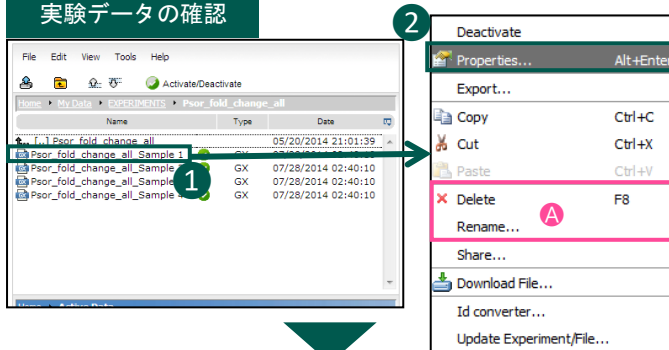


実験データの確認と閾値の設定

この資料では、取り込まれたデータについてIDの数や実験データの分布を確認し、閾値を設定する方法をご紹介します。実験データの分布図を確認し、適切な閾値を設定することでノイズや非特異的な発現変化を取り除くことが可能となります。

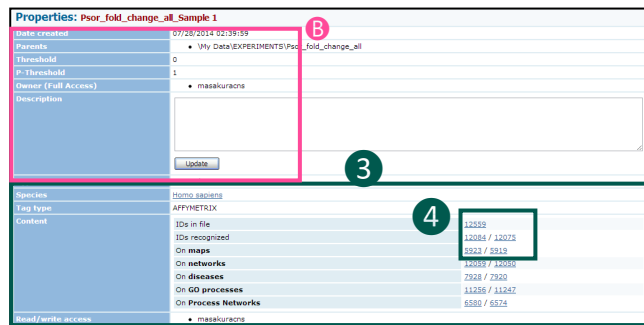
実験データの確認



1 MetaCoreのStart Pageの実験データ上で右クリック。

2 開いたメニューから[Properties]を選択。

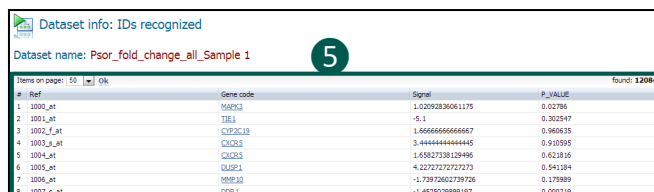
A 右クリックのメニューからデータの名前の変更や削除なども行っていただけます。



3 プロパティ画面に移行。アップロードしたIDのタイプ、数、対応するマップ等の数を確認可能。

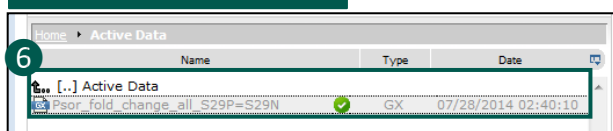
4 [IDs recognized]の数字のリンクをクリック。

B データをアップロードした年月日、発現値のThreshold及びP-valueのThresholdの現状の設定を確認できます。また、必要に応じてDescriptionを残すことができます。

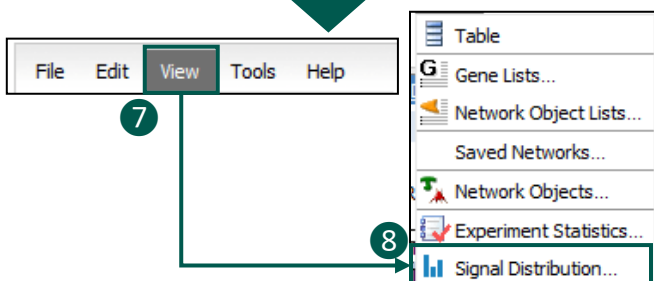


5 アップロードしたデータ／MetaCore内で対応するネットワークオブジェクトが認識されたデータ／認識されなかったデータを確認可能。ここではネットワークオブジェクトが認識されたデータ（解析に用いられるデータ）を表示しています。

実験データの分布の確認



6 次に実験データの分布を確認する。分布を確認したいデータをダブルクリックしアクティブにする。（緑のチェックマークが付いている状態）



7 MetaCoreのStart Pageの[View]をクリック。

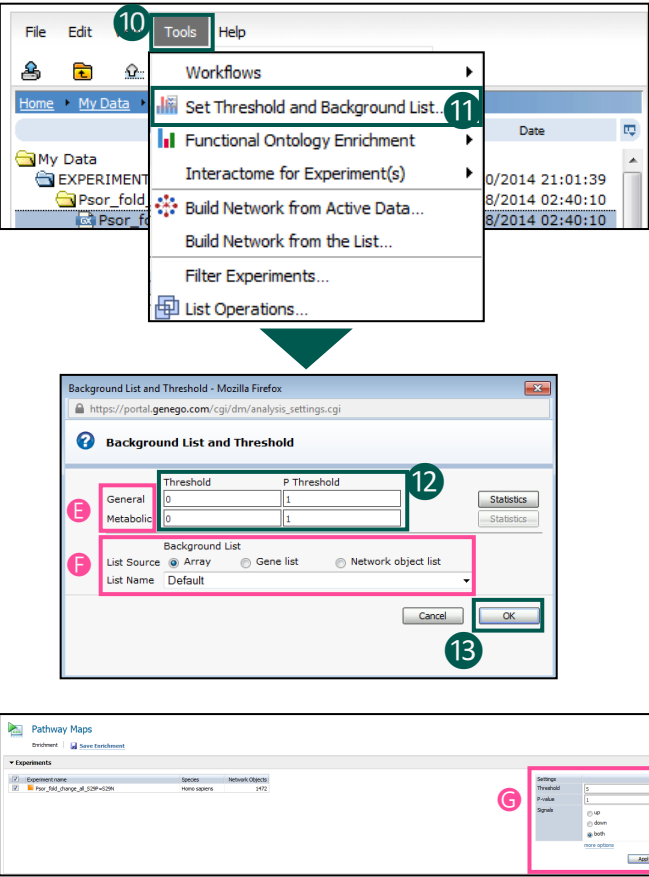
8 [Signal Distribution]をクリック。

実験データの分布の確認



- 9 データの分布を表すグラフを表示。グラフをダブルクリックしてさらにその範囲内の分布に拡大。これらの情報を元に閾値を決定します。
- C 拡大した分布図を元に戻す場合はブラウザの戻るボタンをご利用ください。
- D P-valueの値がある場合は、同画面内で同様に分布を確認することができます。

閾値の設定



- 10 MetaCoreのStart Pageで[Tools]をクリック。
- 11 開いたメニューから[Set Threshold and Background List]をクリック。
- 12 発現値に閾値を設定したい場合は[Threshold]、P-valueの場合は[P Threshold]にそれぞれ値を入力。
- E 遺伝子発現・タンパク質発現のデータ（[GX]のタグが付いたデータ）は[General]側に入力します。代謝物のデータ（[MX]のタグが付いたデータ）は[Metabolic]側に入力します。
- F 必要に応じてDNAマイクロアレイ等のバックグラウンドリストを変更することが可能です。
- G エンリッチメント解析（パスウェイ解析等）では解析後に閾値を設定することが可能です。ただし、Build Networkについては閾値の設定は本資料の方法で事前に行っておく必要があります。
- 13 [OK]をクリック。