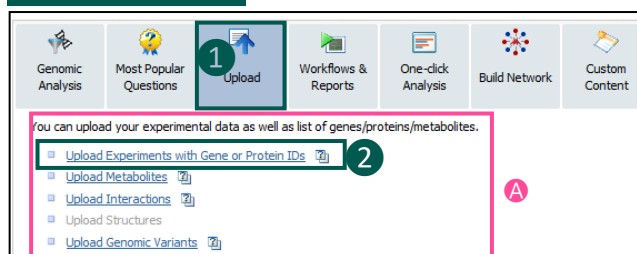


## 実験データ(遺伝子発現データ)をアップロードする

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、遺伝子発現値データを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します。

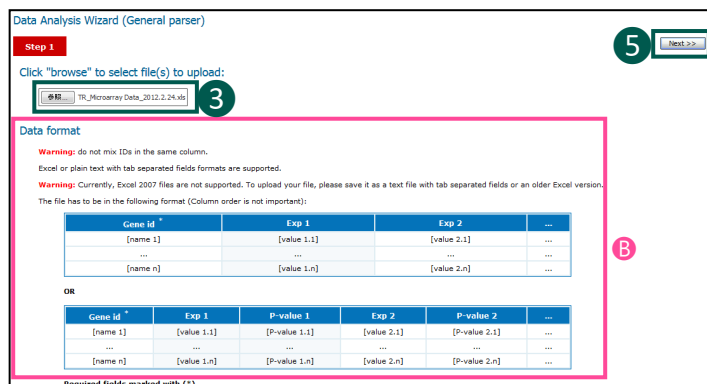
## アップロード手順



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の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]をご覧ください。

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	3.069444444	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

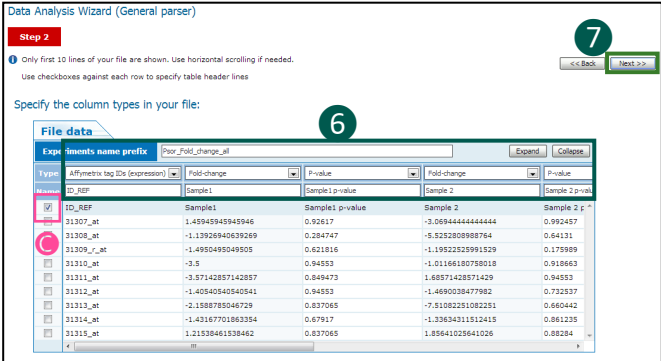
RefSeq IDs

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

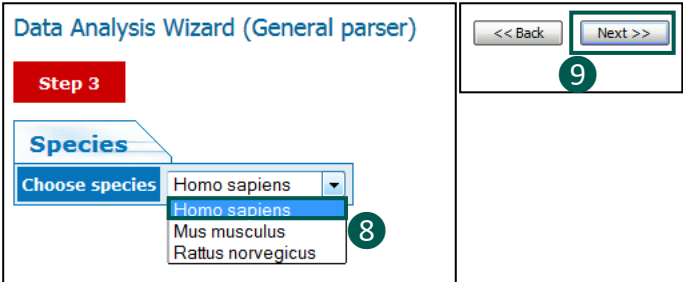
アップロード手順



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。

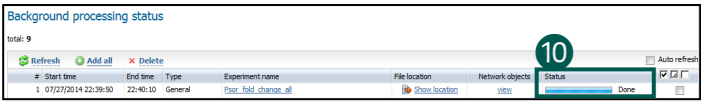
C チェックを入れてヘッダー行など不要な行を除きます。ヘッダー行には基本的には自動認識で、チェックが入ります。

7 [Next]をクリック。

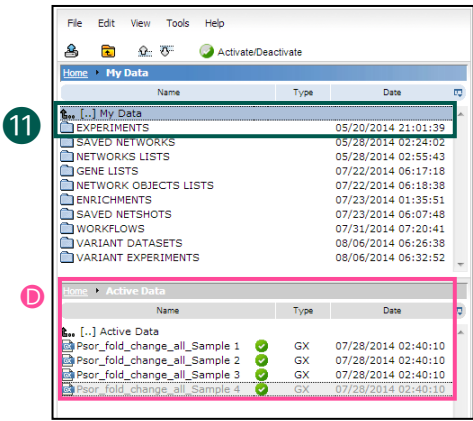


8 動物種を選択。ヒト・マウス・ラットの3種から選択可能。  
今回用いているデータはヒトのデータなので[Homo sapiens]を選択します。

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



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]の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。

[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](mailto:ts.support.jp@clarivate.com)