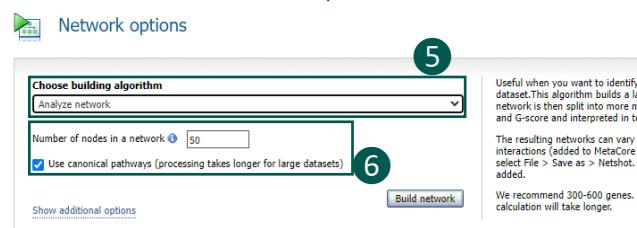
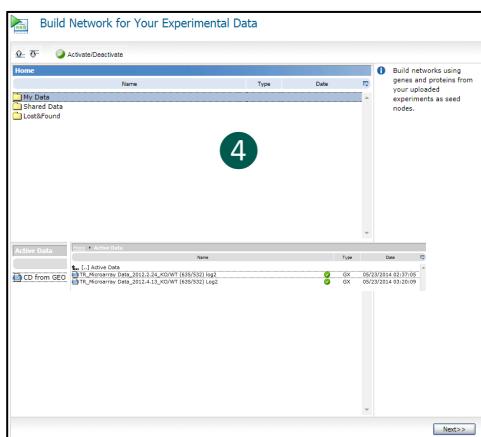
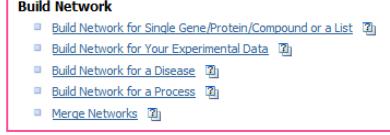
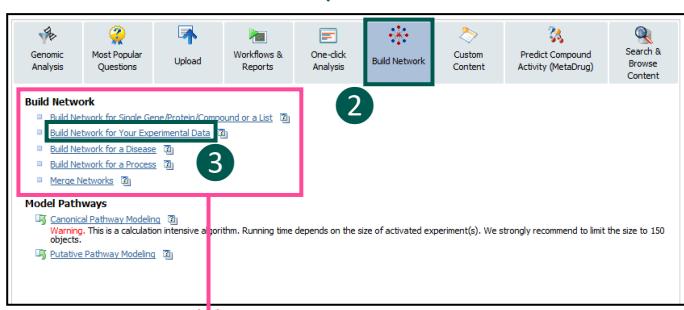


実験データのネットワーク解析 (Analyze Network)

この資料では、解析対象とする実験データに対してまず大規模なネットワークを構築し、そこから幾つかのクラスター（サブネットワーク）に分けて可能性のあるメカニズムを探し出すアルゴリズム（Analyze Network）をご紹介します。ネットワーク構築の手順は幾つかありますが、ここではStart Pageの[Build Network]からネットワーク構築を行います。

データを使ったネットワーク構築の手順



1 解析したいデータをActivateする。
ネットワーク構築では解析途中で閾値の設定ができません。必要に応じてQuick Guide Series No.3を参照し閾値の設定を行ってください。

2 Start Pageの[Build Network]を選択します。

3 [Build Network for Your Experimental Data]をクリックします。Build Networkにはデータの種類などに応じて複数の解析を選択可能です。

- Ⓐ > Build Network for Single Gene/ Protein/ Compound or a list : 指定した遺伝子、タンパク質、化合物をseed nodeとしてネットワークを構築
- > Build Network for Your Experimental Data : 実験データに含まれる分子をseed nodeとしてネットワークを構築
- > Build Network for a Disease : 疾患と関連する遺伝子、タンパク質、RNAをseed nodeとしてネットワークを構築
- > Build Network for a Process : 細胞レベルでの生物学的プロセス (cellular process) と関連する遺伝子・ネットワークをseed nodeとしてネットワークを構築
- > Merge Networks: 複数のネットワークを合わせてネットワークを再構築

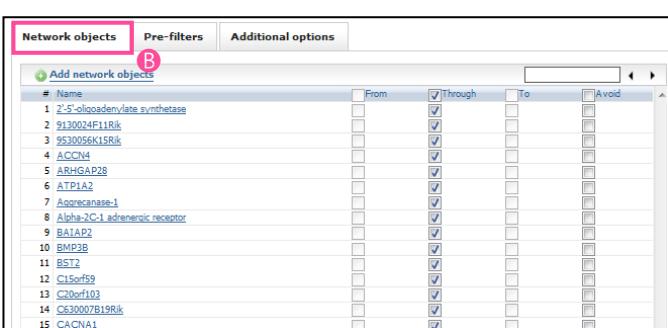
4 Build Network for Your Experimental Data画面。予めデータを選択していない場合はここでデータを選択します。既にデータが選択されている場合はそのまま[Next]をクリックします。

5 Network options画面。ネットワーク構築のアルゴリズムから[Analyze network]を選択します。

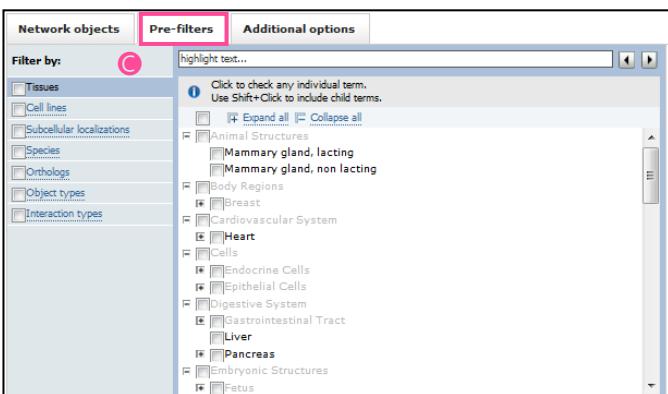
6 ネットワークのノード数、及びネットワーク構築にカノニカルパスウェイを含めるかどうかを指定します。



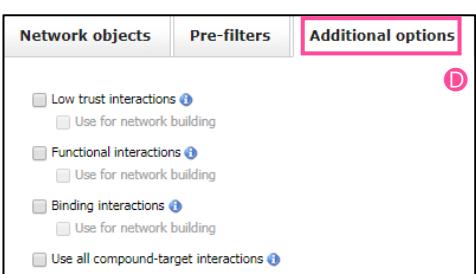
7 [Show additional options]をクリックし、必要に応じてフィルター等の設定を行います。
[Network objects], [Pre-filters], [Additional options]のタブが現れ、それらについてそれぞれ設定が可能です。



B Network objectsタブ：各分子がどのような位置でネットワークに存在するかを指定できます。



C Pre-filtersタブ：ネットワーク構築前のデータに対してフィルターをかけることができます。フィルターには、Tissues, Cell lines, Subcellular localizations, Species, Orthologs, Object types, Interaction Typesの7種類があり、例えば「Tissues→Liver」のみを選択した場合、データベース内で「肝臓へ局在」という情報が紐づいている分子のみでネットワークが構築されます。



D Additional optionsタブ：ネットワーク構築に際し、追加的なオプションです。

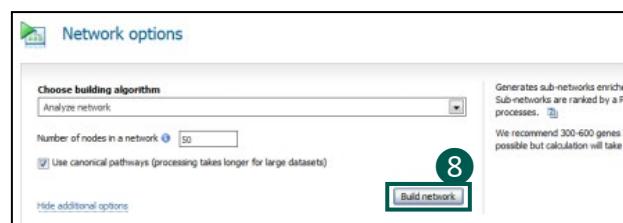
Low trust interactions : trust levelの低い相互作用も表示します。さらに、これらの相互作用はアルゴリズムには含まれませんが、あえて含みたい場合は、Use for network buildingに✓を入れます。

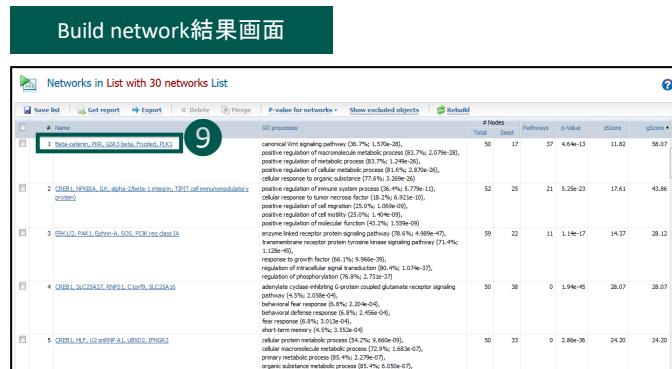
Functional interactions : 機能に影響する相互作用も表示します。これらの相互作用はアルゴリズムには含まれませんが、あえて含みたい場合は、Use for network buildingに✓を入れます。

Binding interactions : 影響が明らかになっていない相互作用も表示します。これらの相互作用はアルゴリズムには含まれませんが、あえて含みたい場合は、Use for network buildingに✓を入れます。

Use all compound-target interactions : ネットワーク構築に、収録された全てのcompound-target相互作用を用います。

8 [Build network]をクリック。

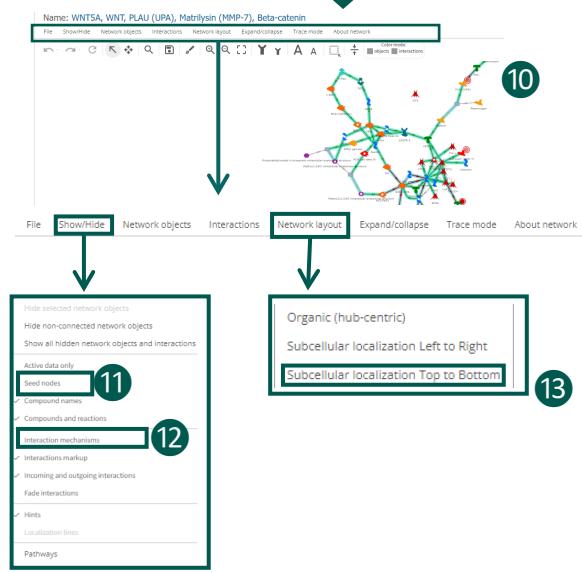




⑨ 解析によりサブネットワークが選ばれ、g-Score順にランキングを表示します。ネットワーク名をクリックします。

解析結果画面では以下の項目が表示されます。

- Name : ネットワークの主要構成要素を記載したネットワーク名。
- GO Processes : GO Processに基づいたネットワークと関連性の高いプロセス名。
- #Nodes : ネットワーク中の総ノード数、及びそのうちのSeed Node数。
- Pathways : 構築されたネットワークに含まれるCanonical Pathways数。
- p-Value : 構築されたネットワークが偶然得られる確率。
- zScore : 構築されたネットワーク内に実験データ内の分子がどれだけ含まれるかを表すスコア。
- gScore : 構築されたネットワーク内に実験データ内の分子、及びカノニカルパスウェイがどれだけ含まれるかを表すスコア。



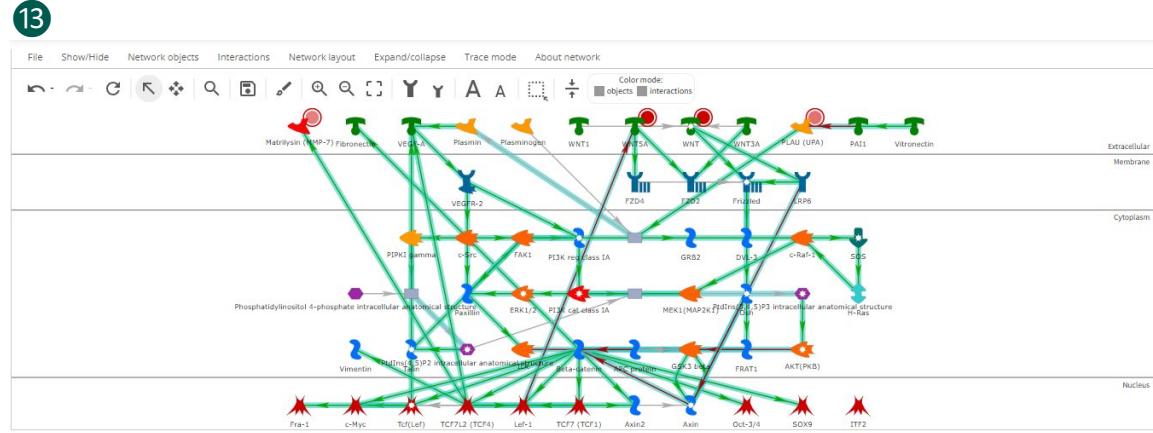
10 ネットワークマップ画面では各種表示機能を適用可能です。

11 [Show/Hide]をクリックし、[Seed node]を選択すると、解析対象となった分子が青色の円で囲われます。

12 [Show/Hide]をクリックし、[Interaction mechanisms]を選択すると、相互作用を示すエッジに、効果やメカニズムの情報が追加されます。

13 [Network Layout]をクリックし[Subcellular localization Top to Bottom]を選択すると、相縦方向に局在を反映してネットワークが再構成されます。

※ネットワークの解析に役立つ各種機能やツールバーの使用法については、Quick Guide Series No. 10をご参照ください。



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