

# RNAseqChef: 遺伝子発現変動を自動的に可視化する RNA-seq統合解析ツール

○衛藤 貫、中尾 光善

熊本大学 発生医学研究所 細胞医学分野

連絡先: [kaneto@kumamoto-u.ac.jp](mailto:kaneto@kumamoto-u.ac.jp)

RNAシーケンス (RNA-seq) は網羅的な遺伝子発現変動解析 (DEG解析) に不可欠なツールである。原著論文で使用されたRNA-seqのデータセットは誰でも再利用できるようにGene Expression Omnibus (GEO) に集約されている。現在、数万以上のデータセットが再解析可能な状態にあり、一般的に利用される組織・細胞株のデータも豊富にあるので、分子生物学の研究を進める上で有益な情報が得られる可能性を秘めている。しかしながら、DEG解析は煩雑で時間も要するために、短時間で再現性のあるデータ解析をするためにはバイオインフォマティクスの専門知識が求められる。

そこで本研究では、専門的知識不要で再現性のあるデータ解析が可能となるウェブツールの開発を目指した。RNAseqChef (RNA-seq data Controller highlighting gene expression feature) は、RNA-seqにより得たカウントデータを自動的に解析・可視化するウェブアプリである。既存のウェブアプリと異なり、単一のデータセットの解析だけでなく、複数のデータセットの結果を統合解析することも可能である。また、RNA-seq以外のオミクス解析 (ChIP-seqやATAC-seqなど) で得た遺伝子セットをインプットとすることで、発現変動遺伝子のエピゲノム情報の抽出・解析なども可能である。本ポスター発表では、RNAseqChefの機能・使用方法を紹介する。

# RNAseqChef

(RNA-seq data Controller highlighting gene expression feature)

- 誰でも簡単に短時間で再現性のあるRNA-seqの統合解析ができる
- Bioinformaticsの知識は不要
- 直感的な操作のみで実行可能

**Menu bar**

**Tab panel**

**Setting panel**

**Output panel**

PCA

MDS

Download clustering analysis

Download scatter plot1

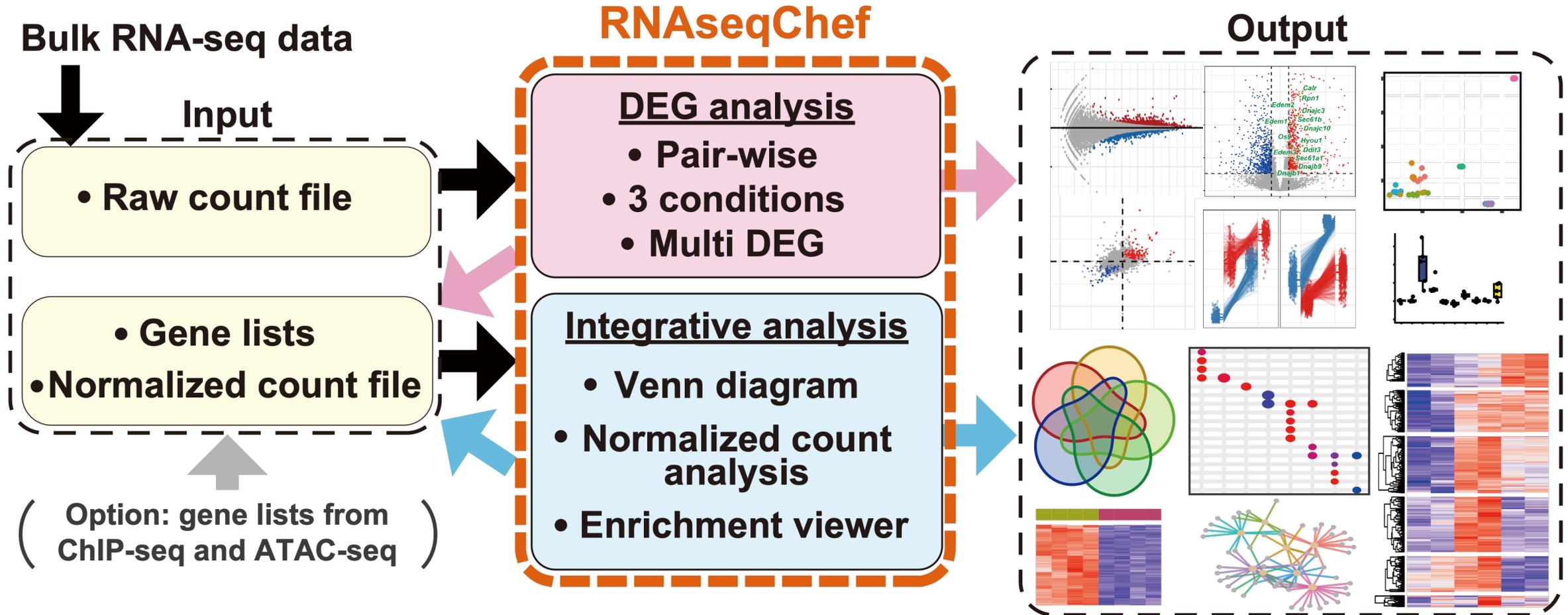
Download DEG\_result1

Log2(day0/day5)

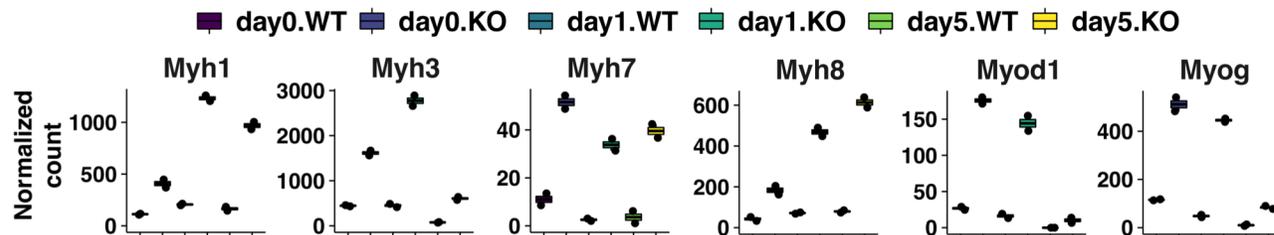
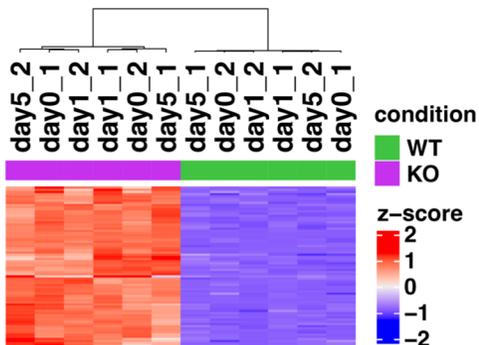
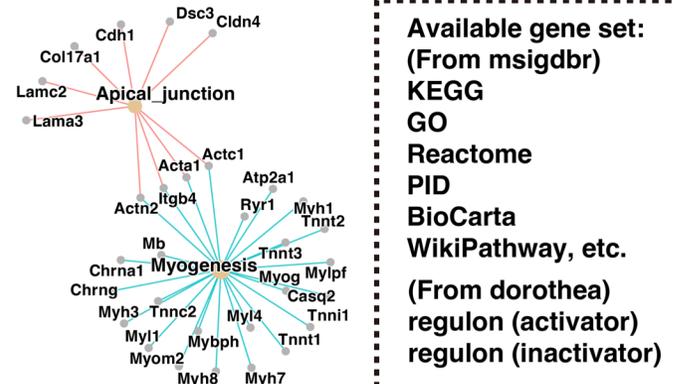
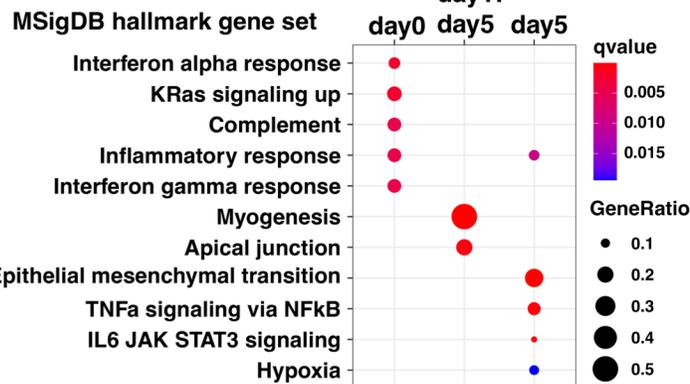
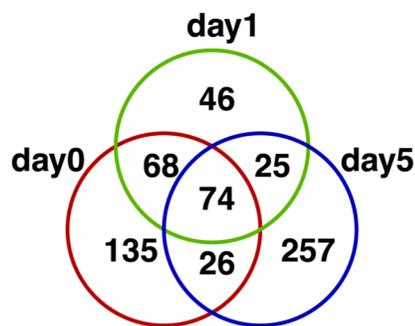
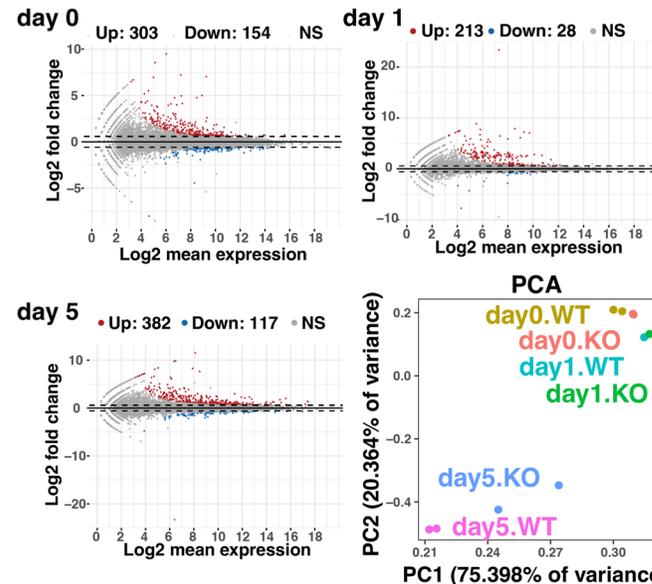
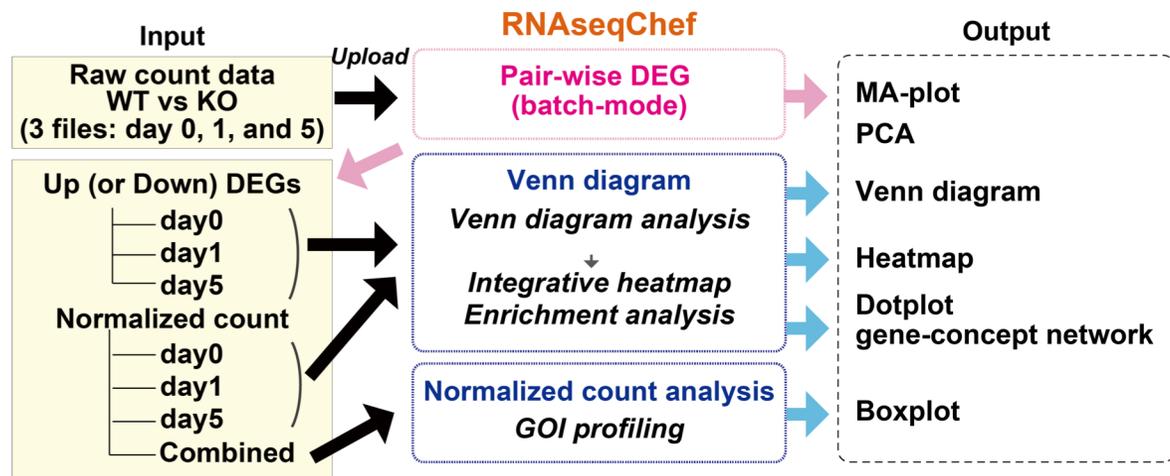
Log2(day0/day1)

z-score

# RNAseqChefの機能



# 統合解析の具体例 (所要時間: 約5分)



Example data: Takase et al., *FASEB J.* 33, 5300–5311 (2019)