

公共遺伝子発現データを活用するためのウェブツール: RefExとAOE



小野 浩雅、池田 秀也、坊農 秀雅 Hiromasa Ono, Shuya Ikeda, Hidemasa Bono

hono@dbcls.rois.ac.jp

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

RefEx (Reference Expression dataset) は、遺伝子発現解析の基準となる**公共の正常組織や細胞株などの大規模測定データ**を選抜し、**並列に比較**できるように整理し、それらを**快適に検索・閲覧**できるウェブツールです。



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



<https://github.com/dbcls/RefEx/>



RefEx のトップページ

遺伝子発現解析の基準となる公共の正常組織や細胞株などの大規模測定データを選抜し、並列に比較できるように整理し、それらを快適に検索・閲覧できるウェブツールです。

検索結果一覧

組織10分類と4手法間の相対発現量を表示

遺伝子発現状況の詳細

遺伝子発現量を人体3Dモデルや手法別で一覧

リスト機能による並列比較

組織40分類のほかすべての詳細情報を並列に比較表示

FANTOM5 CAGE ビューア

細胞株、初代培養細胞 成体・胎児組織における発現量を一覧

活用例 (The RefEx analysis)

実験で見出した標的・候補遺伝子の発現量が正常組織で極めて低いことを確認

原著論文

SCIENTIFIC DATA

次期バージョン開発中

遺伝子発現データビューアの高機能化 対象生物種、データセットの拡充 サンプル情報の付加による検索性の向上

AOE (All Of gene Expression)は、EBI **ArrayExpress** + NCBI Gene Expression Omnibus (**GEO**) + DDBJ Genomic Expression Archive (**GEO**)に収蔵されている**公共の遺伝子発現データ**を実験手法や生物種などで**分類・整理**し、それらを**快適に検索・発見**できるウェブツールです。



<https://aoe.dbcls.jp/>



<https://github.com/dbcls/AOE/>



AOE のトップページ

実験手法による絞り込み

Limit data for 2017 and 2018

Limit data for Illumina (RNA-Seq)

Limit data for RNA-Seq

Limit data for microarray

生物種による絞り込み

Retrieve data

Select 'Oryza sativa'

Retrieve species-specific data (Oryza sativa)

検索結果一覧

ArrayExpress	Project	GEO	Description	Organism	Array Group	Technology	Instrument	Last update
NA	PRJNA45437	NA	Liver membrane protein 1 (LMP1) in the major...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-10-18
NA	PRJNA45402	NA	Hypoxia-inducible factor 1 (HIF1) in the major...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-10-05
NA	PRJNA45273	GSE119775	Calcium-inducible cardiac remodeling in...	Mus musculus	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-09-11
NA	PRJNA45856	GSE119255	Hypoxia in NCT11927 MAMs shows Wnt...	Mus musculus	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-08-30
NA	PRJNA45481	GSE118046	Next Generation Sequencing Facilities Cou...	Homo sapiens	NA	sequencing...	HiSeq X Ten	2018-08-02
NA	PRJNA45347	NA	Comparison of published protocol (Abad et al...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-07-27
NA	PRJNA45277	NA	Genetic drivers of cancer can be dysregulat...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-07-25
NA	PRJNA45215	NA	(Hypoxia) The number of red blood cells (R...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-07-20
NA	PRJNA45216	GSE118000	mRNA changes induced by acute and chronic...	Homo sapiens	NA	sequencing...	HiSeq4000	2018-07-14
NA	PRJNA47367	NA	We used RNA-seq to monitor mRNA levels of...	Saccharomyces...	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-05-21
NA	PRJNA47265	NA	Neocortical interneurons (NAC) in an acute g...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-05-21
NA	PRJNA47180	NA	Protein recycling by RNA editing is requir...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-05-16
NA	PRJNA47187	NA	Plutonium Mutations in several genetic loc...	Mus musculus	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-05-16
NA	PRJNA45218	NA	Hypoxia-induced of HIF1 signaling and the...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-04-27
NA	PRJNA45061	NA	Hypoxia-induced of HIF1 signaling and the...	Homo sapiens	NA	sequencing...	Illumina HiSeq...	2018-04-18

オリジナルサイトへのリンク

	# of series	Cumulative
1 AE (including GEO) + GEO	72,770 (GEO-derived 59,374)	72,770
2 GEO not in AE	37,849	110,619
3 SRA (RNA-seq) not in AE + GEO	13,137	123,756

