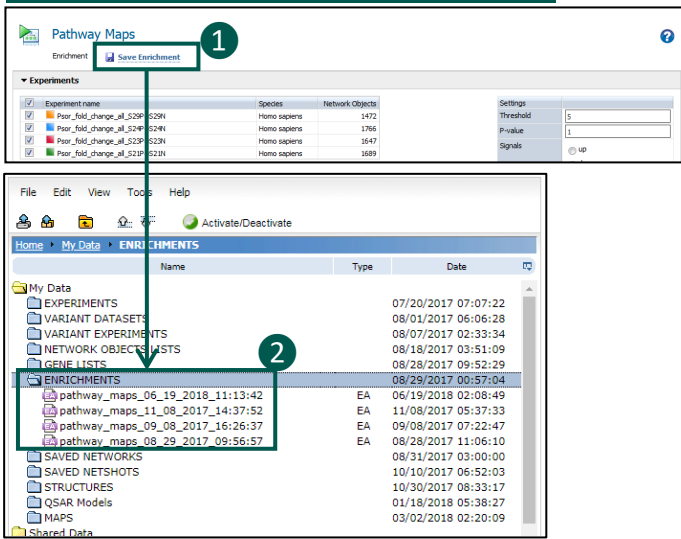


解析結果の保存と出力方法

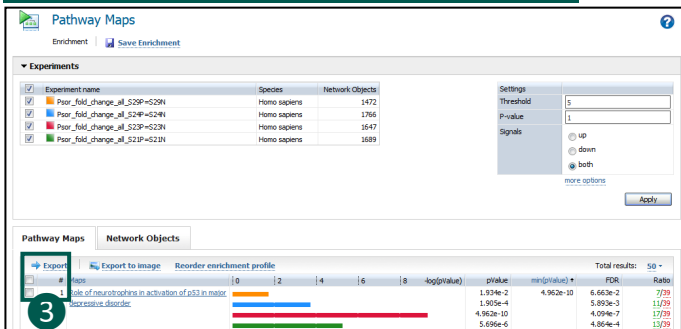
ここでは、MetaCoreでエンリッチメント解析やネットワーク構築を行った後の、データ保存やエクセルへの出力についてご紹介します。

エンリッチメント解析の結果を保存する手順

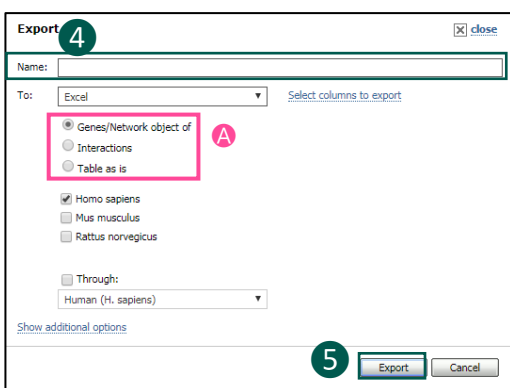


- 1 エンリッチメント解析の結果全体を保存する場合、解析結果画面の[Save Enrichment]をクリック。このとき同時に保存ファイル名を指定します。
- 2 保存したエンリッチメント解析の結果は、Start PageのData Manager内のMy Dataフォルダ下のEnrichmentフォルダに保存されます。

エンリッチメント解析の結果をExportする手順



- 3 解析結果をExportする場合、出力したいMapにチェックを入れ、解析結果リストの上部の[Export]をクリックします。



- 4 Exportのポップアップが開きます。ファイル名を入力します。

A Exportしたい項目を選択します。

- Genes/Network object of : チェックボックスにチェックを入れたマップ等に含まれる分子のリストをExportする。
- Interactions : チェックボックスにチェックを入れたマップ等に含まれる相互作用のリストをExportする。
- Table as is : エンリッチメント解析の結果のリストをExportする。

- 5 [Export]をクリックします。

6

List Report													Peor. fold. chang			
MetaCore Data													s. all. S21P=S21N	s. all. S23P=S23N	s. all. S24P=S24N	s. all. S25P=S25N
#	Input IDs	Network Object Name	Integrity Biomarker Role	Integrity Biomarker Type	Integrity Gene Symbol	Signal	p-value	Signal	p-value	Signal	p-value	Signal	p-value	p-value	Signal	p-value
1	1564_at	AKT1	BAC-alpha	Differential	AKT1 variant 1	-1.08794	0.017001	1.191045	0.008689	1.07189	0.008689	1.676531	0			
2	1564_at	AKT1	5-protein	Proteinase	AKT1 variant 2	-1.08794	0.017001	1.191045	0.008689	1.07189	0.008689	1.676531	0			

[Genes/Network object of]のExport結果。ファイルにはInput ID、Gene Symbol、実験値等の他に、Cortellis Drug Discovery Intelligence Biomarker moduleに情報が収録されている分子に関する情報もExportされます。

7

Interactions Report													Peor. fold. chang			
From													s. all. S21P=S21N	s. all. S23P=S23N	s. all. S24P=S24N	s. all. S25P=S25N
#	Network Object	Object Type	Network Object ID	Object Type	Effect	Mechanism	Homo sapiens	Link info	Reference	Input ID	Signal	p-value	Signal	p-value	Signal	p-value
1	AKT1	Protein kinase	AKT1	Protein kinase	Inhibition	Phosphorylation	x	The amino terminus of	1564_at	-1.08794	0.017001	1.191045	0.008689	1.07189	0.008689	1.676531
2	IGF1R	Genetic receptor	IGF1R	Genetic receptor	Activation	Binding	x	IGF1R	1673_at	-2.34358	0.11719	1.100197	0			
3	PLA2G4A	Genetic protease	PLA2G4A	Genetic protease	Activation	Cleavage	x	PLA2G4A	1673_at	-2.34358	0.11719	1.100197	0			
4	AKT1	Protein kinase	AKT1	Protein kinase	Inhibition	Phosphorylation	x	AKT1	1673_at	-2.34358	0.11719	1.100197	0			
5	IGF1R	Genetic receptor	IGF1R	Genetic receptor	Activation	Binding	x	IGF1R	1673_at	-2.34358	0.11719	1.100197	0			

[Interactions]のExport結果。ファイルにはFromとToの分子名、効果やメカニズムの他、出典文献のPubMed IDもExportされます。

8

Enrichment analysis report													Peor. fold. chang			
Enrichment by Pathway Maps													s. all. S21P=S21N	s. all. S23P=S23N	s. all. S24P=S24N	s. all. S25P=S25N
#	Maps	Total	enrichment	Min FDR	p-value	FDR	in Data	Network Objects	p-value	FDR	in Data		p-value	p-value	p-value	p-value
1	Role of neurotrophins in activation of p53 in minor depressive disorder	39	4.47E-08	3.07E-05	7.08E-02	3.267E-01	3	TRAC, Caspase-9	3.237E-02	1.891E-01	4					
2	Cell adhesion, Chemokines and adhesion	100	2.950E-06	5.801E-04	3.707E-02	2.503E-01	5	PTEN, IL-8, Adrenomedullin	1.081E-03	3.820E-02	10					
3	CD44 regulation of cytokine/chemokine expression in inflammation	50	2.957E-04	1.291E-03	7.530E-03	1.258E-01	5	IL-8, IL-1, Adrenomedullin	2.095E-05	1.271E-02	9					
4	Immune response, IL-15 signaling	64	4.517E-06	1.291E-03	4.817E-03	1.095E-01	6	IL-15, PKBP12	7.881E-04	3.820E-02	8					
5	Immune response, HSP90A signaling pathway	53	5.159E-06	1.291E-03	9.617E-03	1.312E-01	5	IL-8, Secretogranin	5.853E-03	8.686E-02	6					

[Table as is]のExport結果。ファイルにはp-valueなどの情報の他、含まれる分子名などもExportされます。

[Exportする形式と項目について]

- Export機能ではExcel形式以外にもExportする形式や項目を選択可能です。

Name:

To:

Excel

Select columns to export

Genes/Network object of

Interactions

Table as is

☒ Homo sapiens

List

Experiments

Excel

Resolver

GeneSpring

Decision Site

☐ MetaCore Data

☒ Input IDs

☒ Network Object Name

☒ Custom ID Types

☒ Gene Symbol

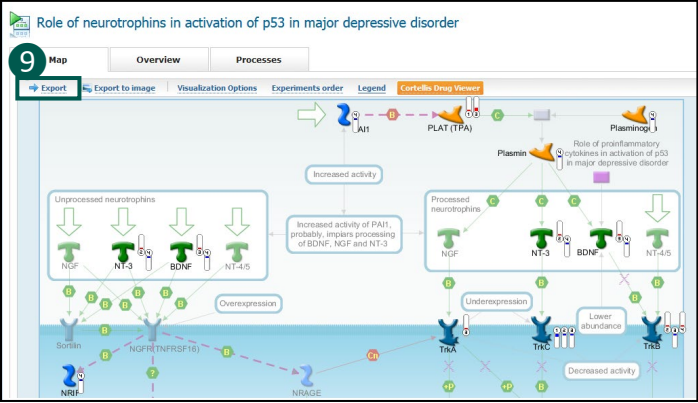
☐ Gene Name

☐ Gene Synonyms

- Excel形式以外にもExportする形式を選択可能です。
 - List：チェックボックスにチェックを入れたマップ等に含まれる分子のリストをStart PageのGENE LISTSフォルダ内にExportする。これらの分子を用いてBuild Network等の追加の解析が可能。
 - Experiments：チェックボックスにチェックを入れたマップ等に含まれる分子のリストをStart PageのEXPERIMENTSフォルダ内にExportする。これらの分子を用いてエンリッチメント解析等の追加の解析が可能。
 - Resolver, GeneSpring, Decision Site：XML形式など、それぞれの外部ツールにアップロード可能な形式でExportする。

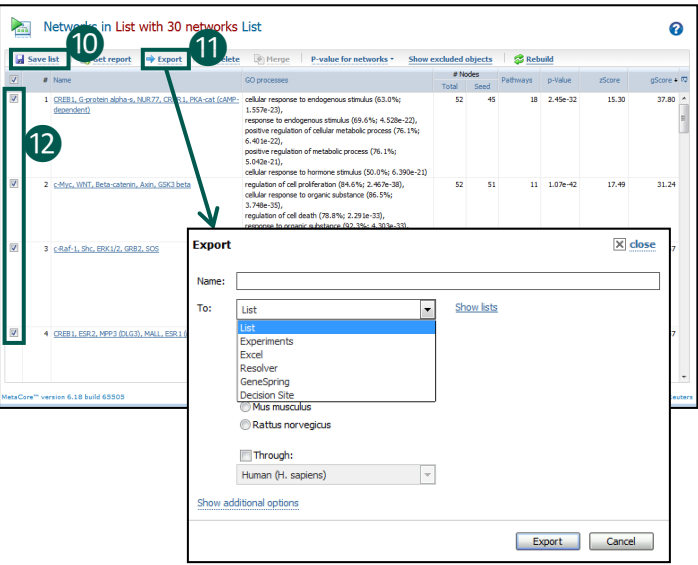
- Excel形式でExportした場合にはExportする項目を選択可能です。[Genes/Network object of]と[Interactions]それぞれで項目は異なります。

パスウェイマップの保存手順



9 Pathway Map画面の左上の[Export]をクリック。クリック後の手順は本資料のこれまでのページをご参照ください。

Build Networkの結果を保存する手順

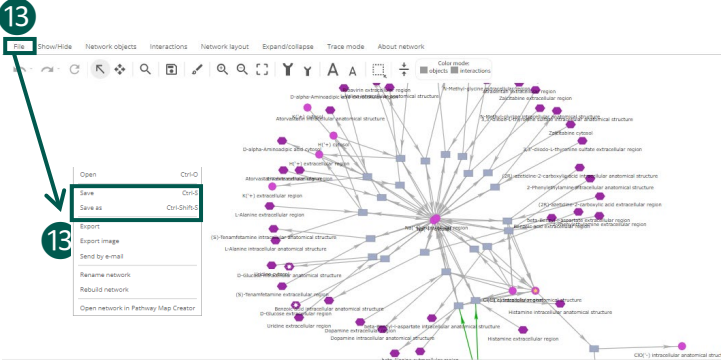


10 結果のリストそのものを保存する場合、保存したいネットワークにチェックを入れる。

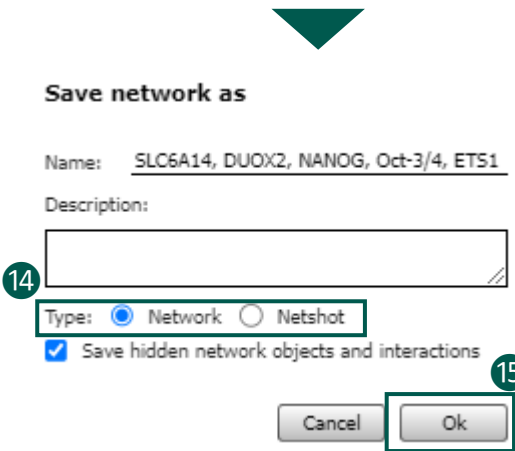
11 [Save list]をクリック。Start PageのMy Data / NETWORKS LISTSフォルダに指定した結果リストが保存されます。

12 選択したネットワークについて、含まれる分子名や相互作用をExcel形式や再解析可能な形式でMetaCore内にExportしたい場合。保存したいネットワークにチェックを入れた後に[Export]をクリック。クリック後の手順は本資料のこれまでのページをご参照ください。

ネットワークマップの保存手順

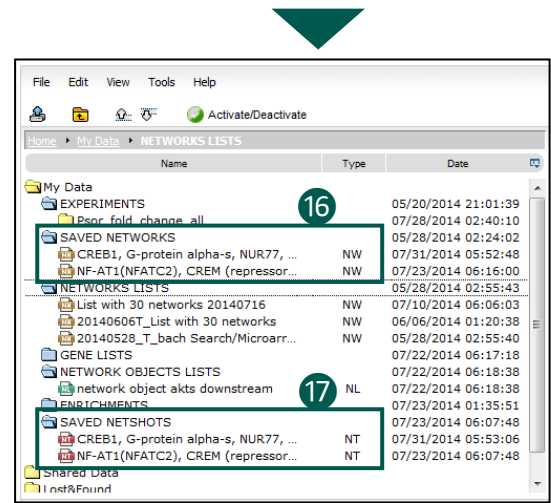


13 構築したネットワークマップ上部の[File]から[Save]または[Save as]を選択。あるいは、Toolbarのアイコンをクリック。



- 14 ネットワークの保存のTypeを選択。
Typeはそれぞれ以下の特徴を持ちます。
- [Network] : 次回保存したネットワークを開いた際は、MetaCoreのアップデートされた最新の分子間相互作用の情報に基づきネットワークが表示。
 - [Netshot] : 次回保存したネットワークを開いた際に、最新の分子間相互作用のデータは反映されず、保存した時の内容で表示。

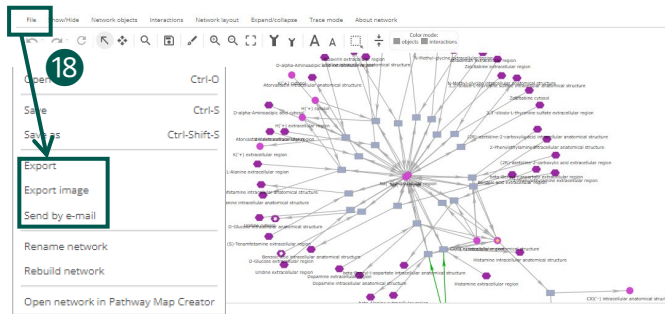
- 15 [OK]をクリック。



- 16 Networkを選び保存した場合、保存先は、My Data / SAVED NETWORKSフォルダ。

- 17 Netshotを選び保存した場合、保存先は、My Data / SAVED NETSHOTSフォルダ。

ネットワークマップのExport手順



- 18 Export方法を選んでクリック。
以下の3つから選択できます。
- Export : ネットワークマップ内の分子名及び相互作用情報をExcelなどの選択した形式でExport
 - Export Image : ネットワークマップのイメージ画像をPNG形式で出力
 - Send by e-mail : ネットワークマップのイメージ画像を指定したメールアドレスに送信



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