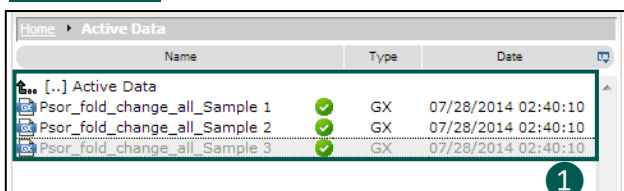


複数の実験データを比較するワークフロー (Compare Experiments)

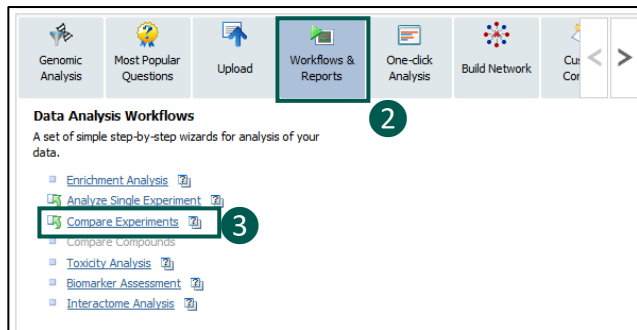
MetaCoreには、各種目的に沿った一連の解析を導くワークフローが用意されています。ここでは、複数の実験データを比較解析するCompare Experimentsワークフローをご紹介します。

実験データ間で共通 (Common)、一部共通 (Similar) および固有 (Unique) の遺伝子を明らかにし、これらの遺伝子に対して、複数のオントロジーに照らし合わせたエンリッチメント解析とネットワーク構築を行うことができます。

解析手順



- 1 解析対象のデータをActivateします。ここでは例として3つの実験データをActivateし比較します。

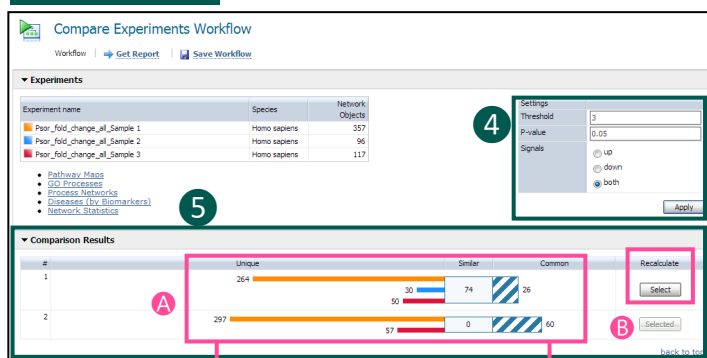


- 2 Start Pageの[Workflows & Reports]タブを選択。
- 3 [Compare Experiments]をクリック。

- 4 閾値の設定を行い[Apply]をクリック。[Apply]をクリックすることで解析がスタートします。

- 5 Comparison Resultsに実験データ間で共通する分子数が表示されます。

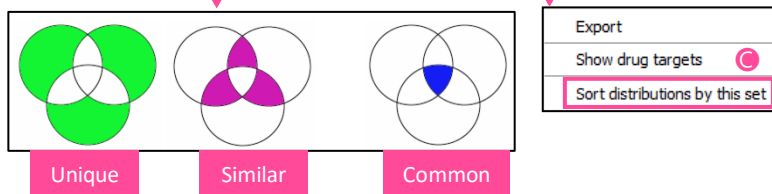
解析結果画面



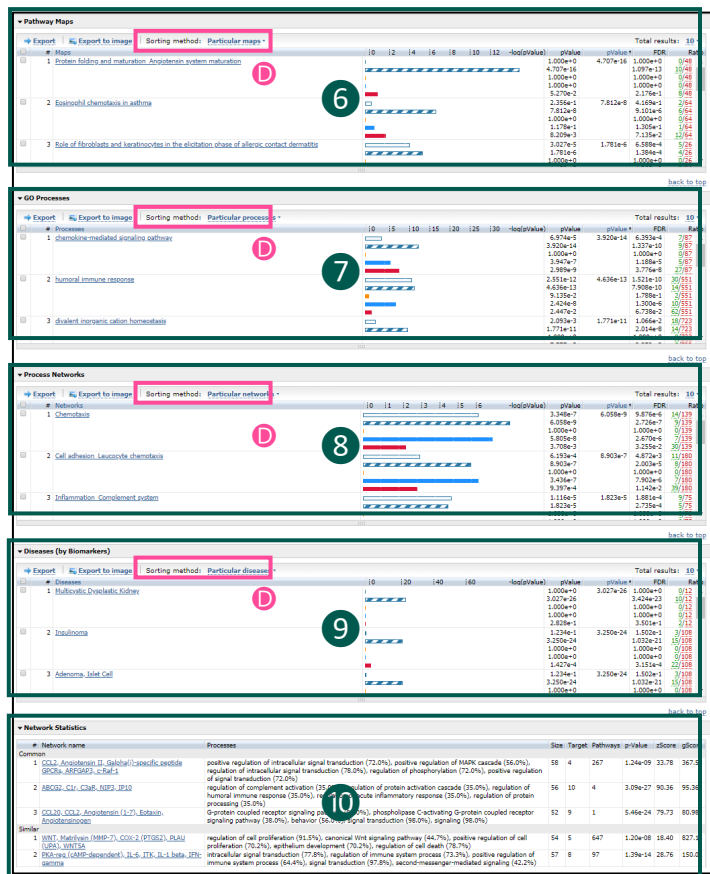
- A 実験データ間で共通 (Common)、一部共通 (Similar) および固有 (Unique) の遺伝子数を、棒グラフで表示します。棒グラフの色・柄は、Common、Similar、Uniqueのそれぞれのグループを表します。なお、比較する実験データが2つの場合、Similarの欄は0件になります。

- B 'Recalculate'の[Select]ボタンで、比較したい組み合わせを選択します。Selectedとなっているのが、現在表示されている組み合わせです。

- C 棒グラフ上での右クリックで、Common、Similar、Uniqueのいずれの遺伝子群を対象に解析を行うかの変更が可能です。デフォルトではCommonが指定されています。



解析結果画面



6 Pathway Mapsの解析結果を表示。パスウェイ解析の結果を表示します。詳細はQuick Guide Series:No.4をご参照ください。

7 GO processesの解析結果を表示。公共のGene Ontology(GO)のGO processesに対するエンリッチメント解析結果です。

8 Process Networksの解析結果を表示。GO processesやパスウェイマップを元に構築された弊社独自のネットワークマップに対するエンリッチメント解析結果です。

9 Diseases (by Biomarkers)の解析結果を表示。疾患ごとの関連分子に対するエンリッチメント解析結果です。

10 Network Statistics
Common、Similar、Uniqueのそれぞれの遺伝子群を用いてネットワーク解析を行います。使用されるアルゴリズムは[Analyze network]です。ネットワーク解析の詳細はQuick Guide Series:No.8をご参照ください。

- D Sorting methodのメニュー（例 Pathway Maps）
デフォルトではParticular (maps)が選択されていますが以下の基準ごとに並び替えが可能です。
- Differentially affected (maps) : ターム毎に標準偏差を計算し、ターム内での-log (pValue)のバラつきが大きき順に並び替える。
 - Statistically significant (maps) : 各タームについて最大の-log (pValue)を割り出し、その値順に並び替える。
 - Similarity by (maps) : ターム毎に標準偏差と平均を計算し、標準偏差を平均で割った値順に並び替える。
 - Particular (maps) : 実験データのCommon、Similar若しくはUniqueについて特定の群を指定し、そのpValue順に並べ替える。



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