

# MetaCore, a Cortellis™ Solution

## Quick Guide Series: No.2

<http://portal.genego.com>

### 実験データ(遺伝子発現データ)をアップロードする

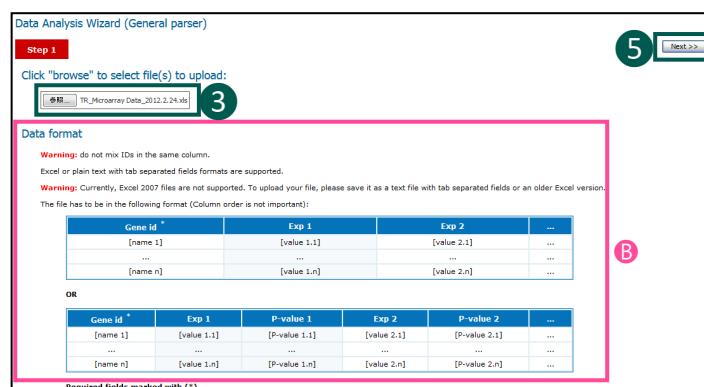
MetaCoreでは、マイクロアレイ発現解析で得られた数値データ、および数値データを含まない遺伝子リストや代謝物リストなどをMetaCore上に取り込み、エンリッチメント解析、ネットワーク解析などを行うことが可能です。ここでは、遺伝子発現データをMetaCoreに取込む際の注意事項およびアップロード方法をご紹介いたします。



1 ホーム画面から[Upload]のタブを選択。

2 アップロードするデータの種類に適したリンクを選択。ここでは、遺伝子ファイルを用いるので、[Upload Experiments with Gene or Protein IDs]を選択。

A 遺伝子・タンパク質の発現変化データの他に、代謝物、相互作用、構造式（要MetaDrug）、遺伝子変異の情報もアップロード可能です。



3 Data Analysis Wizard画面に移行。  
[選択]をクリックし、データを指定する。

4 ここではこのデータを使用。

B アップロード可能なデータ形式について説明しています。詳しくは本資料下部の[アップロード可能なデータ形式]をご覗ください。

5 [Next]をクリック。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	ID_REF	Sample1	Sample1 p-value	Sample 2	Sample 2 p-value	Sample 3	Sample 3 p-value	Sample 4	Sample 4 p-value
2	31307_at	1.459459459	0.92617	-3.06944444	0.992457	-1.3	0.986908	1.93548387	0.951005
3	31308_at	-1.139269406	0.284747	-5.5252809	0.64131	-16.5925926	0.732537	-1.83197832	0.150527
4	31309_r_at	-1.495049505	0.621816	-1.19522526	0.175989	-3.24791418	0.250724	-7.47945205	0.697453
5	31310_at	-3.5	0.94553	-1.01166181	0.918663	2.2238806	0.995137	3.92105263	0.933135
6	31311_at	-3.571428571	0.849473	1.68571429	0.94553	-1.1802974	0.849473	-6.80769231	0.978134
7	31312_at	-1.405405405	0.94553	-1.46900385	0.732537	-4.77975376	0.749276	-1.03370787	0.872355

#### [アップロード可能なデータ形式]

##### <ファイルの形式>

- Excel 2003-2007 ブック (.xls形式) または、カンマ区切りのtext形式。
- 1つのカラムにつき1つのIDのみが入力されたファイル。
- 1列目から順にID、実験値 (Fold change、Intensity等)、必要に応じてP-valueが入力されたファイル。  
(複数の実験データがある場合は実験値を並べて入力することで一度にアップロードが可能)

##### <読み込み可能なID>

(遺伝子・タンパク質) EntrezGene (LocusLink) IDs Gene symbol (e.g. TP53, etc.) Affymetrix tag ID (expression) Affymetrix tag ID (exon) Affymetrix tag IDs (SNP) Illumina tag IDs (expression) Agilent tag IDs (expression) Codelink tag IDs (expression) OMIM IDs	RefSeq IDs Unigene IDs ENSEMBL IDs rsSNP IDs SwissProt IDs IPI IDs GeneBank IDs miRBase IDs Panther IDs MetaCore gene IDs	(代謝物) Chemical Name Formula Molecular Weight SMILES InChI CAS Number KeGG ID PubChem Compound ID Compound ID
---	--	---

## アップロード手順

Data Analysis Wizard (General parser)

**Step 2**

Only first 10 lines of your file are shown. Use horizontal scrolling if needed.  
Use checkboxes against each row to specify table header lines

Specify the column types in your file:

File data	Expiments name prefix	Psor_fold_change_all	Expand	Collapse
Type	Affymetrix tag IDs (expression)	Fold-change	P-value	Fold-change
Name	ID_REF	Sample1	Sample1_p-value	Sample2
	ID_REF	Sample1	Sample1_p-value	Sample2
	31307_at	1.494159415945946	0.92517	-3.059444444444444
	31308_at	-1.12926840639259	0.284747	-5.32528099898744
	31309_at	-1.4990495049505	0.621816	-1.19522525991529
	31310_at	-3.5	0.94553	-1.01166100758018
	31311_at	-3.57142857142857	0.849473	0.918663
	31312_at	-1.40840540540541	0.94553	-1.46600238477982
	31313_at	-2.1588785046729	0.837065	0.732557
	31314_at	-1.43167701863254	0.67917	-7.51092310082251
	31315_at	1.11538461538462	0.837065	0.660442

**7** [Next >>]

6 Step2では、選択したデータのファイル名、自動認識された遺伝子ID・実験値・P-valueの種類について確認し適宜修正を行う。

C チェックを入れてヘッダー行など不要な行を除きます。ヘッダー行には基本的に自動認識で、チェックが入ります。

7 [Next] をクリック。

8 動物種を選択。ヒト・マウス・ラットの3種から選択可能。

今回用いているデータはヒトのデータなので [Homo sapiens] を選択します。

9 [Next] をクリック。  
Background processing status の画面に移行します。

Data Analysis Wizard (General parser)

**Step 3**

Species

Choose species

Homo sapiens

Homo sapiens

Mus musculus

Rattus norvegicus

**8**

**9** [Next >>]

Background processing status

Total: 9

Start time	End time	Type	Experiment name	File location	Network objects	Status	Auto refresh
07/27/2014 22:40:10	07/27/2014 22:40:10	General	Psor_fold_change_all	Open locator	None	Done	<input checked="" type="checkbox"/>

**10**

10 Status が 100% (Done) になったらデータのアップロードが完了。

11 MetaCore トップページの [My Data] の下の [EXPERIMENTS] 中にデータは格納される。  
データが見当たらない場合は、画面を再読み込みしてください。

D アップロード後、基本的には自動的にデータがActivateされます。もし、Activateされていない場合は、データ名をダブルクリックするか、データの右のチェックマークをクリックしてください。逆にデータをDeactivateしたい場合も同様です。

**11**

File Edit View Tools Help

Activate/Deactivate

Home > My Data

Name	Type	Date
[...] My Data		05/20/2014 21:01:39
EXPERIMENTS		
SAVED NETWORKS		05/28/2014 02:24:02
NETWORKS LISTS		05/28/2014 02:55:43
GENE LISTS		07/22/2014 06:17:18
NETWORK OBJECTS LISTS		07/22/2014 06:18:38
ENRICHMENTS		07/23/2014 01:35:51
SAVED NETSHOTS		07/23/2014 06:07:48
WORKFLOWS		07/31/2014 07:20:41
VARIANT DATASETS		08/06/2014 06:26:38
VARIANT EXPERIMENTS		08/06/2014 06:32:52

Home > Active Data

Name	Type	Date
[...] Active Data		
Psor_fold_change_all_Sample 1	GX	07/28/2014 02:40:10
Psor_fold_change_all_Sample 2	GX	07/28/2014 02:40:10
Psor_fold_change_all_Sample 3	GX	07/28/2014 02:40:10
Psor_fold_change_all_Sample 4	GX	07/28/2014 02:40:10

**D**

## [次世代シーケンサー等で得られた遺伝子発現データの解析について]

遺伝子発現解析を行う場合（例えばRNA-seq）は、専用のツール等を用いて予め発現変動遺伝子を同定することが必要となります。これらの結果には、遺伝子ID、発現値およびP-valueが付きますので、この段階でデータをMetaCoreにアップロードすることが可能になります。

クラリベイト・アナリティクス・ジャパン株式会社  
ライフサイエンス & ヘルスケア事業部

〒107-6118 東京都港区赤坂5丁目2番20号赤坂パークビル18階

【製品に関する問い合わせ】 クラリベイトカスタマーケア  
ts.support.jp@clarivate.com