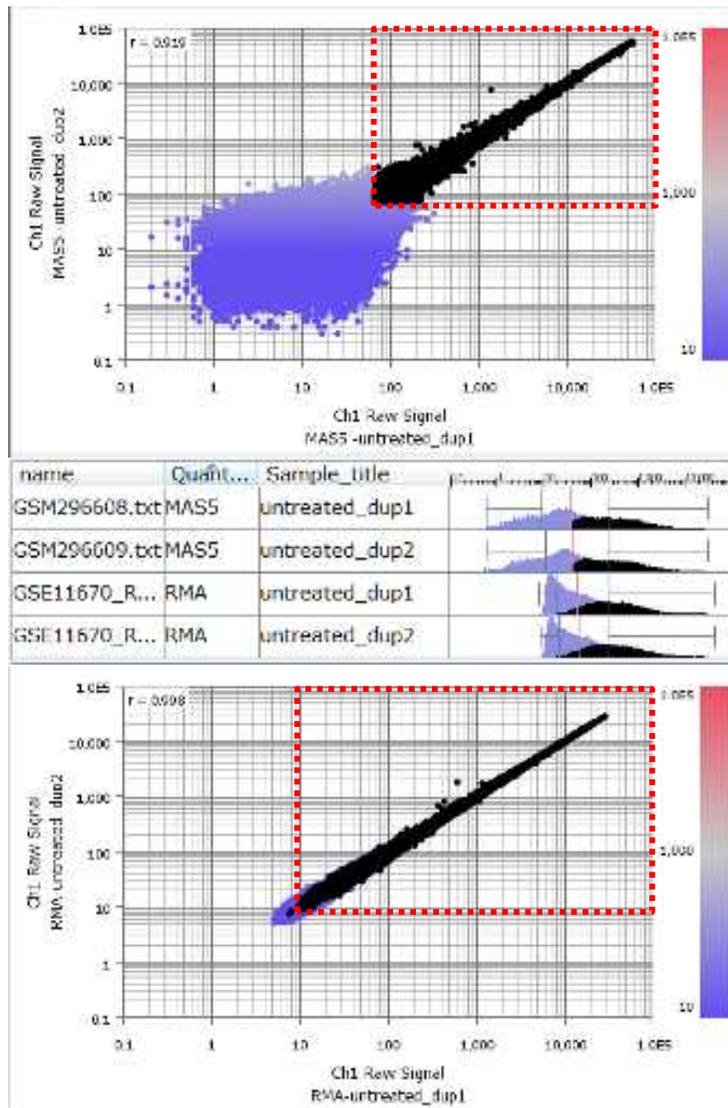
発現レベルの低い遺伝子は実験誤差やサンプル間のばらつきに起因する『見かけ上の変動倍率』が大きく出る傾向があり、選抜した発現変動遺伝子を『変動倍率』で評価すると、意味のない誤った解釈につながってしまう危険性があるので注意する必要がある。

この過ちを犯し、結論をミスリードしている論文も少なくない。統計学的には正しくても生物学的に正しいとは必ずしも言えない点に注意。

「測定技術と検出限界」 について考える

Affymetrix 3'-IVT GeneChipデータの信頼区間

MAS5



Affymetrix 3'-IVT GeneChip

低温ハイブリで測定系は16ビット取り込み。

【数値化方法による違い】

MAS5では、CM/MMプローブの検定でプローブセットごとに評価フラグ (P/M/A) を出す。シグナル値<100の信頼性は高くないが、評価フラグを使ってノイズではない値を拾える。

信頼区間のダイナミックレンジは 10^3 程度、約25,000プローブ(約12,000遺伝子)を検出。

RMAでは、データセット内で数値分布を正規化した上で数値化する。フラグは出さない。検出感度と再現性が高くなったように見えるが、正規化でノイズが隠れただけなので、信頼区間とノイズの見きわめがむずかしくなっている。

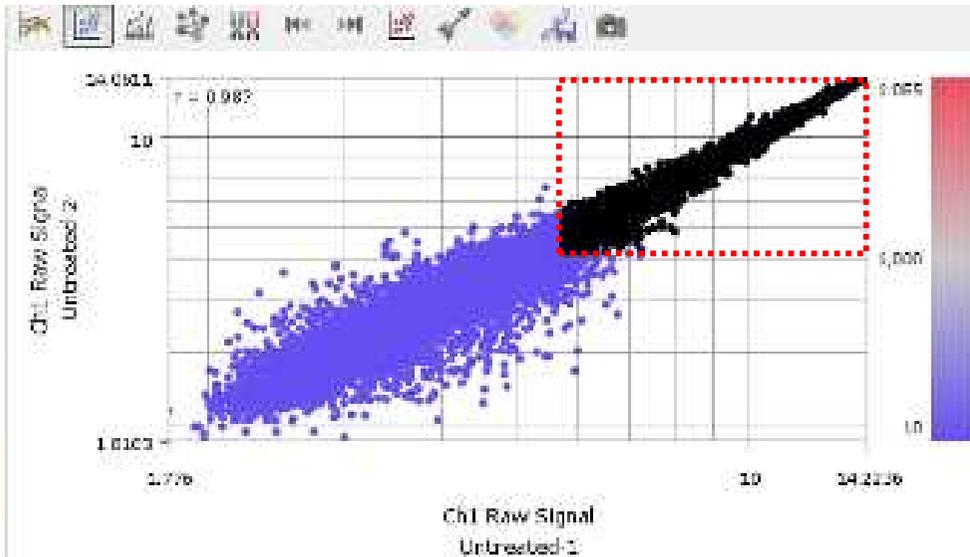
RMA

[GSE11670](#) (K562 コントロール実験duplicate)

出展: Subio (<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)

Affymetrix Gene ST Arrayデータの信頼区間

Affymetrix HuGene-1.0-st



name	ID	Agent	Signal
GSM554579....1		Untreated	
GSM554580....2		Untreated	
GSM554581....3		Untreated	
GSM554582....4		AP1510	
GSM554583....5		AP1510	
GSM554584....6		AP1510	

[GSE22288](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE22288) (MCF10A-HER2-FKBP-HAコントロールduplicate)

出展: Subio (<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)

Affymetrix Gene ST Array

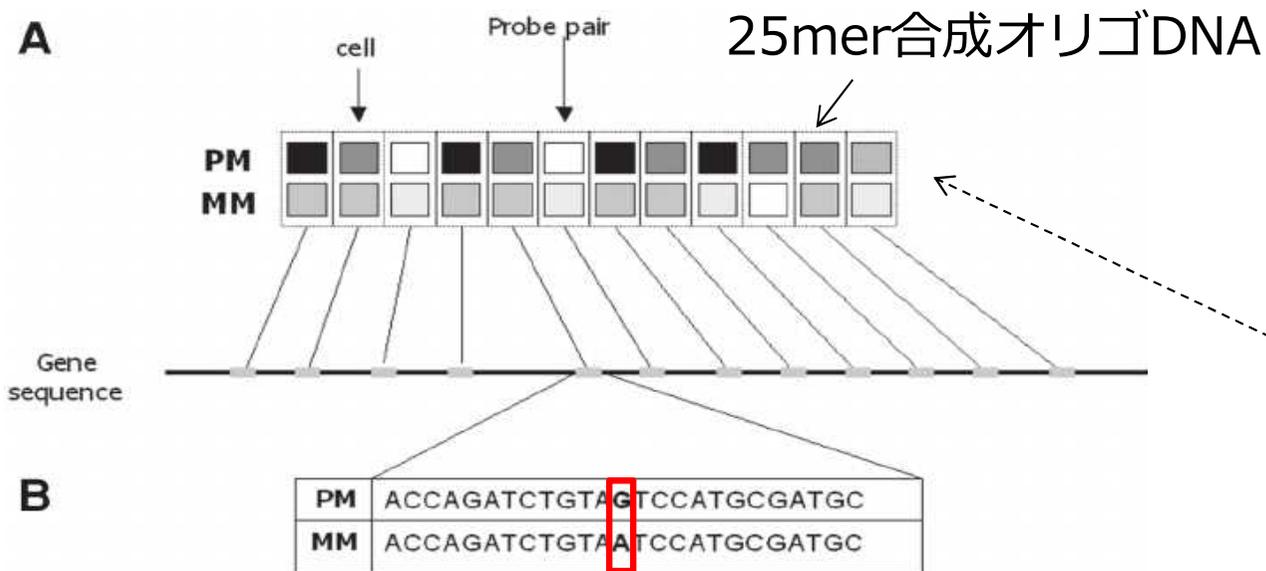
3'-IVT GeneChipの後継技術として出された。3'-IVT GeneChipは3'-UTRにプローブが設計されていたが、Gene ST Arrayではエクソン領域にプローブが設計されている。低温ハイブリでもともとノイズが高いが、ランダムプライマー標識でさらにS/N比が悪くなった。

数値化ソフトでバイアスとノイズを隠しているため、低シグナル域ほどばらつきが小さくなるという**不自然なシグナル分布**をする。

信頼区間の**ダイナミックレンジは 10^3 弱**、およそ12,000~15,000プローブ(**9,000~11,000遺伝子**)の発現が測定できていると思われるが、信頼区間とノイズの境界が分かりにくく、解析しづらい。

Affymetrix GeneChip

Probeset design



Affymetrix GeneChip (3'IVT Expression)

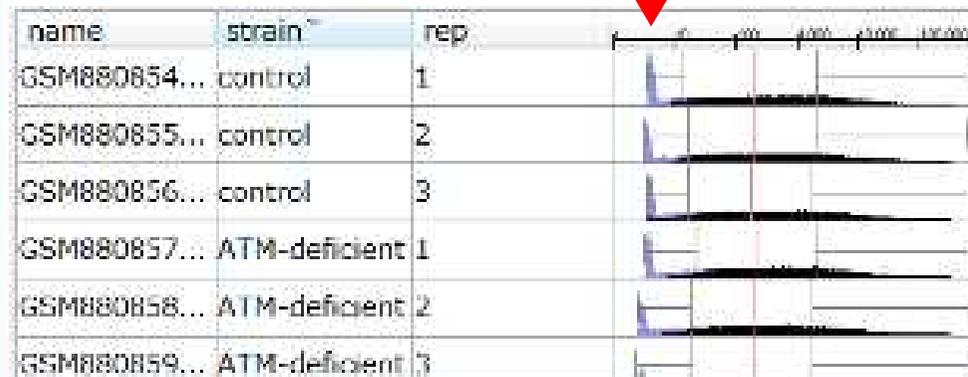
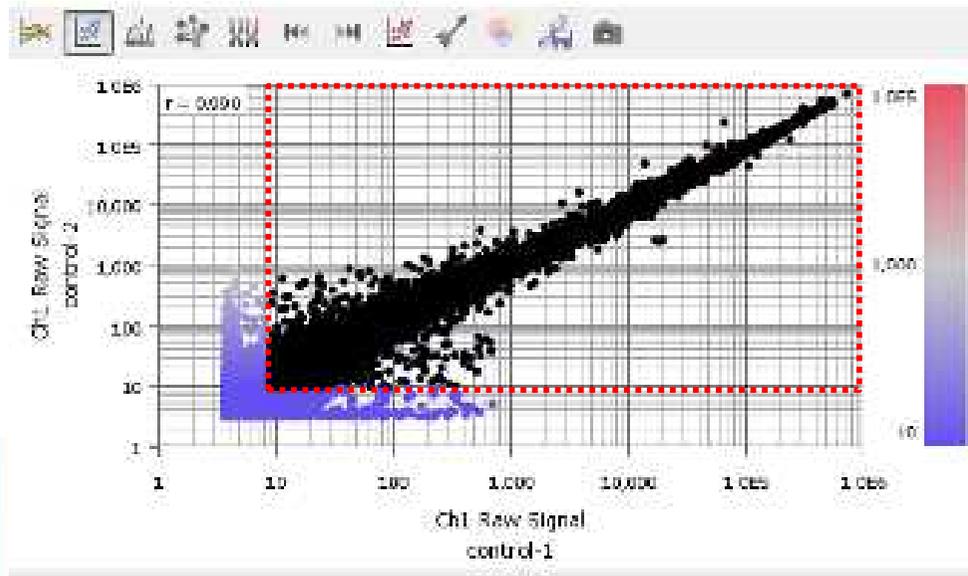
遺伝子の3'末端側に11ないし20プローブセットをデザイン
Perfect Match probe (PM) およびMismatch probe (MM)

Affymetrix Gene ST Array

1エクソンあたり約4プローブ、1遺伝子あたり約40プローブ
Perfect Match probe (PM) のみ

Agilent Microarrayデータの信頼区間

Agilent Whole Genome 44K



[GSE36082](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE36082) (HME-CCコントロールduplicate)

出展: Subio (<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)

Agilent WholeGenome/SurePrint

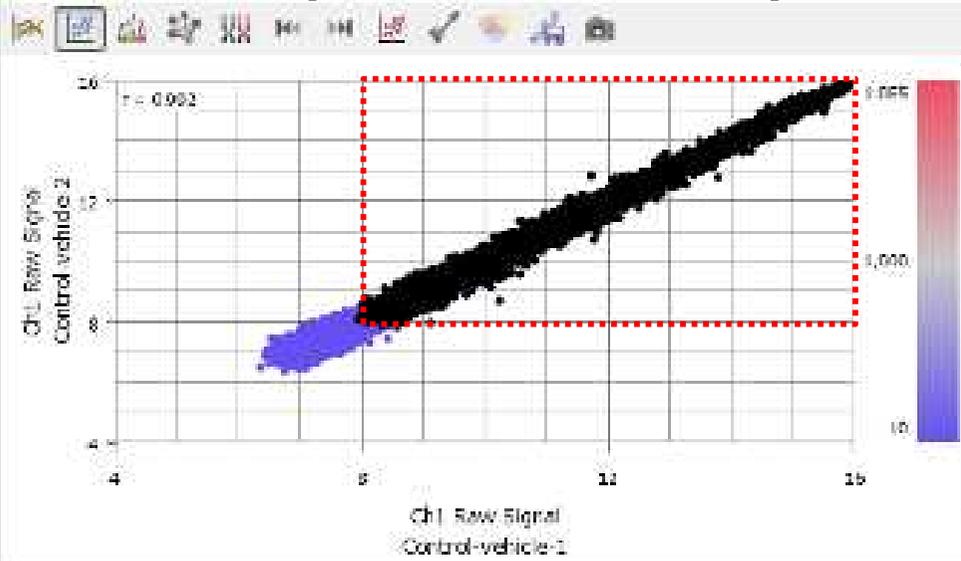
高温ハイブリと20ビットのデータ取り込みで、低バックグラウンドと広い理論ダイナミックレンジが実現されている。

ヒストグラム左端にピーク (↓) はネガティブコントロールプローブのシグナル。シグナル領域とノイズ領域の重なりが小さく、境界がはっきりしているため、「低発現遺伝子」と「発現していない遺伝子」が区別できる。

信頼区間のダイナミックレンジは $10^4 \sim 10^5$ 、およそ約34,000プローブ(約16,000遺伝子)を検出。転写因子やシグナル関連分子は中～低発現領域の遺伝子が多く、プロファイリングを目的とする場合、このレベルの遺伝子発現量が測定できる意味は大きい。

ILLUMINA BEADCHIPデータの信頼区間

ILLUMINA HUMANHT-12 V4.0 expression beadchip



ILLUMINA Expression Beadchip

高温ハイブリだがデータ取り込みは16ビット。ビーズアレイのため同一プローブを複数回測定し信頼性を高めている。散布図ではばらつきが小さく見えるが、RMAでの数値化によるもの。

信頼区間のダイナミックレンジは $10^2 \sim 10^3$ 弱と Affymetrix 3'-IVT GeneChipよりも狭い。約15,000プローブ(約11,000遺伝子)を検出。

ビーズスキャナーが専用装置のため、RMA以外の数値化手法が選択できない制約がある。



[GSE25315](#) (MCF-7コントロールduplicate)

出展: Subio (<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)

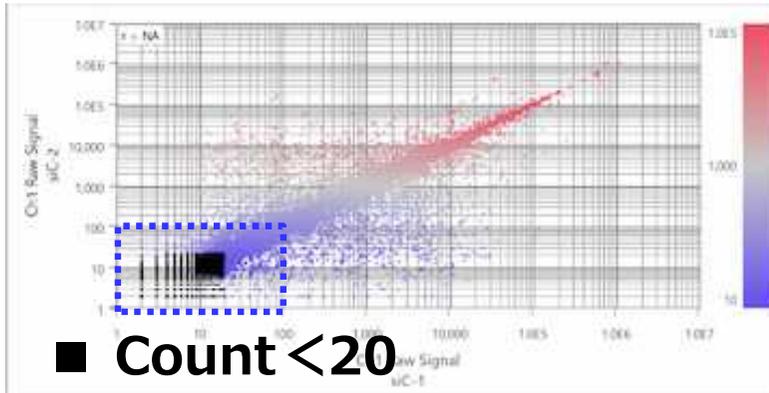
=====

【参考】 TIFFファイルの形式と理論階調

- 16ビット: 65,536階調 ($\sim 10^4$)
- 20ビット: 1,048,576階調 ($\sim 10^6$)

RNA-seqデータの信頼区間

Count



Count (Read)

ゲノム上にマッピングされた各転写物ごとのリード数。

RPM (read per million read mapped)

各サンプル総リード数を100万あたりに換算して正規化。

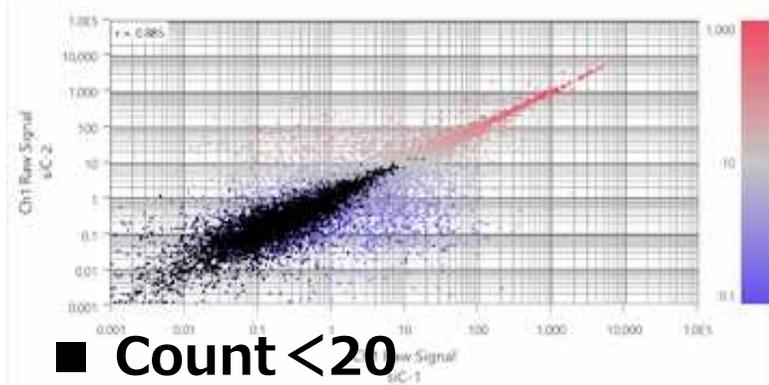
TPM (tag per million read mapped)

Countを遺伝子長1000 bpあたりに補正後、各サンプルの総リード数を100万あたりに換算して正規化。

FPKM/RPKM (fragments per kilobase of exon per million read mapped)

RPMを各転写産物ごと遺伝子長が1000 bpあたりに換算して補正。

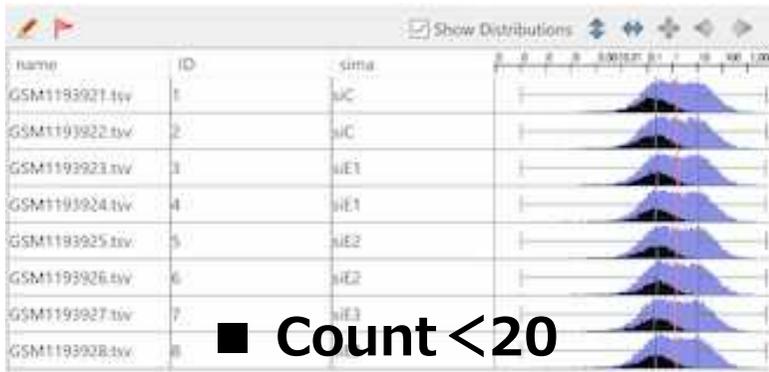
TPM



RNA-seqのダイナミックレンジ

- Countで判断しないと信頼区間が特定できない。
- 総リード数によって信頼区間が変わる。
- 総リード数、数1000万で上位1万遺伝子くらい(?)
- **2000~5000万リード ≒ Affymetrix GeneChip**
- **1億リード ≒ Agilent Microarray**

TPM



出展: Subio (<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-rna-seq>)

(注: シングルリード換算)

NCBI SRA RNA-seqデータの品質(ヒト)

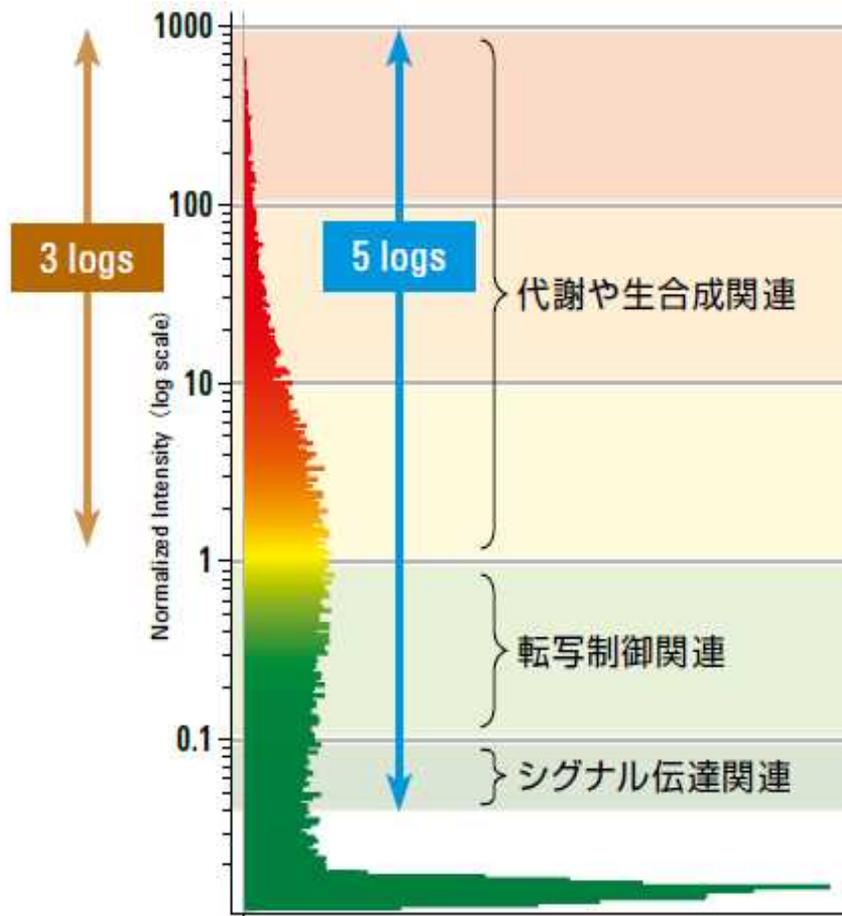
QC Metric	Num	Ratio
PASS	2,275	21.8%
WARN	2,800	26.8%
FAIL	5,358	51.4%
Total	10,433	100.0%

← 十分な品質が確保できている RNA-seqデータはわずか2割。多くはマップされたリード数の不足が原因。

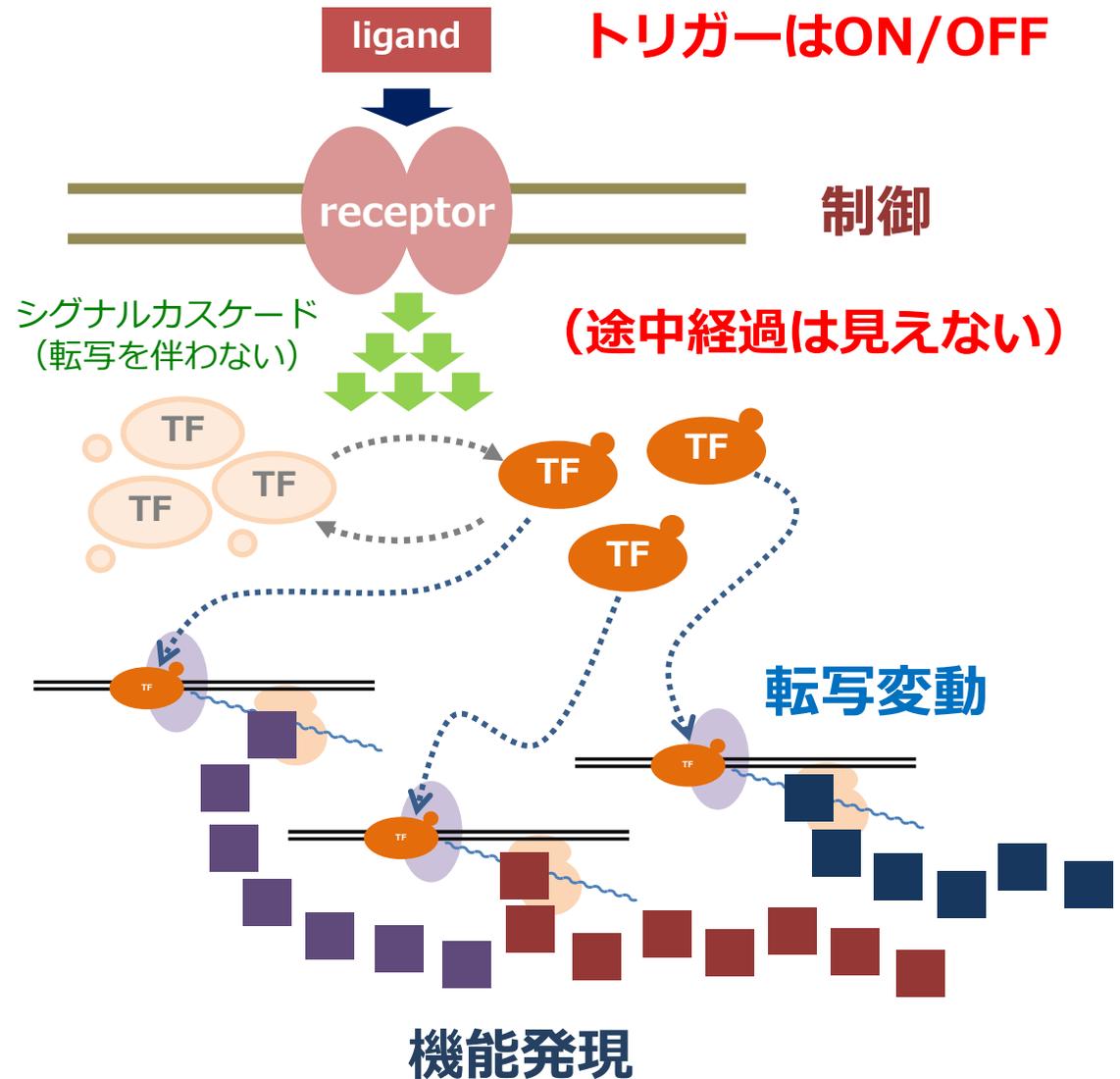
Code	Metric	Warn threshold	WARN		Fail threshold	FAIL	
1	NumReadsQcPass	< 500 reads per gene	2,322	22.3%	< 50 reads per gene	639	6.1%
2	QcPassRate	< 80%	343	3.3%	< 60%	592	5.7%
3	STAR_UniqMapRate	< 70%	463	4.4%	< 50%	2,771	26.6%
4	STAR_AssignRate	< 60%	1,045	10.0%	< 40%	3,318	31.8%
5	STAR_AssignedReads	< 500 reads per gene	2,566	24.6%	< 50 reads per gene	2,941	28.2%
6	Kallisto_MapRate	< 60%	184	1.8%	< 40%	3,291	31.5%
7	Kallisto_MappedReads	< 500 reads per gene	2,520	24.2%	< 50 reads per gene	1,954	18.7%
8	DatasetCorrel	< 0.5	0	0.0%	-	0	0.0%

DEE2 (<http://dee2.io/index.html>) での評価を集計 (2021.5.28現在)

計測値の感度と機能の変化の関係



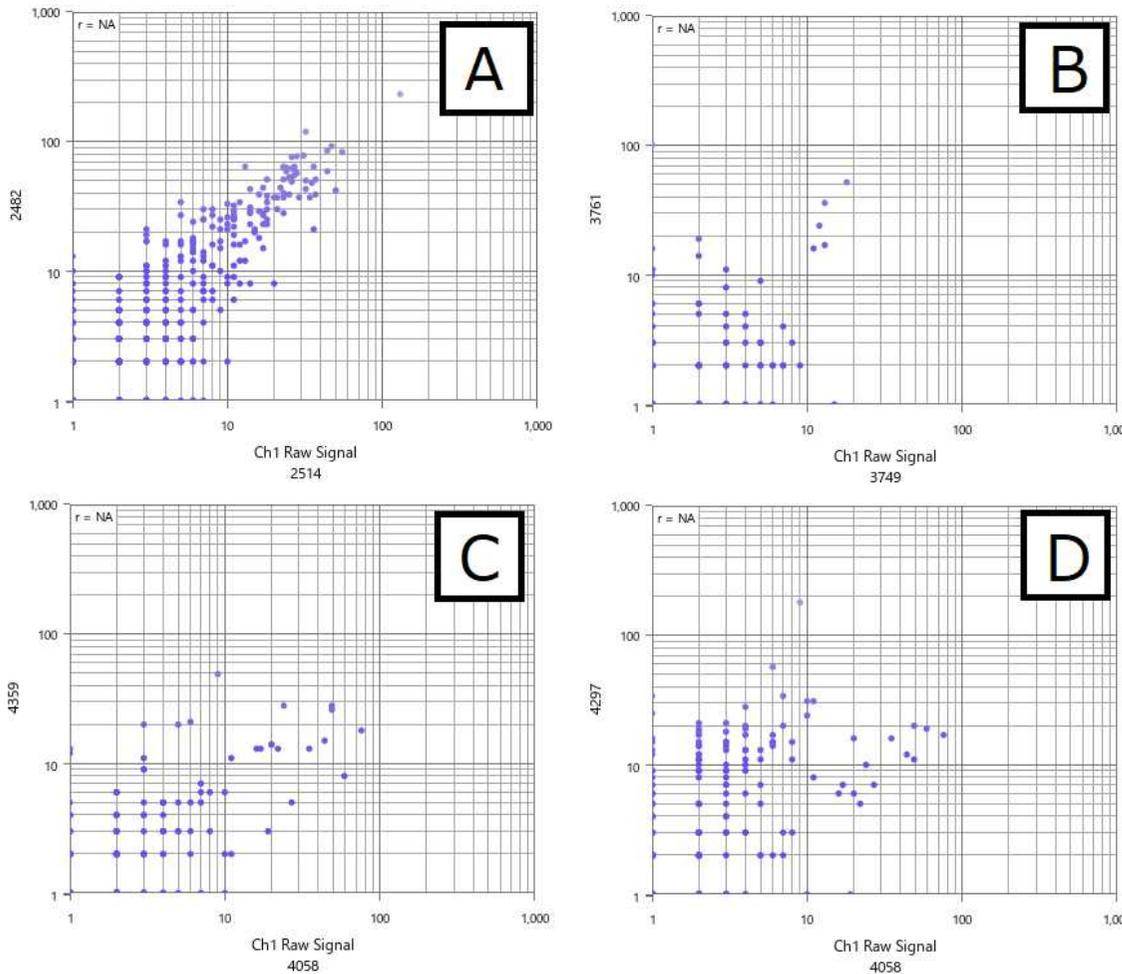
乳がんセルライン (MCF7) のヒストグラム
 縦軸：シグナル強度 / 横軸：頻度
 (Agilent Technologies社資料より)



発現変動のダイナミックレンジは 10^6 下流ほど遺伝子数も多く変動幅も大きい

ssRNA-seqデータの信頼区間

ssRNA-seqデータの分散図の例 (GSE134520)



[GSE134520](#) (Gastric cancer)

ssRNA-seqのCount

13細胞サンプル中少なくとも5細胞でCount値が1以上だったのは15,245遺伝子。少なくとも1細胞でCount値が5以上だったのは1,854遺伝子。さらに、少なくとも2細胞でCount値が10以上だったのはたった301遺伝子だった。半分の細胞でCount値が10を超えた6遺伝子のうち、4遺伝子はミトコンドリアの遺伝子だった。

このデータでは何らかの生物学的解析に資すると言える遺伝子は200~300個しかなく、それですらごく一部の細胞でしか検出されていなかった。

ssRNA-seqでは十分な深さのデータを取得することが、技術的にもコスト的にも困難なことから、その限界（何がわかり、何がわからないのか）をよく理解して使うことが重要。

出展: Subio (https://www.subioplatform.com/ja/info_casestudy/340/how-is-the-quality-of-single-cell-rna-seq-actually)

「群分け」 について考える

「がん悪液質マーカーの探索」

Genome Med. 2010; 2(1): 1.

Using transcriptomics to identify and validate novel biomarkers of human skeletal muscle cancer cachexia

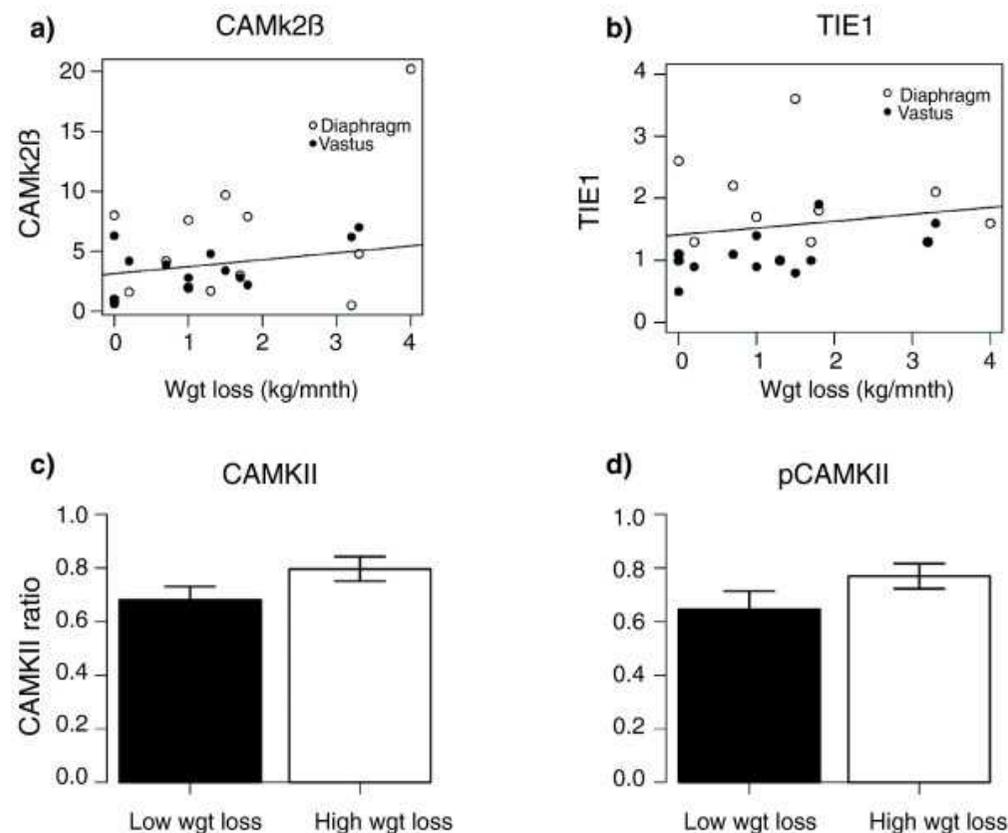
Nathan A Stephens et al. (University of Edinburgh)

Published online 2010 Jan 15. doi: 10.1186/gm122, PMCID: PMC2829926, PMID: 20193046

GeneChipを用いて上部消化器がん患者腹直筋サンプルの遺伝子発現を調べ、

Student's two tailed t-test, one way ANOVA, Mann-Whitneyで統計学的に有意な発現差のある遺伝子を抽出。

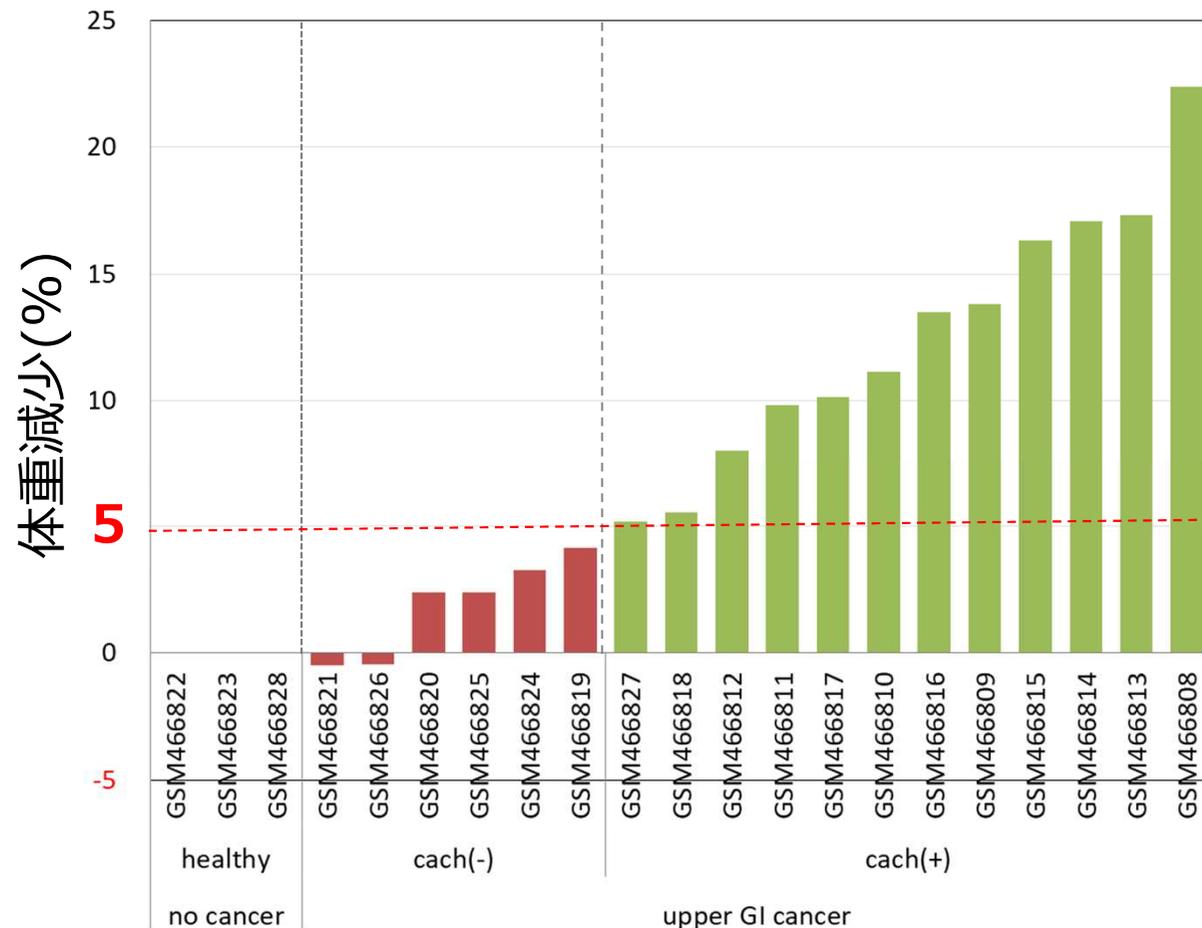
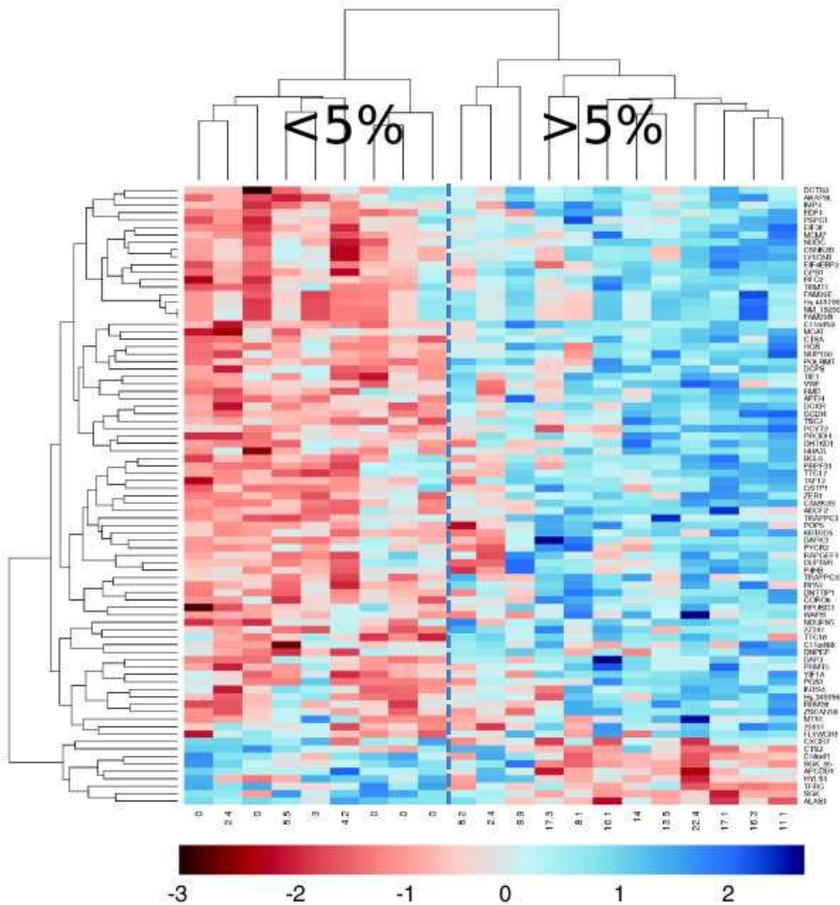
- 悪液質患者で**CaMKII β** と**TIE1**が発現上昇。
- 動物モデルの解析で悪液質との関係が報告された**FOXO**や**ユビキチンE3リガーゼ (MURF1, MAFbx)**は、体重減少とは無関係だった。



この論文の「群設定」は正しいでしょうか？

Significance Analysis of Microarrays (SAM) で選択した83遺伝子を用いたクラスタリング

- 悪液質あり (体重減少5%以上) 12検体
- 悪液質なし (体重減少5%未満) 6検体
- 健常人 3検体



「群の不均一性」と「数の力」 について考える

サンプルの多様性(例:「乳がん」)

データセット	乳がん	正常				合計
		乳房	乳腺	間質	乳首	
GSE2109	335	0	0	0	0	335
GSE8977	7	0	0	14	0	21
GSE5460	127	0	0	0	0	127
GSE7307	0	2	3	0	4	9
ca1015897591112000	22	0	0	0	0	22
合計	491	2	3	14	4	514

乳がんサンプルの多様性 (1) : ER/PR/Her2

	ER	nega	nega	nega	nega	nega	nega	pos	pos	pos	pos	pos	pos	pos	pos	low	unk		NT	合計
	PR	nega	nega	nega	pos	unk	unk	nega	nega	nega	pos	pos	pos	unk	unk	unk	unk	unk		
	Her2	nega	pos	unk	nega	nega	pos	nega	pos	unk	nega	pos	unk	nega	pos	unk	unk	nega		
1	Adenocarcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2
2	Adenoid Cystic Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
3	Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
4	Colloid Adenocarcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
5	Cribiform Carcinoma	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
6	Ductal and Lobular Carcinoma	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	3
7	Ductal Carcinoma	36	16	7	0	39	15	10	7	3	54	22	6	60	15	0	0	2	97	389
8	Ductal Carcinoma, Metastatic	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	4
9	Inflammatory Carcinoma	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
10	Intracystic Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
11	Intraductal Carcinoma	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	4
12	Lobular Carcinoma	0	0	1	1	0	0	6	0	1	11	1	1	0	0	0	0	1	12	35
13	Lobular Carcinoma, Metastatic	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
14	Medullary Carcinoma	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
15	Metaplastic Carcinoma	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3
16	Metaplastic Squamous Carcinoma	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2
17	Mucinous Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	2	0	6
18	Papillary Carcinoma	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2
19	Pleomorphic Liposarcoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
20	Stroma Tumor	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	7
21	Histology unknown	0	0	9	0	0	0	0	0	1	0	0	10	0	0	1	1	0	0	22
0	Normal	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	23
	合計	42	18	18	1	39	15	19	8	5	75	25	17	60	15	1	1	3	129	514

乳がんサンプルの多様性 (2) : ステージ

STAGE	1[P]	2	2a[C]	2a[P]	2a[R]	2b[P]	2b[R]	3	3a[P]	3a[R]	3b[P]	3b[R]	3c[P]	4	4[C]	4[P]	4[R]	unk	NT	合計
1 Adenocarcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2
2 Adenoid Cystic Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
3 Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
4 Colloid Adenocarcinoma	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
5 Cribiform Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2
6 Ductal and Lobular Carcinoma	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3
7 Ductal Carcinoma	21	0	2	58	1	31	2	0	22	2	3	0	14	0	1	4	0	228	0	389
8 Ductal Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4
9 Inflammatory Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	2
10 Intracystic Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
11 Intraductal Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	4
12 Lobular Carcinoma	4	0	0	6	0	5	0	0	4	0	0	0	3	0	0	0	0	13	0	35
13 Lobular Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2
14 Medullary Carcinoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
15 Metaplastic Carcinoma	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	3
16 Metaplastic Squamous Carcinoma	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2
17 Mucinous Carcinoma	2	0	0	2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
18 Papillary Carcinoma	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
19 Pleomorphic Liposarcoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
20 Stroma Tumor	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	7
21 Histology unknown	0	8	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	22
0 Normal	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	23
合計	30	8	2	68	2	39	3	6	29	3	5	1	19	8	1	6	3	258	23	514

「乳がん」サンプルの多様性 (3) : クラス

CLASS	1	1[C]	1[P]	2	2[P]	3[C]	3[P]	3[R]	unk	NT	合計
1 Adenocarcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2
2 Adenoid Cystic Carcinoma	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
3 Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
4 Colloid Adenocarcinoma	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
5 Cribriform Carcinoma	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2
6 Ductal and Lobular Carcinoma	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	3
7 Ductal Carcinoma	31	0	17	69	66	3	105	5	93	0	389
8 Ductal Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	1	0	1	2	0	0	4
9 Inflammatory Carcinoma	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
10 Intracystic Carcinoma	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
11 Intraductal Carcinoma	0	0	0	0	1	0	0	0	3	0	4
12 Lobular Carcinoma	0	1	4	0	20	0	1	0	9	0	35
13 Lobular Carcinoma, Metastatic	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2
14 Medullary Carcinoma	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
15 Metaplastic Carcinoma	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	3
16 Metaplastic Squamous Carcinoma	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
17 Mucinous Carcinoma	0	0	3	0	3	0	0	0	0	0	6
18 Papillary Carcinoma	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2
19 Pleomorphic Liposarcoma	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
20 Stroma Tumor	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	7
21 Histology unknown	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	22
0 Normal	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	23
合計	31	1	27	69	95	3	115	9	141	23	514

乳がんサンプルの多様性 (5)

他にも・・・

- 採取部位
- 発症からの時間
- リンパ節転移の有無
- 家族歴
- 年齢
- 性別

：

- "X"

- "Y"

- "Z"

：

人為的な要因

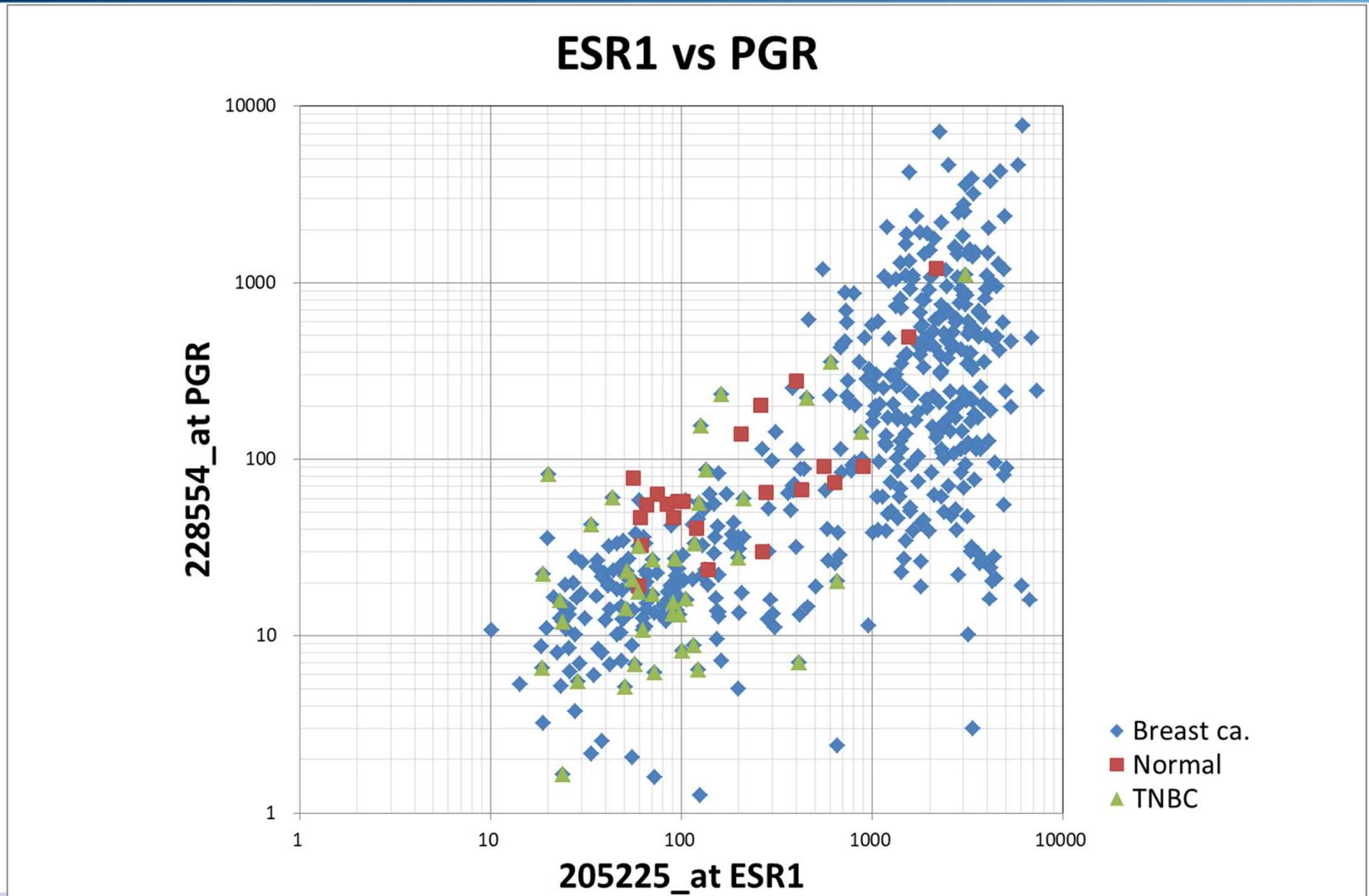
- 周辺組織の混入度合い
- 血球細胞の混入度合い
- 摘出から凍結までの時間
- RNAの品質
- RNAの抽出方法
- サイト・実験者の違い

：

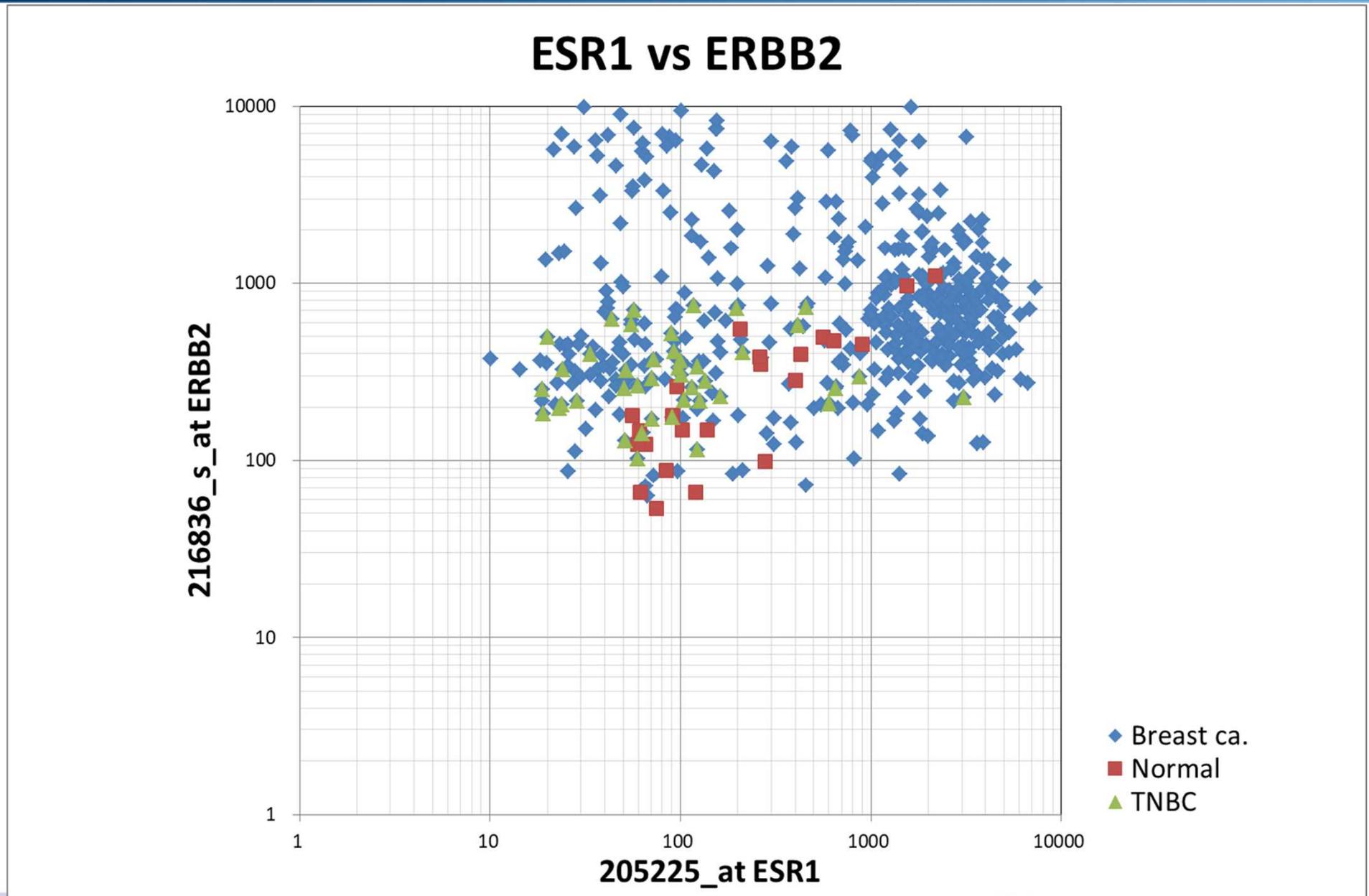
そもそも、臨床サンプルでは、
解析対象を「均質な集団」にすることは
きわめて困難。

→ 「不均一な集団」であることを
前提に、どのように扱うべきかを
考える。

ESR1とPGRの発現相関



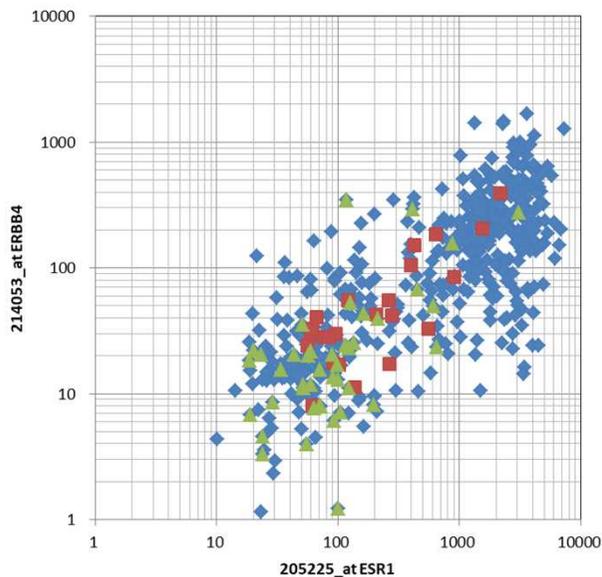
ESR1とHer2(ERBB2)の発現



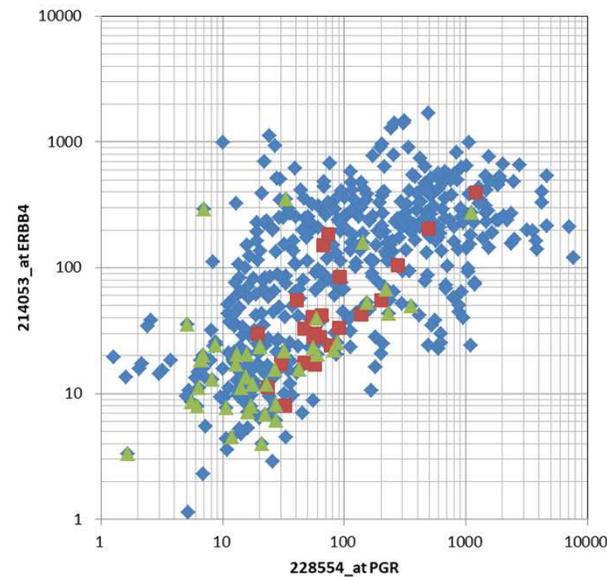
ERBB4の発現

ESR1やPGRとERBB4の発現が相関？

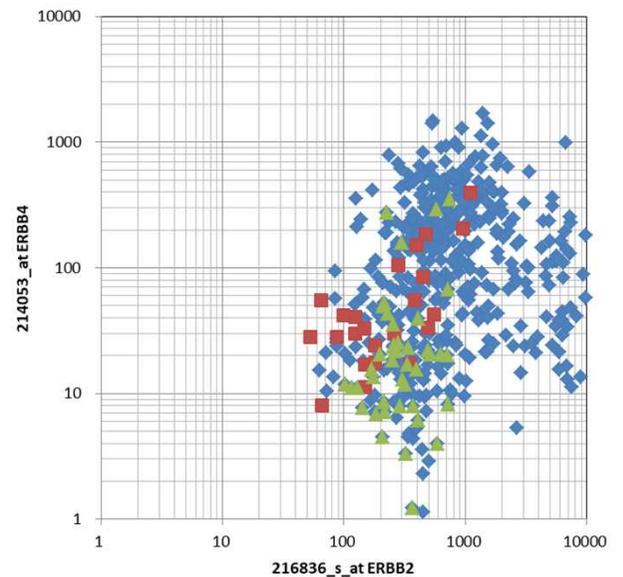
ESR1 vs ERBB4



PGR vs ERBB4



ERBB2 vs ERBB4



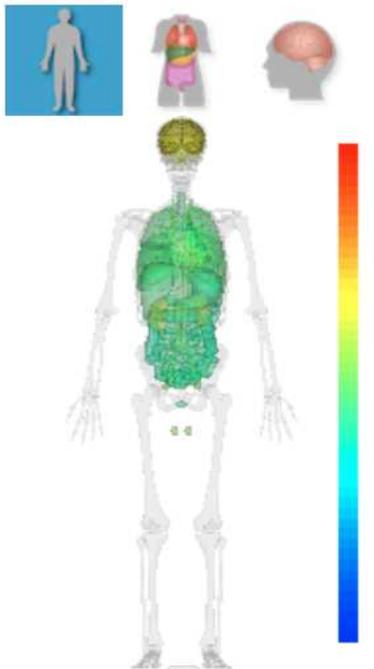
多様性があるからこそ見えること
データがたくさんあるからこそ見えること

ERBB4が発現している組織と機能

RefEx (<https://refex.dbcls.jp/>)

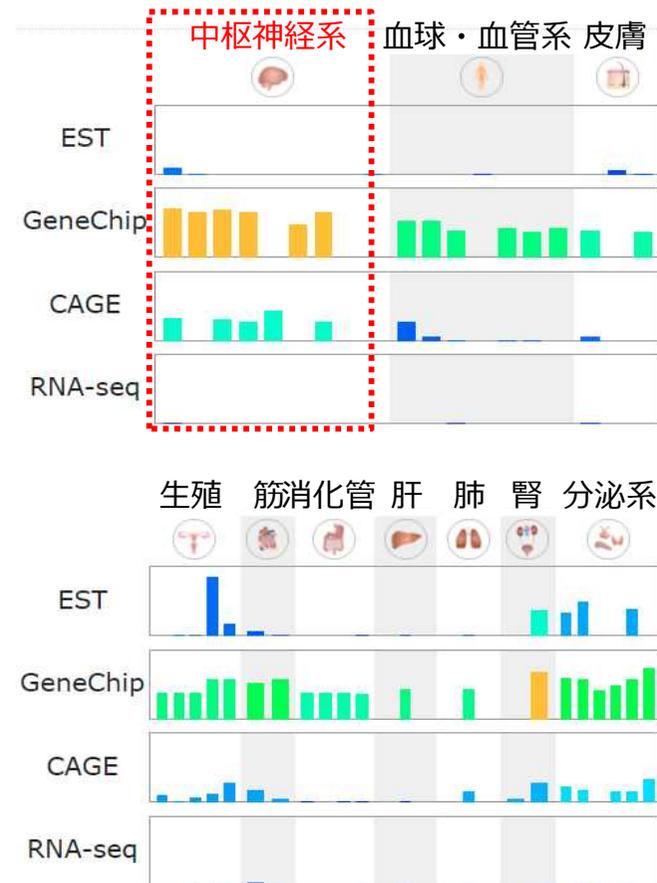
発現マップ on BodyParts3D 

相対発現量を、人体 3D 画像にマップしたものです。
Genechip 組織40分類 の発現パターンを使用しています。



- 皮膚・骨格筋を表示
- アニメーション表示

組織40分類別データ  [Download](#)



ERBB4

- Neuregulinや他の成長因子により活性化され、分化や細胞増殖を誘導
- 発生、中枢神経系、様々な組織・器官の分化・増殖に関与
- 複数の構造異性体が存在
- 統合失調症・双極性障害の発症に関与（リスク因子）
- **乳がんに関連する変異**

【統合TV】RefExの使い方はこちらへ

1) はじめてのRefEx(Reference Expression dataset) (3分2秒) [2021-01-23]

<https://togotv.dbcls.jp/20100618.html>

ヒトやマウス遺伝子の解剖学的な発現パターンデータの統合サイトで、4種類の発現データ (EST, GeneChip, iAFLP, CAGE) に対して、NCBIのRefSeqでデータを整理し、遺伝子発現データ解析のリファレンス (参照) データセットを収載しています。対象生物種はヒトとマウスのみですが、複数の手法による客観的な遺伝子発現データの比較が可能となっているのが特徴です。「検索」ボタンから「Descriptionから遺伝子ファミリー(Interpro ID)を検索」する機能を用いて、Wntスーパーファミリーを付与されたInterProのアノテーションの中から検索し、Wntファミリーに属する遺伝子群をその発現パターンと共に表示し可視化する方法を説明しています。次に、嚢胞性線維症の責任領域として知られている7q31.2領域のエントリを発現の高い順に表示する方法を紹介しています。さらに、その中のNM_000245 met proto-oncogeneに関して遺伝子の情報の詳細 (絶対発現量、相対発現量、3D人体マップ上での発現量のヒートマップ表示) をブラウズする方法を説明しています。

2) RefExの使い方 (7分57秒) [2014-2-22]

<https://togotv.dbcls.jp/20140222.html>

RefEx (Reference Expression dataset) は、4つの異なる実験手法 (EST、GeneChip、CAGE、RNA-seq) によって得られた40種類の正常組織における遺伝子発現データを統合し並列に表現することで、手法間の比較とともに各遺伝子の発現量を直感的に比較することが可能なリファレンス(参照)データセットです。論文を読んでいて見かけた馴染みのない遺伝子がどの組織・臓器で発現しているのか、どんな特徴があるのかを論文の記述ではなく、バイアスの少ない実際の測定データから研究者自身の目で簡単に確認することができます。また、RefExではさまざまな実験における比較対照などに用いられる『組織特異的遺伝子』を測定データから独自に算出し、組織ごとに一覧することができます。さらに、リスト機能を用いて任意で選んだ最大3つの遺伝子について発現データを含む全ての詳細データを並列に比較することができ、遺伝子発現解析などで見出された不詳な遺伝子群の関係性を知るためのツールとしても有用です。

バイオインフォマティクスにおける **生物学**

「統計学はとても重要」 です。
だから、よく勉強して理解してください。

しかし、

「統計学だけでは生物は理解できない」
ということも忘れないでください。

だから、

「生物学」

も勉強してください。

NCBI GEOから 遺伝子発現データを取ってくる

NCBI GEOでの検索

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)

生物種、疾患名、組織、細胞名などで探すことができます。

① 検索クエリ窓

Keyword or GEO Accession Search

② 検索結果

diabetes human kidney Search

There are 1772 results for "diabetes human kidney" in the GEO DataSets Database.
There are 40084 results for "diabetes human kidney" in the GEO Profiles Database.

③ クリック!

④ 検索結果リスト

Search results

Items: 1 to 20 of 1772

- 1. Dietary fatty acid composition effect on vastus lateralis muscle
- 2. Diabetic OVE26 glomerulosis
- 3. Pancreatic beta cells and panel of primary tissues
- 4. Resveratrol (resv99a) effect on obese men vastus lateralis muscle

【略号の意味】

GSE : Series (実験セット)

GPL : Platform (測定プラットフォーム)

GSM: Data (サンプルデータ)

GDS: Data Set (NCBIがまとめた解析単位)

ここから再検索も出来ます

NCBI Resources How To GEO DataSets diabetes human kidney Search

Entry type DataSets (9) Series (60) Samples (1,060) Platforms (18) Organism Customize ... Study type Expression profiling by array Methylation profiling by array Customize ... Author Customize ...

⑤ Seriesをクリック

⑥ 実験セット (GSE) のリスト

Top Organisms [Tree] Mus musculus (1474) Homo sapiens (292) Rattus norvegicus (6)

生物種での絞り込み

データの種類の絞り込み

strain (1,467) Customize ... Publication dates 30 days 1 year Custom range...

⑦ 選択した実験セット (GSE) をクリック (「右クリック」新しいタブで開く) がお勧め)

絞り込み検索

tribute name tissue (35) strain (9) Customize ... Publication dates 30 days 1 year Custom range... Clear all Show additional filters

A novel HbA1c-lowering traditional Chinese medicinal formula, identified by translational medicine study

(Submitter supplied) CYSKT affected the expressions of genes associated with insulin signaling pathway, increased the amount of phosphorylated insulin receptor in cells and tissues, and stimulated the translocation of glucose transporter 4 to the cell membrane. Moreover, CYSKT affected the expressions of genes related to diabetic complications, improved the levels of renal function indexes, and increased the survival rate of diabetic mice. Organism: Mus musculus Type: Expression profiling by array Platform: GPL6845 6 Samples Download data: GEO (GPR) Series Accession: GSE53119 ID: 200053119 PubMed Full text in PMC Similar studies Analyze with GEO2R

Find related databases: Select Search details ("diabetes me OR diabetes i Terms] OR diab

⑧ 実験セット (GSE) の情報

Submission date Dec 09, 2013 Last update date Dec 05, 2018 Contact name Chien-Yun Heiang E-mail cyheiang@mail.nyu.edu.tw Organization name China Medical University Street address 91 Hueih-Shih Road City Taichung ZIP/Postal code 40402 Country Taiwan Platforms (1) GPL6845 Illumina Mouse OneArray Samples (6) GSM1282668 Mod_1 #None... GSM1282669 Mod_2 GSM1282670 Mod_3

GSE7032 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE7032>)

Series GSE7032 Query DataSets for GSE7032

Status Public on May 31, 2007
Title Brown and white adipocyte differentiation
Organism [Mus musculus](#)
Experiment type Expression profiling by array
Summary Attainment of a brown adipocyte cell phenotype in white adipocytes, with their abundant mitochondria and increased energy expenditure potential, is a legitimate strategy for combating obesity. The unique transcriptional regulators of the primary brown adip phenotype are...

Overall design Comparisons of white and brown pre- and mature-adipocytes

Contributor(s) [Larsson O](#), [Timmons JA](#)
Citation(s) Timmons JA, Wennmalm K, Larsson O, Walden TB et al. Myogenic gene expression signature establishes that brown and white adipocytes originate from distinct cell lineages. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2007 Mar 13;104(11):4401-6. PMID: 17360536

Submission date Feb 14, 2007
Last update date Feb 18, 2018
Contact name Ola Larsson

Platforms (1) **GPL81** [MBS-U74Av2] Affymetrix Murine Genome U74A Version 2 Array

Samples (24) [More...](#)
GSM162532 Primary brown adipocytes 4 days in culture B_y_05
GSM162533 Primary brown adipocytes 4 days in culture B_y_06
GSM162534 Primary brown adipocytes 4 days in culture B_y_09

Relations
BioProject [PRJNA98391](#)

Analyze with GEO2R

Download family

Format
SOFT ?
MINiML ?
TXT ?

Supplementary file

Supplementary file	Size	Download	File type/resource
GSE7032_RAW.tar	64.3 Mb	(http)(custom)	TAR (of CEL)

Raw data provided as supplementary file

→ 原著論文へのリンク

① プラットフォーム (GPL81) のアノテーション
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GPL81>

BioProjectへのリンク
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA98391>

GEO2Rでの解析 (変動遺伝子抽出)

⇒ 統合TV (<https://togotv.dbcls.jp/20210213.html>) 参照

② マトリクス形式データ

③ 生データ (数値化から再解析する場合)

② GPL81の情報

#	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z
1	#ID = Affymetrix Probe Set ID																									
2	#GB_ACC = GenBank Accession Number																									
3	#SPOT_ID = identifies controls																									
4	#Species Scientific Name = The genus and species of the organism represented by the probe set.																									
5	#Annotation Date = The date that the annotations for this probe array were last updated. It will generally be earlier than the																									
6	#Sequence Type =																									
7	#Sequence Source = The database from which the sequence used to design this probe set was taken.																									
8	#Target Description =																									
9	#Representative Public ID = The accession number of a representative sequence. Note that for consensus-based probe sets																									
10	#Gene Title = Title of Gene represented by the probe set.																									
11	#Gene Symbol = A gene symbol, when one is available (from UniGene).																									
12	#ENTREZ_GENE_ID = Entrez Gene Database UID																									
13	#RefSeq Transcript ID = References to multiple sequences in RefSeq. The field contains the ID and Description for each ent																									
14	#Gene Ontology Biological Process = Gene Ontology Consortium Biological Process derived from LocusLink. Each annotat																									
15	#Gene Ontology Cellular Component = Gene Ontology Consortium Cellular Component derived from LocusLink. Each annota																									
16	#Gene Ontology Molecular Function = Gene Ontology Consortium Molecular Function derived from LocusLink. Each annota																									
17	ID	GB_ACC	SPOT_ID	Species	Seq	Annotation	Sequence	Sequence	Target	Des	Represent	Gene	Title	Gene	Sym	Ent										
18	100001_at	M18228		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	M18228		CD3 antigen	Cd3g													
19	100002_at	X70393		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X70393		inter-alpha	Itih3													
20	100003_at	D38216		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	D38216		ryanodine	Ryr1													
21	100004_at	AW120890		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW120890		integrator	Ints7													
22	100005_at	X92346		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X92346		TNF recep	Traf4													
23	100006_at	D21253		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	D21253		cadherin	Cdh11													
24	100007_at	A1837573		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1837573		interferon	Irf2bp1													
25	100009_r_a	X94127		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X94127		SRY (sex	Sox2													
26	100010_at	U36340		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U36340		Kruppel-lik	Klf3													
27	100011_at	A1851658		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1851658		Kruppel-lik	Klf3													
28	100012_at	U29539		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U29539		lysosomal	Laptm5													
29	100013_at	AW121732		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW121732		interferon	Irf35													
30	100014_at	A1845038		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1845038		tousled-lik	Ttk2													
31	100015_at	X67677		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X67677		Yamaeuch	Yes1													
32	100016_at	Z12604		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	Z12604		matrix	metMmp11													
33	100017_at	U68267		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U68267		myosin	birMybph													
34	100018_at	X71327		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X71327		metal	respMtf1													
35	100019_at	D45889		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	D45889		versican	Vcan													
36	100020_at	J04036		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	J04036		solute	carSlc4a2													
37	100021_at	M17640		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	M17640		cholinergic	Chna1													
38	100022_at	D89613		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	D89613		cytokine	irCish													
39	100023_at	X70472		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X70472		myeloblast	Mybl2													
40	100024_at	A1841895		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1841895		shroom	faiShroom3													
41	100026_at	U42443		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U42443		branched	cBoat1													
42	100027_s_e	A1881987		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1881987		peroxisom	Pex14													
43	100028_r_a	A1881987		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1881987		peroxisom	Pex14													
44	100029_at	AW208667		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW208667		peroxisom	Pex14													
45	100030_at	D44464		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	D44464		uridine	phcUpp1													
46	100032_at	X60136		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X60136		trans-acti	Sp1													
47	100033_at	X81143		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	X81143		mutS	homMsh2													
48	100034_at	U54705		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U54705		serine	(or Serpinb5													
49	100035_at	L31932		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	L31932		natriuret	Npr1													
50	100037_at	AW213225		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW213225		DEAD	(As Ddx18													
51	100039_at	AW125880		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW125880		canopy	2 fOnpy2													
52	100040_at	A1843081		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1843081		mitochond	Mrpl17													
53	100041_at	AW124133		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	AW124133		solute	carSlc25a39													
54	100042_at	A1837921		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1837921		hydroxyac	HagH													
55	100043_f_a	A1173973		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	A1173973		prosapoir	Psap11													
56	100044_at	U19582		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	U19582		claudin	11 Cldn11													
57	100046_at	J04627		Mus musci	6-Oct-14	Consensus	GenBank	Cluster	Inc	J04627		methylene	Mthfd2													

- ID
- GB_ACC
- SPOT_ID
- Species Scientific Name
- Annotation Date
- Sequence Type
- Sequence Source
- Target Description
- Representative Public ID
- Gene Title
- Gene Symbol
- ENTREZ_GENE_ID
- RefSeq Transcript ID
- Gene Ontology Biological Process
- Gene Ontology Cellular Component
- Gene Ontology Molecular Function
- (※ 付加情報はGPLにより異なる)

③ Supplementary file (Raw data)

生データ

- Affymetrix GeneChip™の.CELファイル
 - Agilent MicroarrayのFeature Extractionの.txtファイル、等
- 論文とは違う正規化法で再解析したり、同じプラットフォームで取られた別のGSEデータと組み合わせた解析が可能。
- Agilent MicroarrayやIllumina BeadArrayのデータはテキストファイルから数値が取れる。
- Affymetrix GeneChip™データの正規化には専用の数値化ソフトが必要。
- Transcriptome Analysis Console (TAC)Software
(GeneChip™ Expression Console Softwareを含む)
Thermo Fisherサイトから無償で入手可能 (要登録)
<https://www.thermofisher.com/jp/ja/home/life-science/microarray-analysis/microarray-analysis-instruments-software-services/microarray-analysis-software.html>
 - BioconductorのAffymetrixデータ処理用パッケージ、等
- Supplementary fileが公開されていないデータもある。

【URL】 <https://www.thermofisher.com/jp/ja/home/life-science/microarray-analysis/microarray-analysis-instruments-software-services/microarray-analysis-software/affymetrix-expression-console-software.html>

Expression Console Software is now part of
Transcriptome Analysis Console (TAC) Software.

TAC Software (version 4.0 and subsequent releases) now includes
**the normalization, probe summarization,
and data quality control functions**
of Expression Console Software.

Manuals

[Expression Console Software](#)

[Sample Attribute Editor](#)

White papers

[Microarray normalization using SST and GCCN](#)

Additional support

[Expression Console Software 1.4.1 release notes](#)

エクセルTIPS

エクセルの準備(設定変更)

【おすすめの設定変更】

ファイル> オプション> 詳細設定> 編集オプション

- ✓ 「セルを直接編集する」のチェックを外す
(クリックで参照先セル指定するため)
- ✓ 「パーセンテージを自動入力する」のチェックを外す
- ✓ 「オートコンプリートを使用する」のチェックを外す

ファイル> オプション> クイックアクセスバー

- ✓ 「参照元のトレース」、「参照元トレース矢印の削除」 を追加 
- ✓ 「参照先のトレース」、「参照先トレース矢印の削除」 を追加 

クイックアクセスバー

- ✓ (自動保存は解除しておく) 注：マニュアルで適時保存する！

【お好みで】

ファイル> オプション> 数式

- ✓ 計算方法の設定：自動 → 手動 (計算式を含む大きなテーブルを扱う場合)

エクセルTIPS

【操作】

1. 「**Ctrl+C**」 (コピー) と「**Ctrl+V**」 (ペースト)
2. 「**Ctrl+Z**」 (直前の操作の取り消し) と「**Ctrl+Y**」 (直前の操作の繰り返し)
3. 「**\$**」 (位置固定符号) と**F4キー** (A1→ **\$A\$1** → A**\$1** → **\$A1** → A1)
4. 連続セル間でのジャンプ移動と選択 (「**Ctrl+矢印**」、 「**Ctrl+Shift+矢印**」)
5. ワイルドカード (「*****」、 「**?**」)、エスケープ (「**\"**」)

【関数】

1. 参照関数 (**VLOOKUP**、HLOOKUP)
2. 論理関数 (IF、**AND**、OR、NOT)
3. 文字列関数 (TRIM、LEN、LEFT、RIGHT、SUBSTITUTE、**&**)
4. 数値関数 (ROUND、ROUNDDOWN、ROUNDUP)
5. 数学関数 (SUM、PRODUCT、QUOTIENT、MOD、ABS)
6. 統計関数 (**MAX**、**MIN**、**AVERAGE**、**MEDIAN**、STDEV、SMALL、LARGE、RANK、**PERCENTILE**、QUARTILE、**TTEST**、PEARSON、CORREL)
7. 数を数える関数 (COUNT、**COUNTA**、**COUNTIF**、COUNTIFS、SUMIF)
8. データベース関数 (DAVERAGE、DCOUNT、DCOUNTA、D**MAX**、D**MIN**、DPRODUCT、DSTDEV、DSTDEVP、DSUM、DVAR、D**VARP**、DGET)
9. その他 (IFERROR)

エクセル操作

デモデータ [2] : GSE7032 (脂肪細胞初代培養)

GSE7032(Fc-P).xlsx

変動倍率 (Fc) とt検定のP値 (P) で変動遺伝子を選抜

The image shows a screenshot of an Excel spreadsheet with several regions highlighted and labeled:

- 数値分布** (Numerical Distribution): A green box highlights a section of the spreadsheet containing numerical data.
- 詳細フィルターの条件** (Detailed Filter Conditions): A blue box highlights a section containing filter criteria.
- GPLシートから参照したプローブ情報** (Probe Information Referenced from GPL Sheet): A green box highlights a section containing probe information.
- series matrix のデータ部分** (Data Part of the Series Matrix): A red box highlights a large section of the spreadsheet containing the main data matrix.
- 各群平均値** (Average Value of Each Group): A blue box highlights a column of average values.
- 比較群間での平均値変動倍率 t検定のP値 選抜遺伝子** (Average Value Change Rate, t-test P-value, and Selected Genes between Comparison Groups): A blue box highlights a section containing calculated values and selected genes.
- 複合条件での選抜遺伝子** (Selected Genes under Composite Conditions): A blue box highlights a section containing genes selected based on composite conditions.

【注意】 GSE7032(Exp-Fc) (練習用) .xlsxには計算式を入れてあります (青色セル) 。
変動遺伝子選抜用のワーキングファイルでは、計算式を消さないと動作が重くなります。

【練習①】 遺伝子情報のLOOKUP

参照列
(数字を参照させる)

「\$」を上手に使いましょう！

	1	2	3	4	5	6
検索キー	11	10	14	15	16	
ID	#A	#B	#C	#D	#E	#F
#	Gene Symbol	Gene Title	Gene Ontology	Gene Ontology	Gene Ontology	Gene Ontology
1	100001 at	Cd3g				
2	100002 at					
3	100003 at					
4	100004 at					
5	100005 at					
6	100006 at					
7	100007 at					
8	100009 at					
9	100010 at					
10	100011 at					
11	100012 at					
12	100013 at					
13	100014 at					
14	100015 at					
15	100016 at					
16	100017 at					
17	100018 at					
18	100019 at					
19	100020 at					
20	100021 at					

後ろに「&""」を付けると
空白セルが「#N/A」にならない

=VLOOKUP(\$B43,'GPL81!\$A\$20:\$P\$12508,C\$40,FALSE)&""

検索キー
(列を固定)

参照先
(行と列を固定)

参照列
(行を固定)

- 1) C43セルに「=VLOOKUP(\$B43,'GPL81!\$A\$20:\$P\$12508,C\$40,FALSE)&""」と入力。
- 2) C43セルを選択し、右下の■をG43セルまで引っ張る。
- 3) C43~G43セルを選択し、右下の■をダブルクリックする。
- 4) C43~G12530セルを値に変換 (領域が選択されている状態で「Ctrl+C」→「値でペースト」)

【練習②】数値分布表の作成

数値分布情報											
Signal											
GSM	GSM162532	GSM162533	GSM162534	GSM162535	GSM162536	GSM162537	GSM162538	GSM162539	GSM162540	GSM162541	GSM162542
!Sample title	Primary brow	Primary brow	Primary brow	Primary white							
!Sample charac	Primary brow	Primary brow	Primary brow	Primary white							
!Sample treatm	Non different	Differentiated	Differentiated	Differentiated	Non different						
データ数	12,488										
最大値											
95%											
90%											
85%											
80%											
75%											
70%											
65%											
60%											
55%											
50%											
45%											
40%											
35%											
30%											
25%											
20%											
15%											
10%											
5%											
最小値											
平均値											
中央値											
series matrixのデータ											
Signal											
Cell type	brown										
Differentiation	Non different										
ID_REF	GSM162532										
100001_at											
100002_at											
100007_at											
100009_r_at											
100010_at											
100011_at	44.03	30.83	49.09	33.81	43.63	35.43	45.09	35.26	52.31	40.14	150.23
100012_at	24.05	14.80	20.59	16.17	18.06	15.68	22.25	19.65	14.69	16.18	16.12
100013_at	334.68	496.55	284.60	537.57	433.75	215.42	132.67	230.00	180.72	291.39	177.93
100014_at	32.79	24.51	19.12	27.50	8.95	40.53	51.27	37.22	44.57	26.31	31.57

参照先
(行を固定)

=COUNTA(I\$43:I\$12530)

- 1) I7セルに「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」と入力。
(「(」の後ろで「I43」をクリック、「Ctrl+Shift+↓」でI43~I12530セルを選択し、F4キーを1回押す)
- 2) I7セルを選択し、右下の■をダブルクリックする。
- 3) I8セル (最大値) : 「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」 → 「=MAX(I\$43:I\$12530)」
- 4) リボンメニュー (ホーム>数値) で、I8セルの桁数を小数点以下2桁表示にする。
- 5) I8セルを選択し、右下の■をダブルクリックする。
- 6) I9セル : 「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」 → 「=PERCENTILE(I\$43:I\$12530,\$H9)」
(「\$H9」の入力は「,」の後ろにカーソルを置いて、H9セルをクリックし、F4キーを3回押す)
- 7) I9セルを選択し、右下の■をつまんでI27セルまで引っ張る。
- 8) I28セル (最小値) : 「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」 → 「=MIN(I\$43:I\$12530)」
- 9) I29セル (平均値) : 「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」 → 「=AVERAGE(I\$43:I\$12530)」
- 10) I30セル (中央値) : 「=COUNTA(I\$43:I\$12530)」 → 「=MEDIAN(I\$43:I\$12530)」
- 11) I7~I30セルを選択し、右下の■をつまんでAF30まで引っ張る。
- 12) I7~AF30セルを値に変換 (領域が選択されている状態で、「Ctrl+C」 → 「値でペースト」)

参照先

【練習④】 詳細フィルターによる変動遺伝子の選抜

Brown > White
のフィルター

Brown < White
のフィルター

フィルター条件は
□の範囲を選択

閾値

詳細フィルター設定

PreBr vs. PreWh	
FC(Ave.log2)	TTest P-value
#G	#H
PreBr_Up	>=1 <0.05
#G	#H
PreBr_Down	<=-1 <0.05
#G	#H
PreBr	>=1 <0.05
PreWh	<=-1 <0.05

#G: 「=">="&AN\$32」
#H: 「="<="&AN\$33」

#G: 「=">="&AN\$32」
#H: 「="<="&AN\$33」

「">="& (参照)」
で条件を設定

<選択遺伝子参照用テンプレート>

	PreBr Up		PreBr Down		Not_selected	
	PreBr Ave	PreWh Ave	PreBr Ave	PreWh Ave	PreBr Ave	PreWh Ave
PreBr Up	0.00	0.00				
PreBr Down			0.00	0.00		
Not_selected					0.00	0.00

1)-a Non differentiated., brown vs. white

FC(Ave.log2)	1.000
TTest P-val	0.050
Up	0
Down	0
Selected	0
Total	12,488

詳細フィルタで条件を満たすプローブを選択後、
各群平均値を参照するためのコピー用テンプレート

選択された変動遺伝子

PreBr vs. PreWh		PreBr vs. PreWh FCave >=log1.0 & P<0.05						
FC(Ave.log2)		PreBr Up 0		PreBr Down 0		Not_selected 0		
ID_REF	#G	#H	PreBr Av	PreWh Av	PreBr Av	PreWh Av	PreBr Av	PreWh Av
100001_at	-0.226	0.634						
100002_at								
100003_at								
100004_at								
100005_at								

リスト範囲は「\$A\$42:\$BW\$12530」
(#G, #H列を含む範囲)

【練習⑤】 詳細フィルターによる複合条件による選抜

#I: 「=">="&BZ\$32」
 #J: 「="<="&BZ\$33」

3) 複合的な条件による変動遺伝子選抜

例) 「分化した
 変動条件: 1)-bの条件
 「GO Biological Proce
 「GO Cellular Compon

文字列は「="*(文字列)*」で指定
 (文字列を「*」で挟む)

#詳細フィルター設定

	DifBr vs. DifWh		Gene Symbd	Gene Title	Gene Ontold	Gene Onto	Gene Ontolo
	#I	#J	#B	#C	#D	#E	#F
DifBr_Up	>=1	<0.05			*regulation	*nucleus*	
DifBr_Down	<=-1	<0.05			*regulation	*nucleus*	

詳細フィルタで条件を満たすプローブを選択後、
 各群平均値を参照するためのコピー用テンプレート

行がAND条件、列がOR条件
 UpとDownの条件を別々に指定する
 フィルター条件は□の範囲を選択

<選択遺伝子参照用テンプレート>

FC(Ave.log2	TTest P-val	Gene Symbd	Gene Title	Gene Ontold	Gene Onto	Gene Ontolo
0.00	0.000	0	0	0	0	0

変動倍率とP値

1)-b Differentiated., brown vs. whi

FC(Ave.log2	1.000
TTest P-val	0.050
Up	0
Down	0
Selected	0
Total	12,488

1)-b Differentiated., brown vs. white

FC(Ave.log2	1.000
TTest P-val	0.050
Up	0
Down	0
Selected	0
Total	12,488

閾値

遺伝子情報

選択された変動遺伝子

ID_REF	#I	#J	Gene Syr	Gene Titl	Gene Ont	Gene Ont	Gene Ont
100001_at	-0.666	0.382					
100002_at	-0.668	0.317					
100003_at	-0.644	0.269					
100004_at	0.082	0.619					
100005_at	0.512	0.00					
100006_at	-0.154	0.512					
100007_at	0.422	0.022					
100009_r_at	2.062	0.005					
100010_at	0.390	0.111					

リスト範囲は「\$A\$42:\$BW\$12530」
 (#D, #E, #G, #H列を含む範囲)

ID_REF	#A	#B	#C	#D	#E	#F
100001_at	Cd3g	CD3 antigen, g	0007163 // est	0016020 // me	0004888 // tra	
100002_at	Itih3	inter-alpha try	0010466 // neg	0005576 // ext	0004867 // ser	
100003_at	Ryr1	ryanodine rece	0001666 // res	0005622 // int	0002020 // prc	
100004_at	Ints7	integrator com	0000077 // DN	0005634 // nu	0005488 // bin	
100005_at	Traf4	TNF receptor a	0006915 // ap	0005634 // nu	0004842 // ubi	
100006_at	Cdh11	cadherin 11	0007155 // cel	0005737 // cy	0005509 // cal	
100007_at	Irf2bp1	interferon regu	0000122 // neg	0005634 // nu	0003714 // tra	
100009_r_at	Sox2	SRY (sex dete	0000122 // neg	0005634 // nu	0000976 // tra	
100010_at	Klf3	Kruppel-like fa	0006351 // tra	0005634 // nu	0003676 // nu	

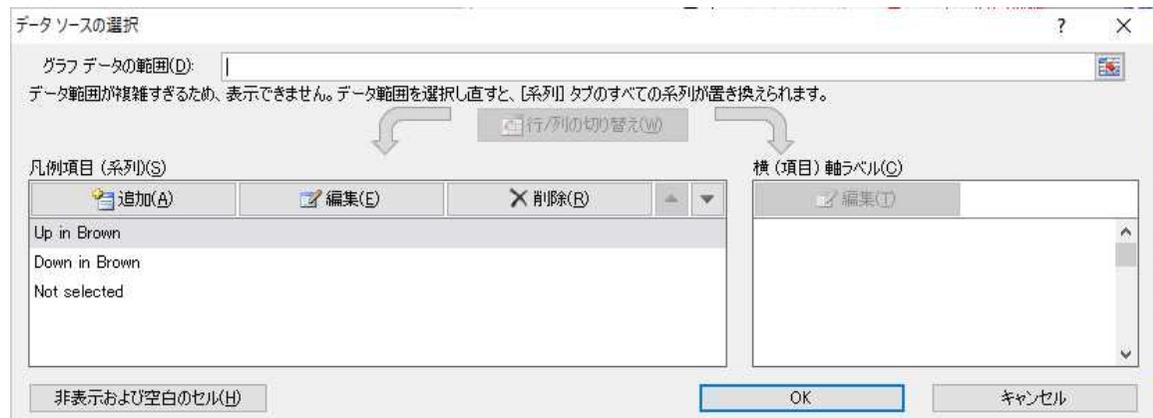
分散グラフの作成(GSE7032)

ID_REF	DifBr vs. DifWh		選択された変動遺伝子(分化、褐色vs白色)					
	#I	#J	DifBr vs. DifWh		DifBr vs. DifWh FCave >=log1.0 & P<0.05		Not selected	
			DifBr(ave)	DifWh(ave)	DifBr(ave)	DifWh(ave)	DifBr(ave)	DifWh(ave)
100001_at	-0.666	0.382			2.87	4.56		
100002_at	-0.668	0.317					15.12	24.03
100003_at	-0.644	0.269					11.56	18.07
100004_at	0.082	0.619					47.27	44.65
100005_at	0.512	0.001					319.25	223.90
100006_at	-0.154	0.512					25.62	28.51
100007_at	0.422	0.022					205.06	153.04
100009_r_at	2.062	0.005	15.38	3.68				
100010_at	0.390	0.111					50.64	38.65
100011_at	-1.210	0.002			41.65	96.37		
100012_at	-1.010	0.140					17.69	35.63
100013_at	0.344	0.160					210.04	165.49
100014_at	-0.203	0.317					39.98	46.01
100015_at	0.195	0.203					73.58	64.26
100016_at	-0.411	0.176					310.85	413.36
100017_at	0.929	0.002					62.97	33.06
100018_at	0.661	0.033					33.22	21.02
100019_at	1.208	0.071					70.23	30.40
100020_at	-0.518	0.005					280.22	401.25
100021_at	1.763	0.083					11.79	3.47
100022_at	0.099	0.589					94.15	87.88
100023_at	0.907	0.164					32.64	17.41
100024_at	-0.328	0.109					72.80	91.39
100026_at	0.011	0.940					236.24	234.44
100027_s_at	0.173	0.181					469.34	416.27
100028_r_at	1.361	0.001	102.31	39.83				
100029_at	0.545	0.004					712.61	488.32
100030_at	3.561	0.000	71.29	6.04				
100032_at	-1.687	0.000			20.88	67.21		
100033_at	0.805	0.001					82.96	47.48
100034_at	-0.215	0.257					1.45	1.68
100035_at	-0.001	0.000					6.88	6.99
100037_at	0.001	0.000					87.58	47.24
100039_at	-0.100	0.000					542.73	592.84
100040_at	-0.001	0.000					222.93	234.60
100041_at	0.001	0.000					1345.64	809.65
100042_at	0.001	0.000					239.46	178.24
100043_f_at	0.142	0.376					89.51	81.10
100044_at	-0.778	0.151						13.73
100046_at	0.612	0.002						85.89
100047_at	-1.137	0.287						5.31
100048_at	0.110	0.665						28.92
100049_at	-1.634	0.089						4.43
100050_at	0.833	0.000						14.36
100051_at	-0.114	0.465						39.43
100052_at	0.082	0.748					3.79	3.58
100054_s_at	0.418	0.121						

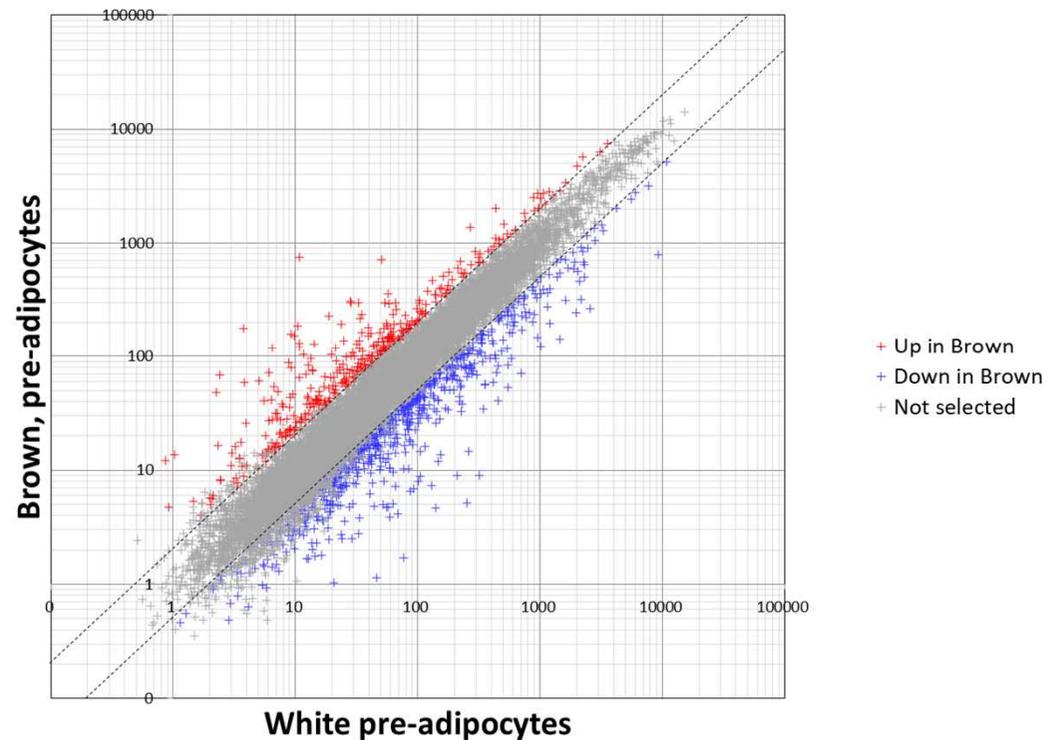
Up in Brown
のデータ範囲

Down in Brown
のデータ範囲

Not selected
のデータ範囲



Brown vs. White, adipocytes (FC and P)



個別グラフの作成(GSE7032)

検索キー

		100009_r_at		GSE7032(Fc-P).xlsx				
1	ID_REF	100009_r_at						
2	Gene Symbol	Sox2						
3	Gene Title	SRY (sex determining region Y)-box 2						
4	Gene Ontology Biological Process	000122 // negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter // inferred from genetic inte						
5	Gene Ontology Cellular Component	0005634 // nucleus // inferred by curator // 0005634 // nucleus // inferred from direct assay // 0005634						
6	Gene Ontology Molecular Function	0000976 // transcription regulatory region sequence-specific DNA binding // not recorded // 0000981 // ser						
7	Cell type	Differentiation	ID_REF	Expression	Brown (non-diff.)	Brown (diff.)	White (non-diff.)	White (diff.)
8	Brown adipocytes	Non-differentiated	GSM162532	10.01	10.01			
9			GSM162533	8.68	8.68			
10			GSM162534	14.64	14.64			
11		Differentiated	GSM162535	5.93	5.93			
12			GSM162536	15.01	15.01			
13			GSM162537	11.44	11.44			
14	White adipocytes	Non-differentiated	GSM162538	24.89		24.89		
15			GSM162539	6.71		6.71		
16			GSM162540	18.77		18.77		
17	White adipocytes	Differentiated	GSM162541	15.08	15.08			
18			GSM162542	3.33		3.33		
19			GSM162543	11.92		11.92		
20		Non-differentiated	GSM162544	9.62		9.62		
21			GSM162545	3.38		3.38		
22			GSM162546	6.8		6.8		
23	White adipocytes	Non-differentiated	GSM162547	10.42		10.42		
24			GSM162548	8.99		8.99		
25			GSM162549	8.34		8.34		
26	White adipocytes	Differentiated	GSM162550	1.12		1.12		
27			GSM162551	0.97		0.97		
28			GSM162552	6.03		6.03		
29	White adipocytes	Non-differentiated	GSM162553	7.56		7.56		
30			GSM162554	0.65		0.65		
31			GSM162555	5.77		5.77		

GSE7032(Fc-P).xlsx

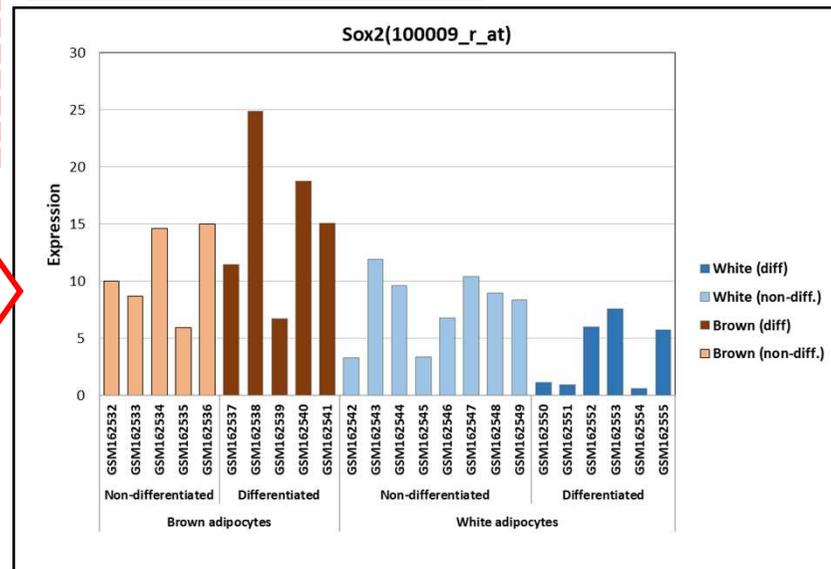
データシートから
VLOOKUPで参照

データ範囲

積み重ね棒グラフ

データシートから
VLOOKUPで参照

セル参照



データソースの選択

グラフデータの範囲(D): =forGraph!\$B\$57:\$D\$82,forGraph!\$F\$57:\$I\$82

行/列の切り替え(W)

凡例項目(系列(S))

- Brown (non-diff.)
- Brown (diff)
- White (non-diff.)
- White (diff)

横(項目)軸ラベル(L)

- Brown adipocytes Non-differentiated GSM162532
- Brown adipocytes Non-differentiated GSM162533
- Brown adipocytes Non-differentiated GSM162534
- Brown adipocytes Non-differentiated GSM162535
- Brown adipocytes Non-differentiated GSM162536

非表示および空白のセル(H)

OK キャンセル

デモデータ [1] : GSE21422 (乳管がん患者)

GSE21422(Exp-Fc).xlsx

シグナル値 (Exp) と変動倍率 (Fc) の閾値を超えたサンプル数で変動遺伝子を選抜

The image shows a screenshot of an Excel spreadsheet with several key areas highlighted by colored boxes and labels:

- 数值分布 (Numerical Distribution):** A large green box highlights a section of the data matrix.
- 分布 (Distribution):** A smaller green box highlights a specific part of the data matrix.
- フィルター条件 (Filter Conditions):** A blue box highlights a section of the spreadsheet containing filter criteria.
- GPLシートから参照したプローブ情報 (Probe Information Referenced from GPL Sheet):** A green box highlights a column of probe information.
- series matrix のデータ部分 (Data Part of Series Matrix):** A red box highlights the main data matrix.
- 各群 median値 (Median Value of Each Group):** A blue box highlights a column of median values.
- Healthy群median値に対する変動 (log2) (Variation (log2) Relative to Healthy Group Median Value):** A blue box highlights a column of log2 variation values.
- 選抜結果 (Selection Results):** A blue box highlights a column of selection results.

【注意】 GSE21422(Exp-Fc) (練習用) .xlsxには計算式を入れています (青色セル)。変動遺伝子選抜用のワーキングファイルでは、計算式を消さないで動作が重くなります。

変動倍率とP値の閾値を超えたサンプル数による選抜

シグナルと変動倍率の閾値

=COUNTIFS(
\$O51:\$W51,">="&BD\$20,
\$AM51:\$AU51,">="&BD\$21)

シグナル条件

変動倍率条件

「>="&(参照)」で条件を設定

各サンプルの
シグナル値

シグナル

healthyメジアン値に
対するサンプルごとの
変動倍率 (log2)

変動倍率
(log2)

各群のメジアン値

GSM53561	GSM53560	GSM53560
healthy breast	1, biolog	DCIS 2, biolog
healthy breast	tumor	tumor
healthy breast	DCIS	DCIS
GSM53561	GSM53560	GSM53560
531.6	1230.6	1871.3
103.0	157.6	123.1
45.1	130.9	42.4
54.9	45.3	60.4
4.9	4.9	4.8
159.1	128.4	97.1
12.3	10.5	10.2
7.3	6.4	6.3
328.4	590.8	285.8
6.9	7.1	6.8

disease state	healthy	DCIS	IDC
probeset	Median	Median	Median
1007_s_at	531.6	1,871.3	2,659.0
1053_at	107.1	187.3	269.1
117_at	45.1	42.4	40.9
121_at	61.5	57.8	57.2
1255_g_at	4.9	4.8	4.8
1294_at	119.6	94.4	94.2
1316_at	12.0	10.5	10.3
1320_at	6.5	6.4	6.4
1405_i_at	292.0	590.8	856.5
1431_at	6.9	6.8	6.9

GSM535617	GSM535604	GSM535605
healthy breast	1, biolog	DCIS 2, biolog
healthy breast	tumor	tumor
healthy breast	DCIS	DCIS
GSM535617	GSM535604	GSM535605
0.000	1.211	1.610
-0.056	0.558	0.201
0.000	1.536	-0.091
-0.164	-0.443	-0.026
0.012	0.014	-0.017
0.413	0.103	-0.300
0.035	-0.187	-0.228
0.178	-0.004	-0.026
0.169	1.017	-0.031
0.000	0.031	-0.015

閾値とサンプル数分布						
	healthy	healthy	DCIS	IDC	IDC	
	healthy	healthy	DCIS Up	DCIS Down	IDC Up(2)	IDC Down(2)
Signal	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
log2(FC)	1.585	-1.585	1.585	-1.585	1.585	-1.585
9			90	462		
8			254	667		
7			444	887		
6			656	1,107		
5	0	0	887	1,305	338	1,038
4	0	0	1,242	1,560	707	1,487
3	0	0	1,784	1,875	1,261	1,977
2	100	268	2,710	2,292	2,424	2,647
1	1,034	1,365	5,272	3,338	5,404	3,977
0	54,675	54,675	54,675	54,675	54,675	54,675

選抜用フィルタ条件						
	healthy	healthy	DCIS Up	DCIS Down	IDC Up(2)	IDC Down(2)
6			>=6	>=6		
4					>=4	>=4

条件を満たした
サンプルの数

条件を満たすサンプル数						
disease state	healthy	healthy	DCIS	IDC	IDC	
probeset	healthy	healthy	DCIS Up	DCIS Down	IDC Up(2)	IDC Down(2)
1007_s_at	0	2	6	0	0	0
1053_at	0	0	0	0	2	0
117_at	0	0	0	0	0	0
121_at	0	0	0	0	0	0
1255_g_at	0	0	0	0	0	0
1294_at	0	0	0	0	0	0
1316_at	0	0	0	0	0	0
1320_at	0	0	0	0	0	0
1405_i_at	1	0	2	0	2	0
1431_at	0	0	0	0	0	0

必要なものは・・・

「統計学」

と

「生物学」

と

ほんの少しの

「情報処理スキル」

エクセルでもOK！

もし興味をもてたら、R、Python、Perlなどが出来ると便利ですが・・・

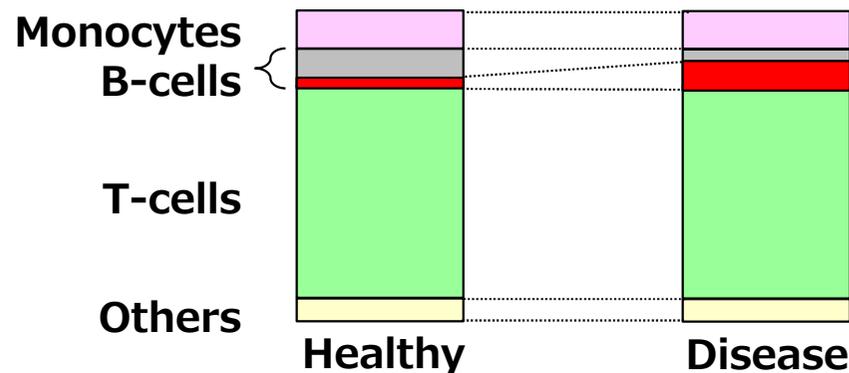
一番大切なものは・・・

「知りたい」という気持ち
好奇心

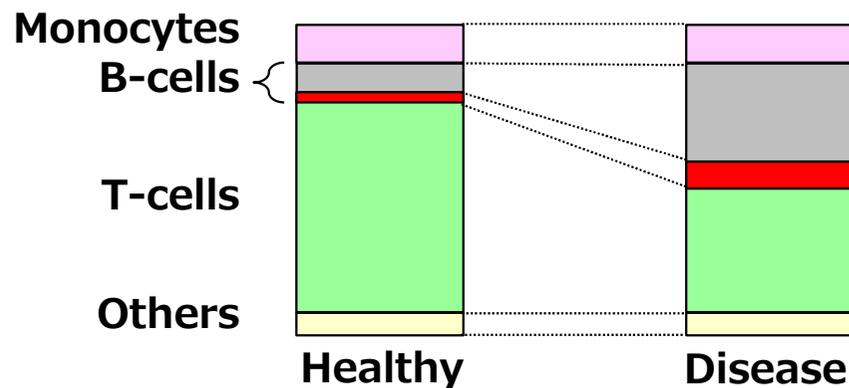
【参考】

組織・混合サンプルのデータを見る際の注意点

1) サブポピュレーション内での発現量が変化する場合

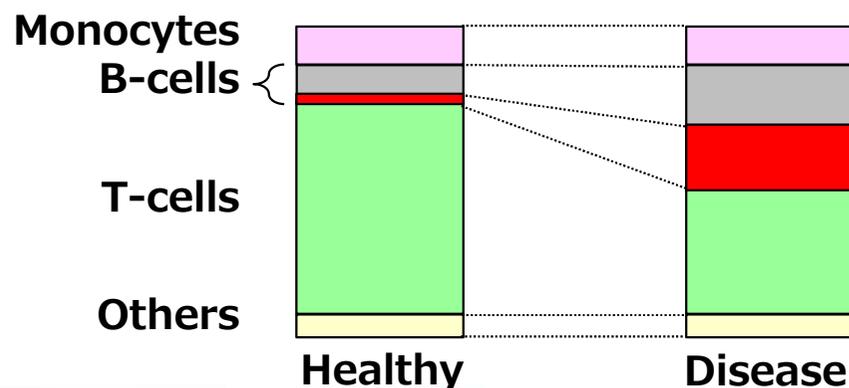


2) サンプル内のポピュレーションが変化する場合



3) 1)と2)の組み合わせ

遺伝子発現データだけから判断することはむずかしい・・・



【参考】

NCBI DataSet Browserの使い方

DataSet Browser (GDSビューワ)

データセット検索結果

Search results for 'diabetes human kidney'. The second result, 'Diabetic OVE26 glomerulus', is highlighted with a red box. A blue arrow points from this box to the right-hand screenshot.

Data Set Browser画面

NCBI CURATED DATASET BROWSER Gene Expression Omnibus

Search for: Search Clear Show All Advanced Search

DataSet Record GDS3992: Expression Profiles Data Analysis Tools Sample Subsets

Title: Diabetic OVE26 glomerulus

Summary: Analysis of glomeruli isolated from kidneys of 8 week old, diabetic OVE26 males. The OVE26 type 1 mouse is a model of progressive glomerulosclerosis and decline of renal function. Results provide insight into the pathogenic mechanisms linked to diabetic nephropathy in the OVE26 model.

Organism: *Mus musculus*

Platform: GPL1261: [Mouse430_2] Affymetrix Mouse Genome 430 2.0 Array

Citation: Reiniger N, Lau K, McCalla D, Eby B et al. Deletion of the receptor for advanced glycation end products reduces glomerulosclerosis and preserves renal function in the diabetic OVE26 mouse. *Diabetes* 2010 Aug;59(8):2043-54. PMID: 20627935

Reference Series: GSE20844 **Sample count:** 7

Value type: transformed count **Series published:** 2011/02/22

Data Analysis Tools

- Find genes ?
- Compare 2 sets of samples
- Cluster heatmaps
- Experiment design and value distribution

Data Set Browserで出来る解析

- ① 特定の遺伝子のプロファイル表示
- ② 2群間の変動遺伝子抽出
- ③ クラスタヒートマップ表示
- ④ 実験デザインと数値分布表示

Data Set BrowserではNCBIでGDS化したデータセットのみ解析可能。GEOにはGDS化されていないデータも多いが、NCBIのGDSプロジェクトが終了しているため、今後、これ以上に増えることはない。

1) 特定の遺伝子の発現を調べる

NCBI DATASET BROWSER GEO Gene Expression Omnibus

Search for Search Clear Show All [Advanced Search](#)

DataSet Record GDS3992: Expression Profiles | Data Analysis Tools | Sample Subsets

Title: Diabetic OVE26 glomerulus

Summary: Analysis of glomeruli isolated from kidneys of 8 week old, diabetic OVE26 males. The OVE26 type 1 mouse is a model of progressive glomerulosclerosis and decline of renal function. Results provide insight into the pathogenic mechanisms linked to diabetic nephropathy in the OVE26 model.

Organism: *Mus musculus*

Platform: GPL1261: [Mouse430_2] Affymetrix Mouse Genome 430 2.0 Array

Citation: Reiniger N, Lau K, McCalla D, Eby B et al. Deletion of the receptor for advanced glycation end products reduces glomerulosclerosis and preserves renal function in the diabetic OVE26 mouse. *Diabetes* 2010 Aug;59(8):2043-54. PMID: 20627935

Cluster Analysis

Download

- DataSet full SOFT file
- DataSet SOFT file
- Series family SOFT file
- Series family MINIML file

① 遺伝子名・プローブ名等を入力し[Go]

Find genes

Compare 2 sets of samples

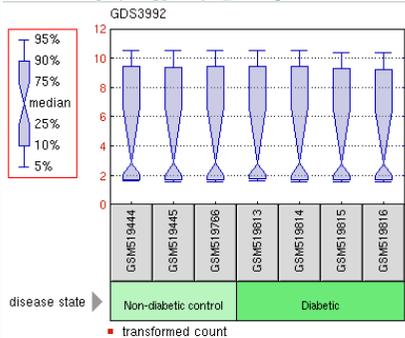
Cluster heatmaps

Experiment design and value distribution

Find gene name or symbol:

Find genes that are up/down for this condition(s): disease state

数値分布



! サンプル情報表示

Sample GSM519766 Query Datasets for GSM519766

Status: Public on Feb 22, 2011

Title: FVB_8W_3_3

Sample type: RNA

Source name: Glomeruli from nondiabetic male FVB mouse sacrificed at 8 weeks

Organism: *Mus musculus*

Characteristics: sample type: fib control; strain: fvb/nj; gender: Male; age: 8 weeks; tissue: glomerulus; disease state: Nondiabetic

Biomedical provider: Jackson labs

Treatment protocol: Mice were fed Purina mouse diet 5053.

Growth protocol: Mice were maintained at all times on a 12-hour light-dark cycle in a pathogen-free environment with free access to rodent chow and water.

Label: eson

Label protocol: The RNA was amplified, biotin labeled and fragmented using the Gene Chip 23K Express kit (Affymetrix). Yield of fragmented samples was tested by Nanodrop and RNA size was assessed by Bioanalyzer using the Agilent RNA 6000 Pico kit.

Hybridization protocol: 10 µg of RNA dissolved in 300 µl of buffer was hybridized to Mouse Genome 430_2.0 GeneChips (Affymetrix). All samples were prepared with the two-cycle protocol recommended by the manufacturer.

Scan protocol: Arrays were scanned on an Affymetrix Scanner 3000-7G scanner with GCOS software. Scanning was performed according to the protocol described in the Affymetrix GeneChip® Expression Analysis Technical Manual, November 2004 Edition.

Description: Glomeruli of FVB Non-diabetic mouse

Data processing: Data was normalized using the GC-RMA algorithm.

Submission date: Mar 09, 2010

Last update date: Feb 22, 2011

Contact name: Ann Marie Schmidt

Organization name: Columbia University

Department: Department of Surgery

Lab: Schmidt lab-P & S 17-501

Street address: 630 W. 164th St.

City: New York

State/province: NY

ZIP/Postal code: 10032

Country: USA

Summary

Cxcl10 - Diabetic OVE26 glomerulus

Annotation: Cxcl10, chemokine (C-X-C motif) ligand 10

Organism: *Mus musculus*

Reporter: GPL1261, 1418930_at (ID_REF), GDS3992, 15945 (Gene ID), NM_021274

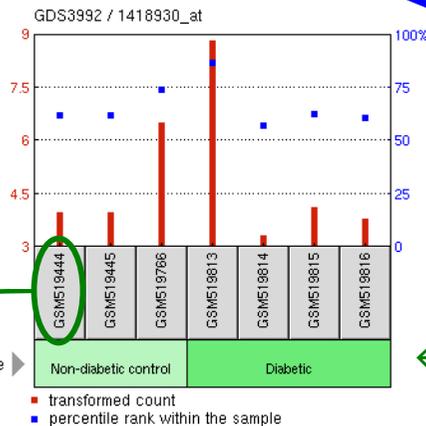
DataSet type: Expression profiling by array, transformed count, 7 samples

ID: 75305661

[GEO DataSets](#) [Gene](#) [UniGene](#) [Profile neighbors](#) [Chromosome neighbors](#) [Homologene neighbors](#)

Profile GDS3992 / 1418930_at
Title Diabetic OVE26 glomerulus
Organism *Mus musculus*

② グラフをクリック



点はランク (順位)
バーは発現値
赤はP (Present)
ピンクはA (Absent)
←GDSの設定群

Graph caption help

Sample	Title	Value	Rank
GSM519444	FVB_8W_1_1	4.01075	62
GSM519445	FVB_8W_2_2	4.01075	62
GSM519766	FVB_8W_3_3	6.52588	74
GSM519813	OVE26_8W_1_4	8.85532	87
GSM519814	OVE26_8W_2_5	3.35297	57
GSM519815	OVE26_8W_3_6	4.13266	63
GSM519816	OVE26_8W_4_7	3.80811	61

2) 2群間の発現を比較する

NCBI DATASET BROWSER GEO Gene Expression Omnibus

Search for Search Clear Show All Advanced Search

DataSet Record GDS3992: Expression Profiles Data Analysis Tools Sample Subsets

Title: Diabetic OVE26 glomerulus

Summary: Analysis of glomeruli isolated from kidneys of 8 week old, diabetic OVE26 males. The OVE26 type 1 mouse is a model of progressive glomerulosclerosis and decline of renal function. Results provide insight into the pathogenic mechanisms linked to diabetic nephropathy in the OVE26 model.

Organism: *Mus musculus*

Platform: GPL1261: [Mouse430_2] Affymetrix Mouse Genome 430 2.0 Array

Citation: Reiniger N, Lau K, McCalla D, Eby B et al. Deletion of the receptor for advanced glycation end products reduces glomerulosclerosis and preserves renal function in the diabetic OVE26 mouse. *Diabetes* 2010 Aug;59(8):2043-54. PMID: 20627935

Reference Series: GSE20844 **Sample count:** 7

Value type: transformed count **Series published:** 2011/02/22

Data Analysis Tools

Find genes

Compare 2 sets of samples

Cluster heatmaps

Experiment design and value distribution

Step 1: Select test and significance level
Two-tailed t-test (A vs B) Significance level: 0.100

Step 2: Select which Samples to put in Group A and Group B
Group A: GSM519444, GSM519445, GSM519766
Group B: GSM519813, GSM519814, GSM519815, GSM519816

Step 3: Query Group A vs. B

NLM NIH GEO Help Disclaimer Accessibility

Click on accessions to select samples individually, click on colored blocks and then on blinking arrows to select groups of samples.

Samples, Group A	Factors disease state	Samples, Group B
GSM519444	Non-diabetic control	GSM519444
GSM519445		GSM519445
GSM519766		GSM519766
GSM519813	Diabetic	GSM519813
GSM519814		GSM519814
GSM519815		GSM519815

- ① Step 1で変動抽出方法と閾値を選択
- ② Step 2でサンプル群を設定
- ③ Step 3をクリック
- ④ 結果リストから表示する遺伝子のグラフをクリック

Summary 20 per page Sort by Default order Send to: Filters: Manage Filters

Selected items

Items: 1 to 20 of 5883

Mrpl27 - Diabetic OVE26 glomerulus

1. Annotation: Mrpl27, mitochondrial ribosomal protein L27
Organism: *Mus musculus*
Reporter: GPL1261, 1415690_at (ID_REF), GDS3992, 94064 (Gene ID), NM_053161
DataSet type: Expression profiling by array, transformed count, 7 samples
ID: 75302421
GEO DataSets Gene UniGene Profile neighbors Chromosome neighbors Homologene neighbors

Profile GDS3992 / 1415690_at

Title Diabetic OVE26 glomerulus
Organism *Mus musculus*

(multiple)

Graph caption help

Sample	Title	Value	Rank
GSM519444	FVB_8W_1_1	10.3718	95
GSM519445	FVB_8W_2_2	10.3742	95

Recent activity

Diabetic OVE26 glomerulus

Independent component analysis: mining microarra

【統合TV】DataSet Browserの使い方はこちらへ

1) NCBI GEO データセットブラウザをさらに使い倒す (6分26秒) [2009-03-7]

<https://togotv.dbcls.jp/20090307.html>

データセットブラウザからダウンロードできるファイルの説明や、発現に有意な変化のある遺伝子を探すツール、各サンプルの発現量の分布を見るツールなどの説明をしています。

2) NCBI GEO データセットブラウザの使い方1～2012 (7分59秒) [2012-1-28]

<https://togotv.dbcls.jp/20120128.html>

データセットブラウザを利用して、一つの実験データセットにおける様々な遺伝子発現を詳細に調べる方法を紹介しています。データセットの検索、データセット内の遺伝子の検索、及びヒートマップツールの使い方などについて説明しています。

3) NCBI GEO データセットブラウザの使い方2～2012 (6分26秒) [2009-03-7]

<https://togotv.dbcls.jp/20120227.html>

データセットブラウザからダウンロードできるファイルの説明や、発現に有意な変化のある遺伝子を探すツール、各サンプルの発現量の分布を見るツールなどの説明をしています。

4) NCBI GEOのデータセットブラウザを使って公共データの遺伝子発現解析を行う～2019 (6分26秒) [2019-4-3]

<https://togotv.dbcls.jp/20190403.html>

データセットの検索からデータセット内の遺伝子の検索、生データや処理済みデータなどNCBI GEOからダウンロード可能なファイルの説明、遺伝子発現パターンに有意な変化がある遺伝子を探す機能、クラスタリングとヒートマップ作成機能、各サンプルの発現量の分布を見るツールなどの説明をしています。

【参考】

NCBI GEO2Rの使い方

TOGO TV

【統合TV】

<https://togotv.dbcls.jp/20210213.html>

(手順1) GEO2Rを起動する

GSE17913

喫煙による口腔内粘膜での
遺伝子発現変動を調べた
マイクロアレイデータ

NCBI > GEO > Accession Display [?] Not logged in | Login [?]

Scope: Self Format: HTML Amount: Quick GEO accession: GSE17913 GO

Series GSE17913 Query DataSets for GSE17913

Status Public on Feb 15, 2010
Title Effects of Cigarette Smoke on the Human Oral Mucosal Transcriptome
Organism [Homo sapiens](#)
Experiment type Expression profiling by array
Summary 40 current smokers and 40 age- and gender- matched never smokers underwent buccal biopsies. The study had four objectives: (a) to define the effects of smoking on the transcriptome of oral epithelial cells; (b) to determine if any of the effects of tobacco smoke on the transcriptome are gender-dependent; (c) to compare the effects of tobacco smoke exposure on the transcriptome in oral v. bronchial epithelium and (d) to identify agents with the potential to suppress the effects of tobacco smoke on the transcriptome.
We used microarrays to provide new insights into the carcinogenic effects of tobacco smoke and offer insights that may prove useful in developing preventive strategies.

Overall design 40 never smokers for 400

① [Analyze with GEO2R]
をクリック

PRJNA120057

Analyze with GEO2R

Download family	Format
SOFT formatted family file(s)	SOFT [?]
MINiML formatted family file(s)	MINiML [?]
Series Matrix File(s)	TXT [?]

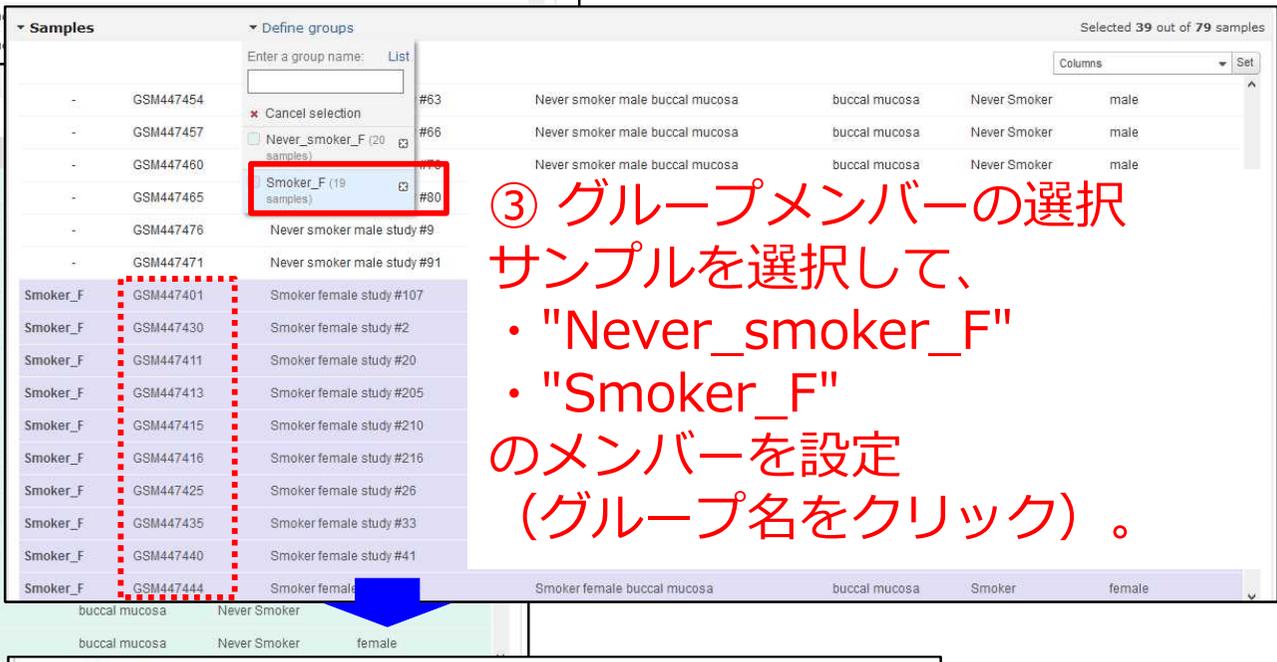
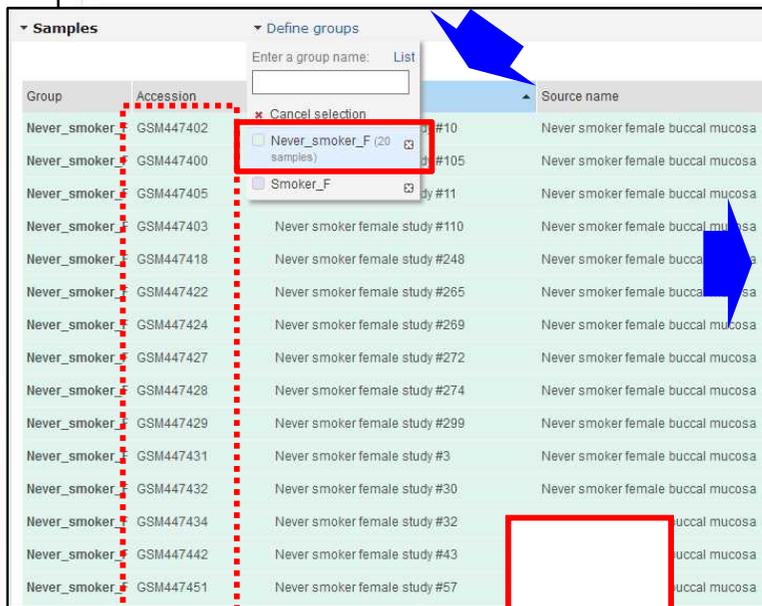
Supplementary file	Size	Download	File type/resource
GSE17913_RAW.tar	373.1 Mb	(http)(custom)	TAR (of CEL)

(手順2) グループ設定とメンバーの選択



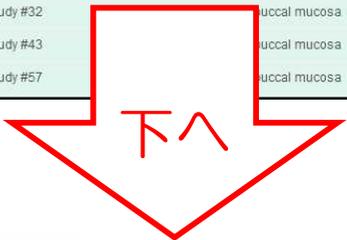
② グループの設定

- [Define groups] をクリックし、
- "Never_smoker_F"と入力して [リターン]
 - "Smoker_F"と入力して [リターン]



③ グループメンバーの選択

- サンプルを選択して、
- "Never_smoker_F"
 - "Smoker_F"
- のメンバーを設定 (グループ名をクリック)。



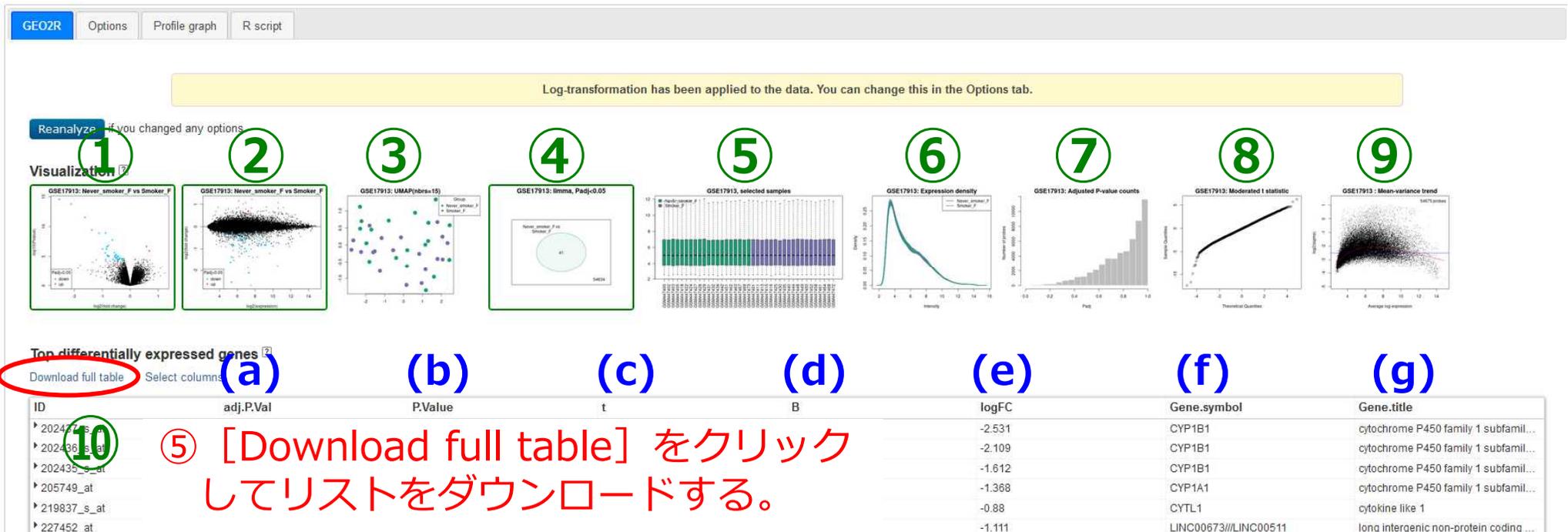
How to use

Analyze

④ [Analyze] をクリック

Run the differential expression analysis. Distribution plots can be viewed without specifying Sample groups.

解析結果



- ① Volcano plot (FC vs. Pvalue)
- ② Mean-difference plot (Expression vs. FC)
- ③ UMAP plot
- ④ Venn diagram
- ⑤ Box plot (シグナル値分布)
- ⑥ Expression density plot (Intensity vs. Density)
- ⑦ P-value histogram
- ⑧ t-static quantile-quantile plot
- ⑨ Mean-variance trend plot
- ⑩ 発現有意差があった遺伝子のリスト
(t-検定でP値が小さい順に250件のリスト)

- ⑩のリストのカラムヘッダー
- (a) adj. P val (多重検定の補正後のP値)
- (b) P value (元のP値)
- (c) t (普通のtの標準偏差を全遺伝子の標準偏差で調整したmoderated-t)
- (d) B (グループ間で有意に変動しているかのオッズ比の対数値)
- (e) logFC (2を底とする発現変動対数値)
- (f) Gene symbol
- (g) Gene title

【統合TV】GEO2Rの使い方はこちらへ

1) NCBI GEOの使い方5～GEO2Rを使う～

(9分33秒) [2012-05-24]

<https://togotv.dbcls.jp/20120524.html>

NCBI GEO (Gene Expression Omnibus)はNCBIが提供・維持管理している遺伝子発現情報のデータベースです。GEOに登録されているマイクロアレイ実験のデータを、フリーのデータ解析環境 R をベースに解析できるツール GEO2Rの使い方を紹介します。GEOに登録されているデータから、それぞれのサンプルを発現量の差を調べたいグループに分け、検定の結果発現量に差が大きいとされた上位の遺伝子を表示するまでの流れを例にあげています。

2) GEO2Rを使ってマイクロアレイデータを解析する～ 2018

(7分24秒) [2018-04-05]

<https://togotv.dbcls.jp/20180405.html>

GEOに登録されているデータから、それぞれのサンプルを発現量の差を調べたいグループに分け、検定の結果発現量に差が大きいとされた上位の遺伝子を表示するまでの流れを例にあげています。

3) GEO2Rを使って公開されているマイクロアレイデータを解析する

(10分59秒) [2021-02-13]

<https://togotv.dbcls.jp/20210213.html>

GEO2Rを使って、2つ以上のグループの実験データを比較し、実験条件によって発現が異なる遺伝子を特定することができます。今回は、喫煙による口腔粘膜の遺伝子発現変化を調べた実験 (Effects of Cigarette Smoke on the Human Oral Mucosal Transcriptome: GSE17913)を例に、それぞれのサンプルを発現量の差を調べたいグループに分け、検定の結果発現量に差が大きいとされた上位の遺伝子を表示したり、各統計量について解釈する方法について紹介します。

NCBIサイトで出来ること出来ないこと

<出来る事>

- 単一データセットでの変動遺伝子抽出 (**GEO2R**)。
- 単一データセット内でのプロファイル表示 (**GEO2R**)。
- 単一のGDS化されたデータセットのクラスタリング解析 (**DataSet Browser**)。

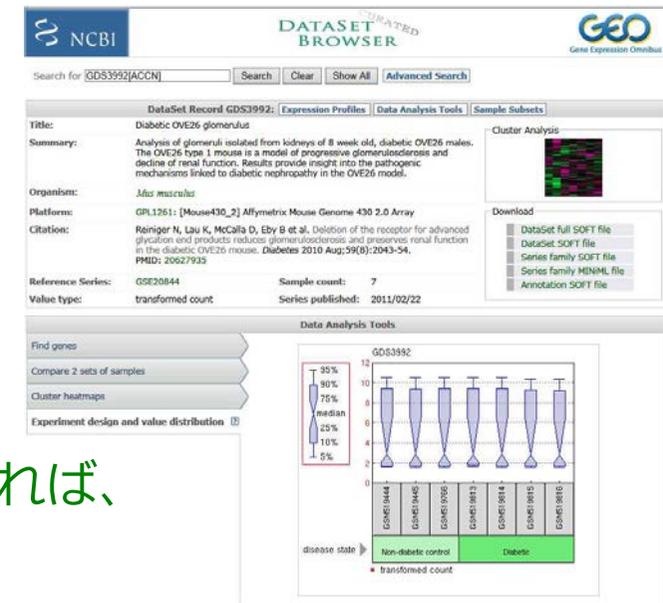
= **GEO2R** =



<出来ない事>

- GDS化されていないデータのクラスタリング解析。
- 複数のシリーズデータを組み合わせた解析。
- 機能解析、パスウェイ解析、ネットワーク解析、上流制御因子予測、判別分析等、より複雑で多様な解析。

= **DataSet Browser** =



✓ NCBI GEOにはGDS化されていない実験セット(GSE)がたくさん登録されている。

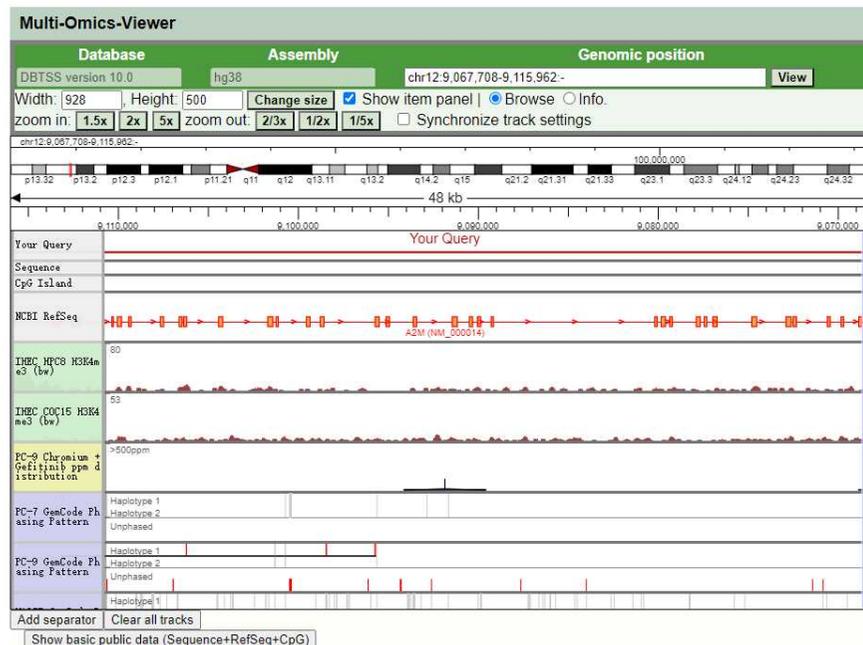
✓ 同じプラットフォームのデータでもRaw Dataが入手出来れば、異なる実験セットを組み合わせた解析も可能 (組合せ解析をする上での注意点は諸々ありますが…)

【参考】

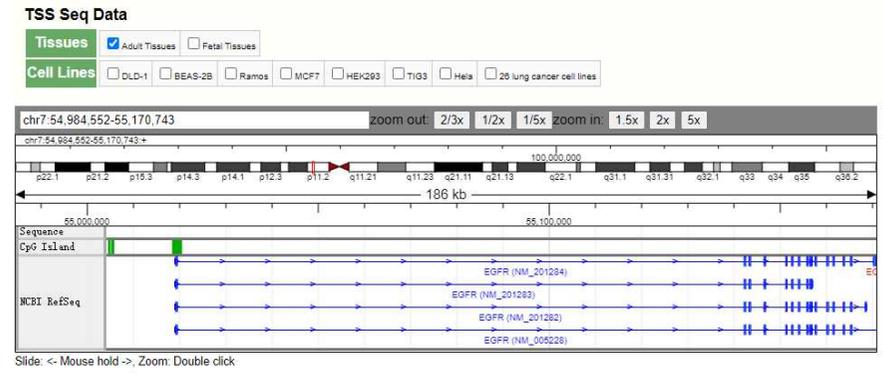
そのほかの便利なサイト

DBKERO/DBTSS

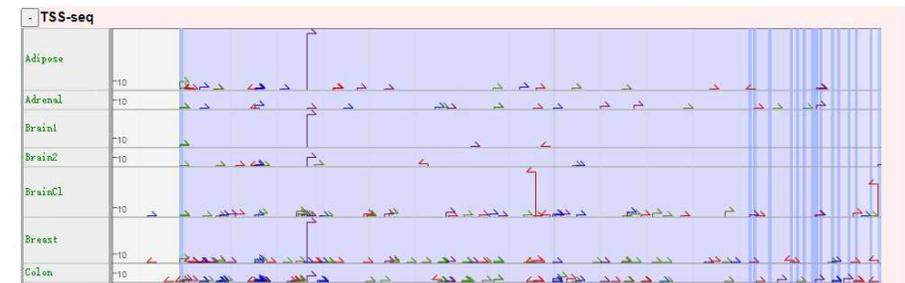
【URL】 <https://kero.hgc.jp/>
Multi-Omics-Viewer



TSS Seq Viewer



Adult tissues



Multi-Omics-Viewerでは、遺伝子のエクソン-イントロン構造、変異・多型情報、発現情報、エピゲノム情報（IHEC）、ChIP-seq情報（ChIP-Atlas）等を並列表現。

TSS Seq Viewerでは、転写開始点情報を表示。

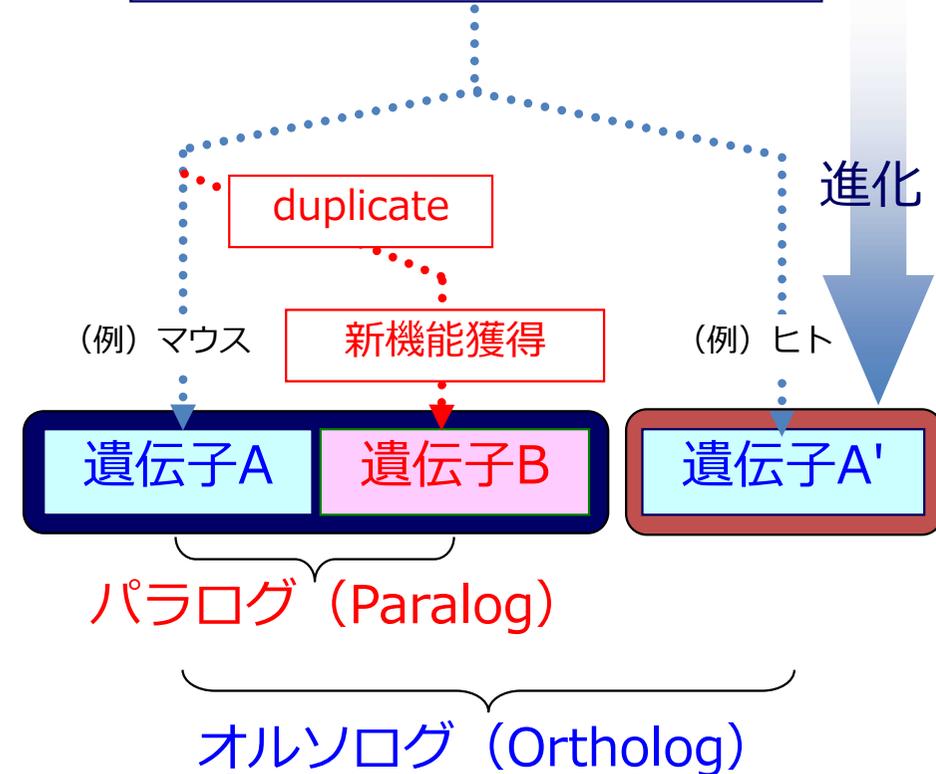
NCBI HomoloGene

【URL】 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/homologene/>

The screenshot shows the NCBI HomoloGene search results for the query 'ERBB2'. The results are organized into two columns: Genes and Proteins. The Genes column lists ERBB2 homologs in various species including H. sapiens, C. lupus, M. musculus, R. norvegicus, G. gallus, and D. rerio. The Proteins column lists the corresponding protein sequences with their accession numbers and amino acid counts. The interface includes search filters, display options, and a download button.

パラログとオルソログ

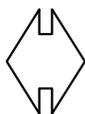
祖先遺伝子 (Ancestor gene)



同じ名前の遺伝子がオルソログとは限らない！

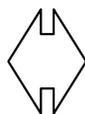
HG: 117693

CXCL1 (Hs)
Cxcl3 (Mm)
Cxcl3 (Rn)



HG: 105490

CXCL2 (Hs)
Cxcl1 (Mm)
Cxcl1 (Rn)



HG: 117695

CXCL3 (Hs)
Cxcl2 (Mm)
Cxcl2 (Rn)

Ortholog : 共通祖先に由来する異種間の同機能相同遺伝子
Paralog : ゲノム内で複製され新機能獲得した別機能相同遺伝子

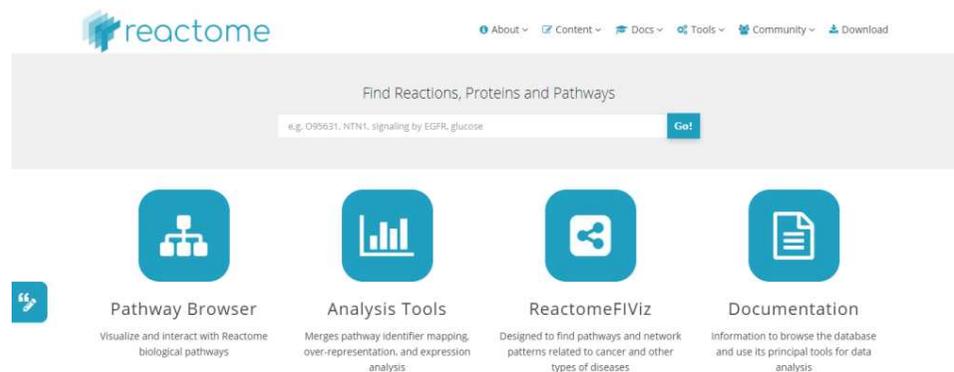
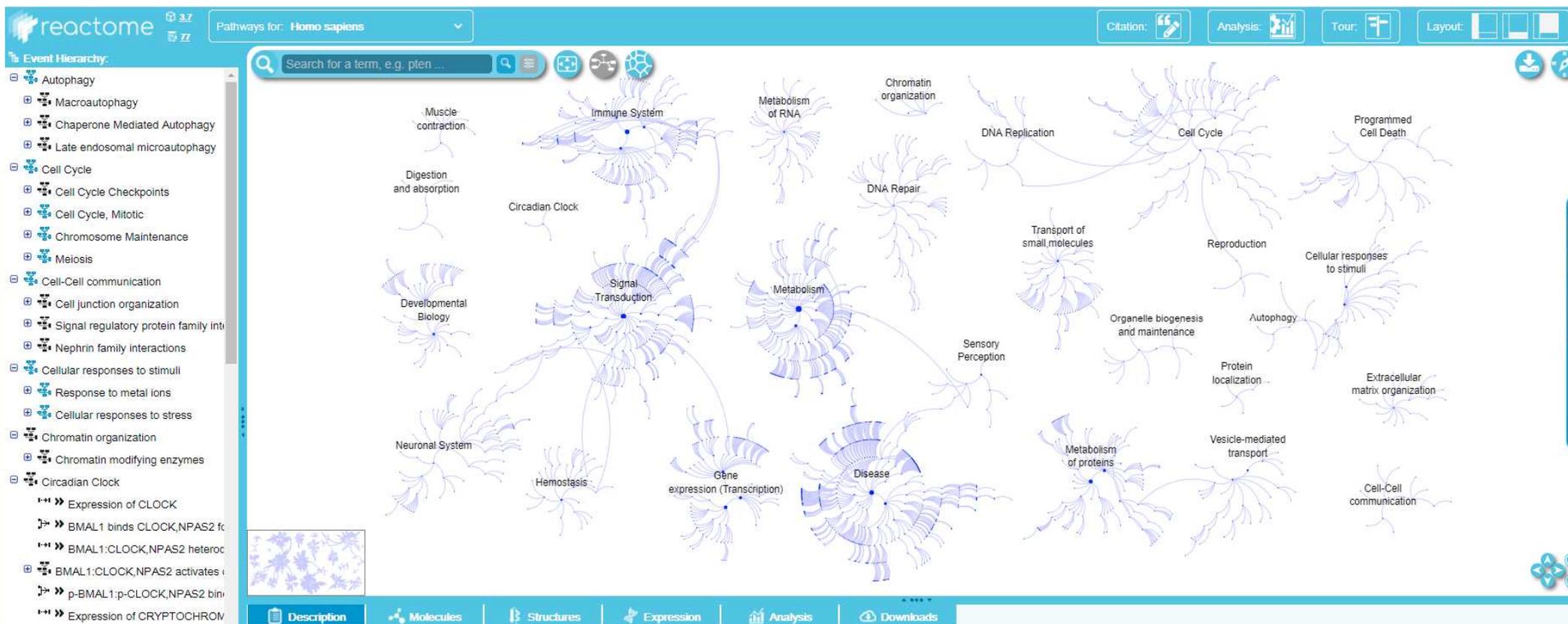
【URL】 <http://www.biomart.org/>
 各種ID変換（遺伝子、タンパク質、プローブ、等々）
 異種生物のオルソログ対応付け、等

【統合TV】 biomartの使い方はこちらへ

- 「[BiomartでIDの対応表を作成する](#)」（2分53秒） [2009-03-04]
- 「[BioMartを使い倒す～比較ゲノミクス編～](#)」（6分48秒） [2010-3-29]
- 「[BioMart を用いてAffymetrixとAgilentのマイクロアレイのプローブID対応表を作成する 2011](#)」（6分9秒） [2011-02-24]
- 「[Biomartを使い倒す～遺伝子の上流配列を取得する～2011](#)」（3分41秒） [2011-05-27]
- 「[BioMartを使ってさまざまなIDの変換対応表を作成する](#)」（6分26秒） [2011-09-27]
- 「[Biomart v0.8を使ってIDから遺伝子情報を取得する](#)」（6分18秒） [2012-01-27]
- 「[BioMartを使って二つの生物種の対応するデータを取得する](#)」（7分15秒） [2012-06-28]
- 「[BioMartを使い倒す～遺伝子の上流配列を取得する～2012](#)」（4分34秒） [2012-07-20]
- 「[BioMart v0.9を使い倒す ～遺伝子情報や配列を取得する～](#)」（8分10秒） [2014-8-30]
- 「[BioMart v0.9を使い倒す～Enrichment analysis編～](#)」（4分33秒） [2014-10-10]

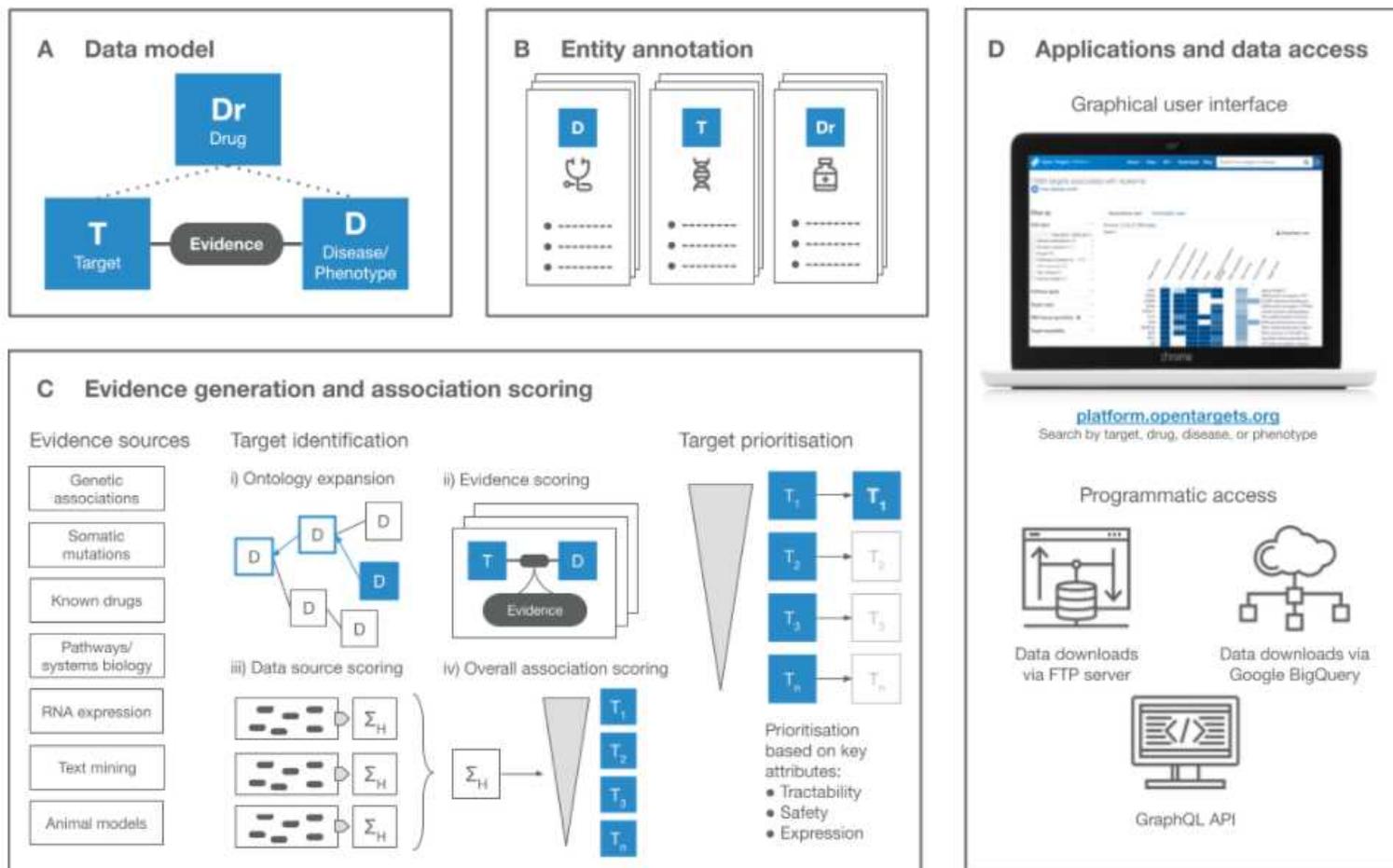
⋮

【URL】 <https://reactome.org/>
パスウェイデータベース

The screenshot displays the Reactome pathway browser interface. On the left, there is a sidebar with an "Event Hierarchy" tree for "Homo sapiens". The main area shows a large, interconnected network of biological processes represented as a tree structure. The processes are color-coded and include terms like "Muscle-contraction", "Immune System", "Metabolism of RNA", "Chromatin organization", "DNA Replication", "Cell Cycle", "Programmed Cell Death", "Digestion and absorption", "Circadian Clock", "DNA Repair", "Transport of small molecules", "Reproduction", "Cellular responses to stimuli", "Developmental Biology", "Signal Transduction", "Metabolism", "Sensory Perception", "Organelle biogenesis and maintenance", "Autophagy", "Protein localization", "Extracellular matrix organization", "Neuronal System", "Hemostasis", "Gene expression (Transcription)", "Disease", "Metabolism of proteins", "Vesicle-mediated transport", and "Cell-Cell communication". At the bottom, there are tabs for "Description", "Molecules", "Structures", "Expression", "Analysis", and "Downloads".

【URL】 <https://platform.opentargets.org>
 疾患や表現型と薬剤標的分子との関係をデータに基づいて理解するための情報やツールが提供されている解析サイト。



[HOME](#)[GENOME BROWSER](#)[EDGE EXPRESS DB](#)[DATA](#)[PUBLICATIONS](#)[ABOUT](#)[Center view](#)[Subnet view](#)[About](#)Search: <http://fantom.gsc.riken.jp/4/edgeexpress/>[FLI1 FLI1](#)

INPUT

NODE

OUTPUT

Sort By: [Name](#) [Weight](#)*TFBS predictions*

ZEB1	MZF1	FOXI1	FOXJ2	
POU5F1	SSRP1	HMGB3	UBTF	
HBP1	HMGB2	GTF2I	SOX17	
NKX3-2	TBX5	TBX4	NFYC	NFYB
NFYA	RREB1	IRF2	IRF1	NKX3-1
SOX10	SOX8	SOX9	PRDM1	SRY
SP1	NFE2L2	IRF7	NR5A1	NR5A2
ELF4	ELF1	ELF2	MAZ	RBPJ
ONECUT2	ONECUT1	MZF1	FOSB	
FOS	FOSL1	JUND	JUNB	NANOG
JUND	JUN	JUNB	FOSL2	SOX2
ETS2	ETS1	TBP	SOX5	KLF4
POU5F1	FOXI1	FOXJ2	MZF1	
SSRP1	HMGB3	UBTF	HBP1	
HMGB2	SP1	SOX17	GTF2I	NFYC
NFYB	NFYA	MEIS1	HOXA9	NCOR1
SMARCA5	SMARCA4	DMAD1	NCOR2	

Promoters

P1^{L3}

FLI1^{L2.1}

FLI1*Entrez_gene*Friend leukemia virus integration 1
[Homo sapiens]

Alias: EWSR2, SIC-1

chr11:128069199..128187521 (+)

[View in F4 Gbrowse UCSC](#)

Entrez_gene: (2313)

GeneticLoc: 11q24.1-q24.3

OMIM: [193067](#)

subnet: internal

Protein-Protein Interactions

ERG ETV6 EWSR1 GATA1 KLF1 SMAD3

SMAD9 SMAD9 SMAD9 TTRAP TTRAP

Sort By: [Name](#) [Weight](#)*Perturbation*

ADH5	MYBPHL	IER3	CTTN	PNMA2
ENPP2	LOC283050	TNF	UCN2	IQCD
GGT7	IL4I1	PRR7	RHPN2	SLC7A2
OSM	TMEM22	LILRB3	SELM	GPR3
KDELR3	IL2RB	PTGDS	IL8	VASN
FRLB	HIST2H2BE	CCL4L1	LOC646407	
ZNF641	TNFRSF12A	C3AR1	TUBB3	
INHBE	FLJ32255	ADC	CCL3L1	AQP3
FLJ32255	IL15RA	BRMS1L	IGFBP3	F3
CYP26B1	PPAP2A	CNR1	FLJ41455	CHPF
TYMP	PACSIN3	GPR84	NOTCH4	
TWIST2	TOR2A	LOC401052	PNMA6A	
OSBP2	NCAPH2	GGT7	TGFB1I1	
CNTNAP1	CHSY3	DMWD	ENO2	TSPAN6
HCG27	TET1	FLJ31945	LY6G5B	FERMT2
ASGR2	SPIB	SEC22C	NOD2	BANP
LOC44513	CTNNA1	LOC441150	TMEM4	

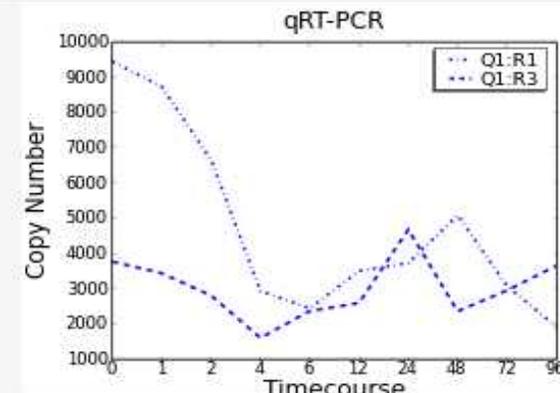
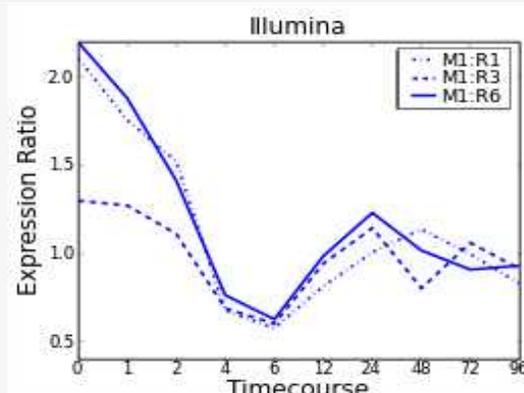
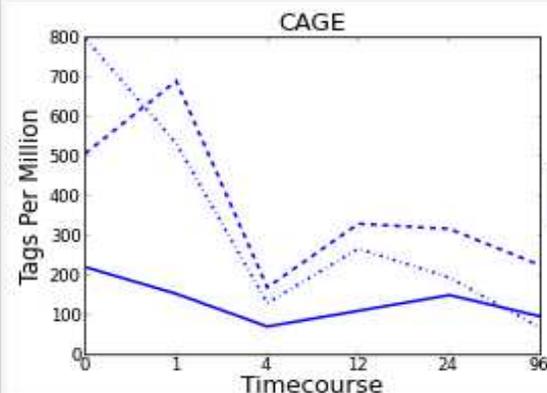
① 制御因子予測(ChIP)

② 相互作用TF (M2H)

③ TF結合サイト予測

Save

Expres



④ 転写変動 (CAGE, Illumina, qRT-PCR)

CAGE Promoters (L2 L3)

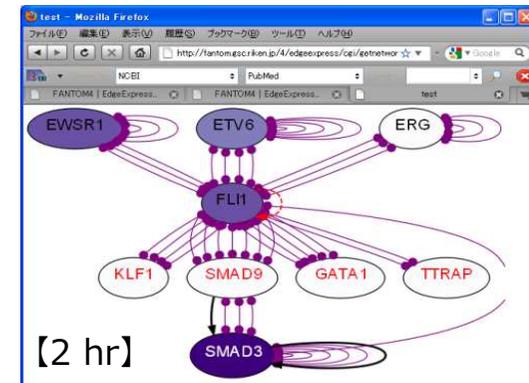
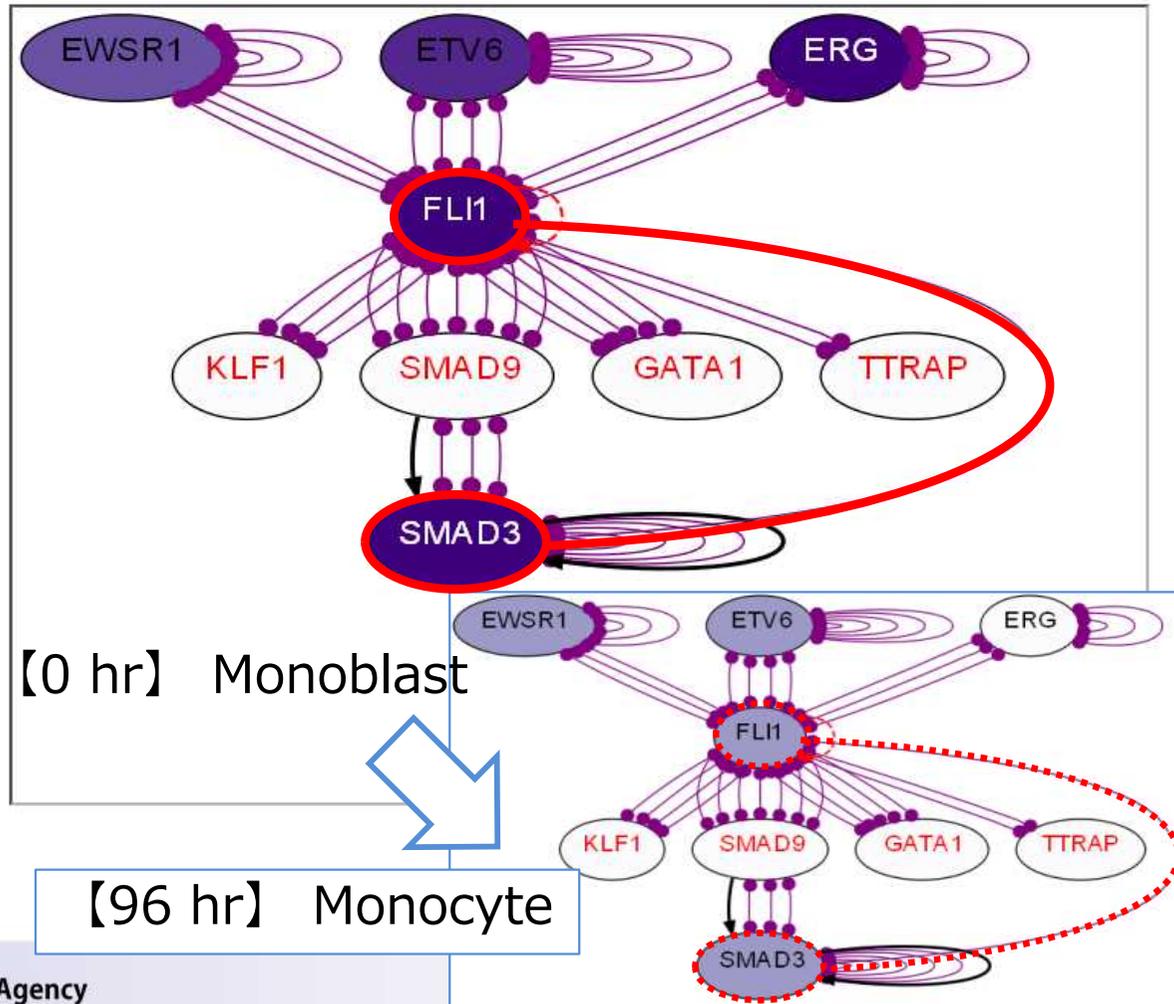
L3_chr11+_128069003[P1]

[Reset Graphs](#)

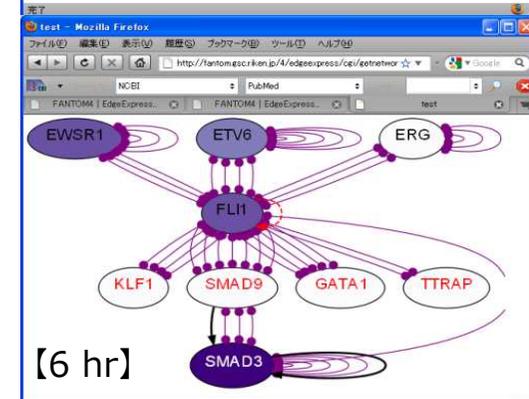
EdgeExpressDB SubnetView



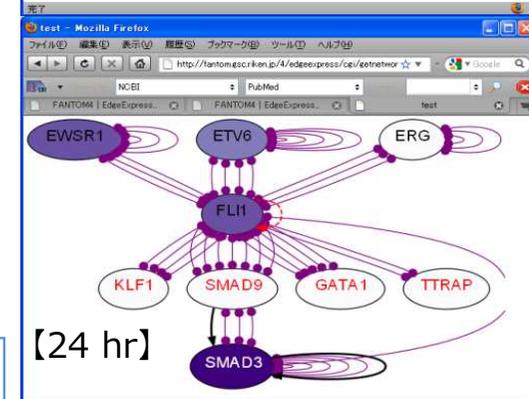
相互作用と転写変動 (M2H, qRT-PCR)
[PMA刺激によるTHP-1細胞の分化過程]



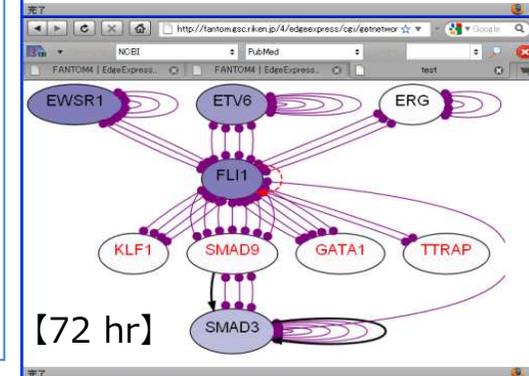
[2 hr]



[6 hr]



[24 hr]



[72 hr]

【謝辞】

本講習会資料の「測定技術と検出限界について考える」の内容の多くは、株式会社Subio社長 田部暁郎氏の承諾を得て、SubioのHPで紹介されている資料をもとに作成させていただきました。心より感謝申し上げます。

- [マイクロアレイの正規化手法とデータの解釈について](https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays)
(<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)
- [マイクロアレイのダイナミックレンジの比較](https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays)
(<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-microarrays>)
- [RNA-Seqのダイナミックレンジ](https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-rna-seq)
(<https://www.subioplatform.com/ja/products/subioplatform/the-dynamic-range-of-rna-seq>)



Akio Tanabe

【参考】

解析ツール

【URL】 <https://www.genepattern.org>
様々なゲノムデータを解析したり閲覧したりするための
解析ツールのレポジトリ。

Powerful genomics tools in a user-friendly interface



GenePattern provides hundreds of analytical tools for the analysis of gene expression (RNA-seq and microarray), sequence variation and copy number, proteomic, flow cytometry, and network analysis. These tools are all available through a Web interface with no programming experience required.

GenePattern Notebook



The GenePattern Notebook environment extends the Jupyter Notebook system, allowing researchers to create documents that interleave formatted text, graphics and other multimedia, executable code, and GenePattern analyses, creating a single "research narrative" that puts scientific discussion and analyses in the same place.

Analysis Pipelines



GenePattern pipelines allow you to capture, automate, and share the complex series of steps required to analyze genomic data. By providing a way to create and distribute an entire computational analysis methodology in a single executable script, pipelines enable a form of in silico reproducible research.

Reproducible Research



Published research, particularly in silico research, should contain sufficient information to completely reproduce the research results. By capturing the analysis methods, parameters, and data used to produce the research results, GenePattern pipelines enable reproducible research. By versioning every pipeline and its methods, GenePattern ensures that each version of a pipeline (and its results) remain static, even as your research and the pipeline continue to evolve.

Programming Environment



GenePattern provides a simple application interface that gives users access to computational analysis methods and tools, regardless of their computational experience. GenePattern also provides a programmatic interface that makes those analysis modules available to computational biologists and developers from Java, MATLAB, and R.

【URL】 <https://stats.biopapyrus.jp/>

生物統計学に関する情報サイト。

【目次】

1. プログラミング言語 (R、Python)
2. 確率分布 (確率、確率変数、正規分布、二項分布、ポアソン分布、t分布、カイ二乗分布、F分布)
3. 基礎統計 (標本分散と不偏分散、t検定、F検定、分散分析、主成分分析 Benjamini-Hochberg補正)
4. ベイズ統計学
5. 一般化線型モデル GLM (単回帰 重回帰 誤差構造・リンク関数・線形予測子 最尤推定 尤度比検定 スコア検定 Wald 検定 対数線形モデル ロジスティック回帰)
6. スパース推定 (正則化、LASSO、Ridge、Elastic Net、Fused LASSO Group LASSO、スパース主成分分析、グラフィカル LASSO)
7. 時系列解析
8. GxE 解析