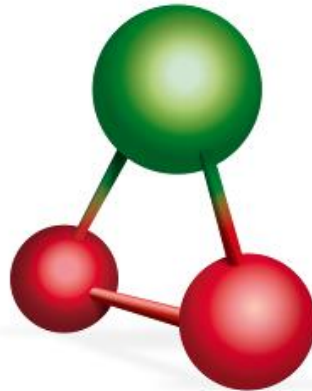
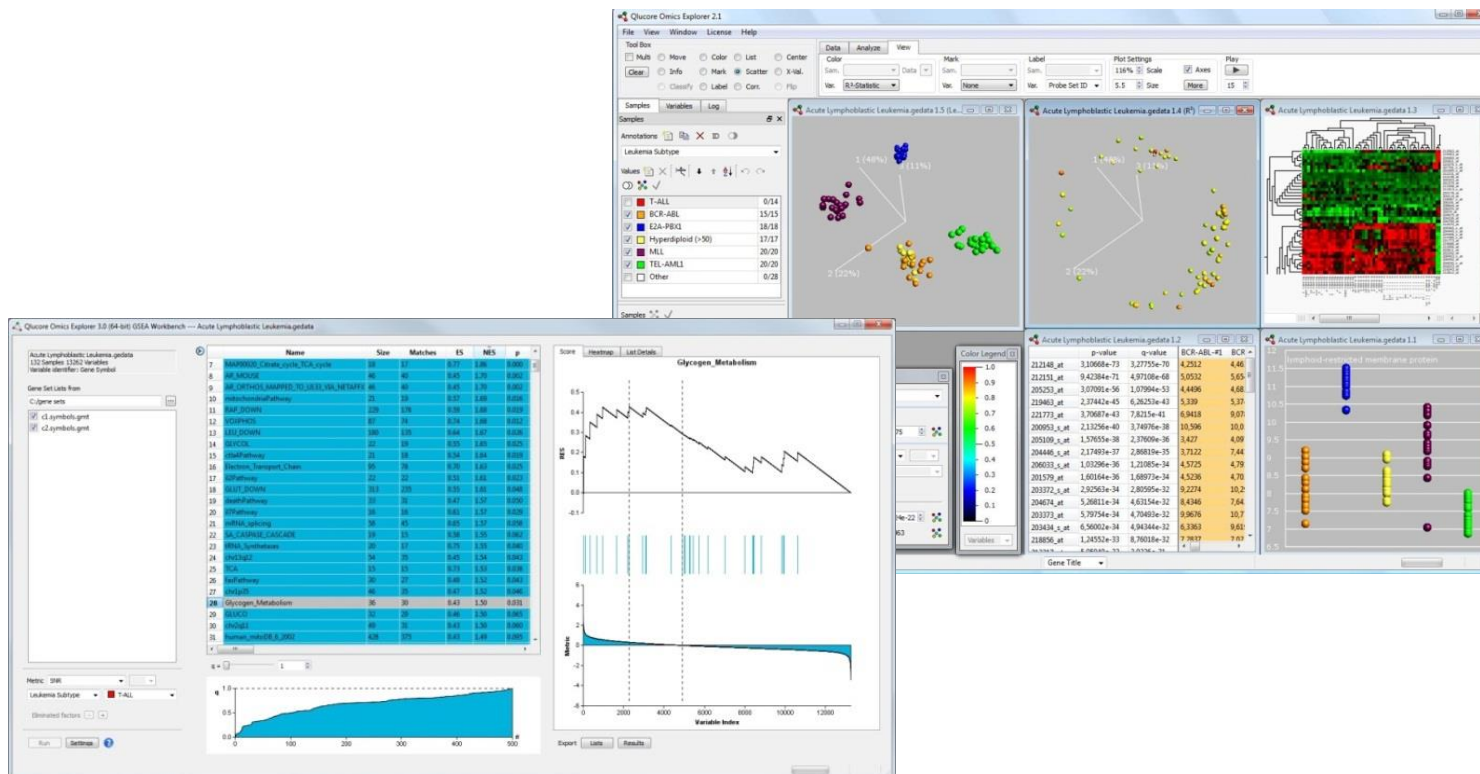


Qlucore Omics Explorerを用いた 遺伝子発現解析

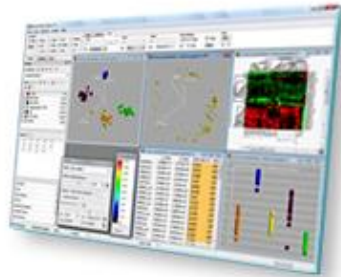


フィルジエン株式会社 バイオサイエンス部
(biosupport@filgen.jp)

- Qlucore社（スウェーデン）の開発した、オミクスデータ解析用ソフトウェア
- DNAマイクロアレイやRNA-Seqなど、様々なフォーマットの遺伝子発現データの解析が可能
- Affymetrix社, Agilent社の遺伝子発現解析用マイクロアレイに対応
- 強力な統計解析アルゴリズムと、データのビジュアライゼーション機能を搭載



- .txt.gz →
- .chp →
- .txt →
- .gedata →
- .cel →
- .soft.gz →

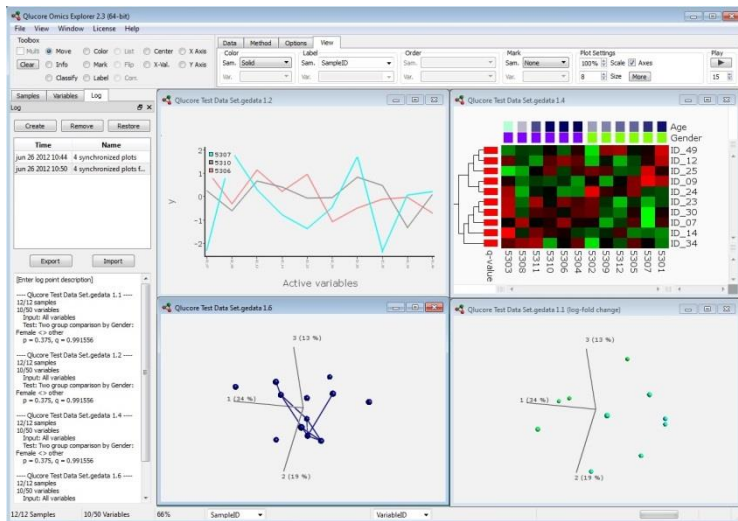


対応データファイル

- **Affymetrix GeneChip WT, 3' Array**
→ .celファイル .chpファイル
- **Affymetrix GeneChip miRNA Array**
→ .chpファイル
- **Affymetrix GeneChip Annotation file**
→ NetAffxデータ自動ダウンロード
- **Agilent Gene Expression Array**
→ .txtファイル (Feature Extractionソフトウェア出力ファイル)
- **RNA-Seq**
→ .bamファイル
- **GEO Data Set**
→ .softファイル
- **その他カスタムフォーマットファイル**
→ .txtファイル

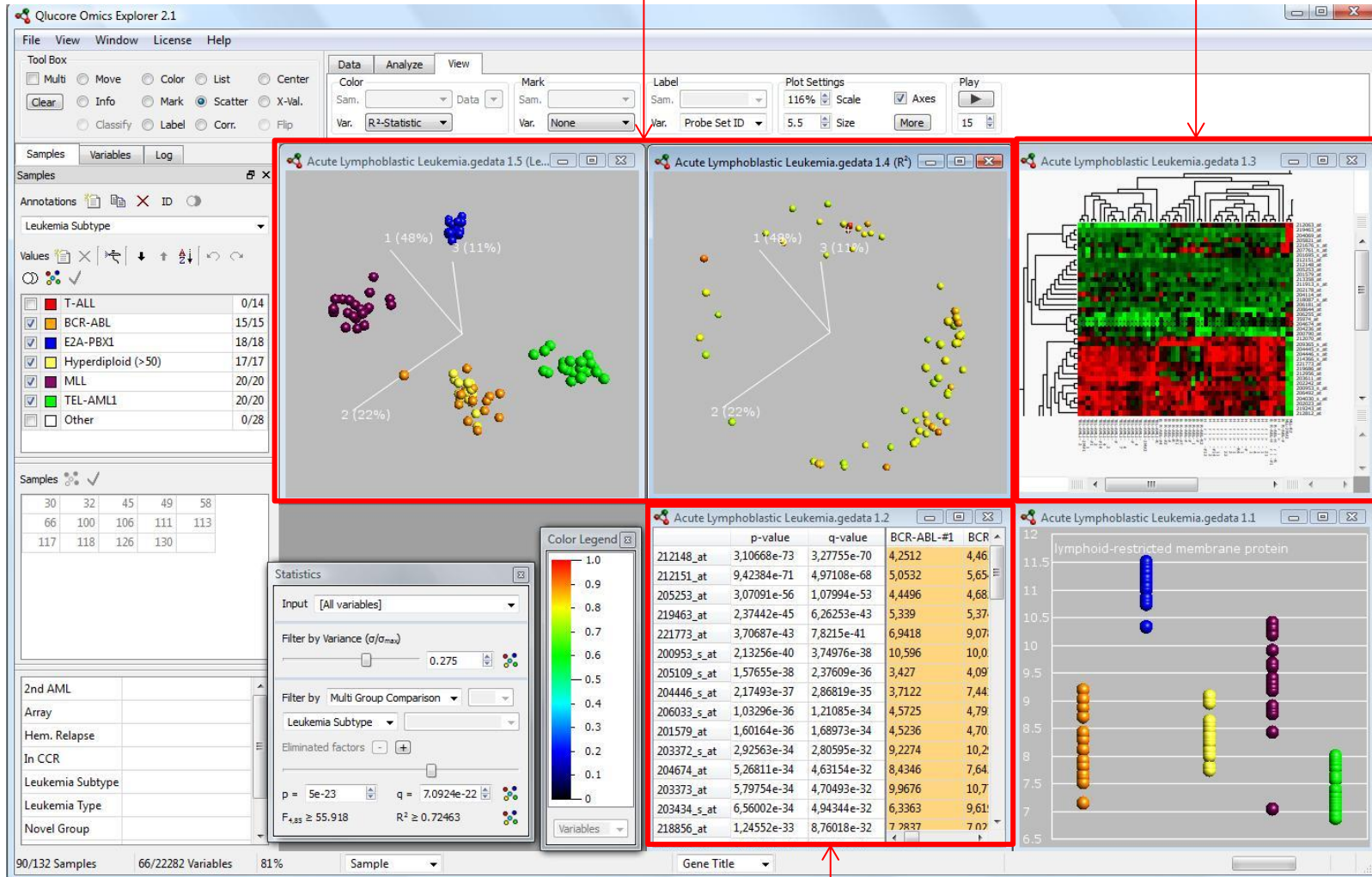
対応アプリケーション

- **Affymetrix社マイクロアレイデータのノーマライゼーション**
→ RMA, PLIER
- **Agilent社マイクロアレイデータのノーマライゼーション**
→ Percentile shift, Scale, Quantile
- **RNA-Seqデータのノーマライゼーション**
→ TMM
- **発現変動遺伝子の統計解析**
→ t-test, ANOVA, Linear regression, Rank regression ...など
- **データのビジュアライゼーション**
→ Heat Map, PCA plot, Scatter plot, Box plot, ヒストグラム ...など
- **階層型クラスタリング解析**
- **Gene Ontology (GO) Browser**
- **Gene Set Enrichment Analysis (GSEA)**



PCAプロット

ヒートマップ・階層型クラスタリング



テーブルデータ

データファイルのインポート およびノーマライゼーション

- Affymetrix社マイクロアレイデータのインポート/ノーマライゼーション
- Agilent社マイクロアレイデータのインポート/ノーマライゼーション
- RNA-Seqデータのインポート/ノーマライゼーション
- GEO登録サンプルデータのインポート
- その他カスタムフォーマットデータのインポート

データ表示形式の変更 およびデータの分類

- PCAプロット
- ラインプロット
- ヒートマップ（階層型クラスタリング）
- ボックスプロット
- スキャタープロット
- ヒストグラム
- テーブルデータ

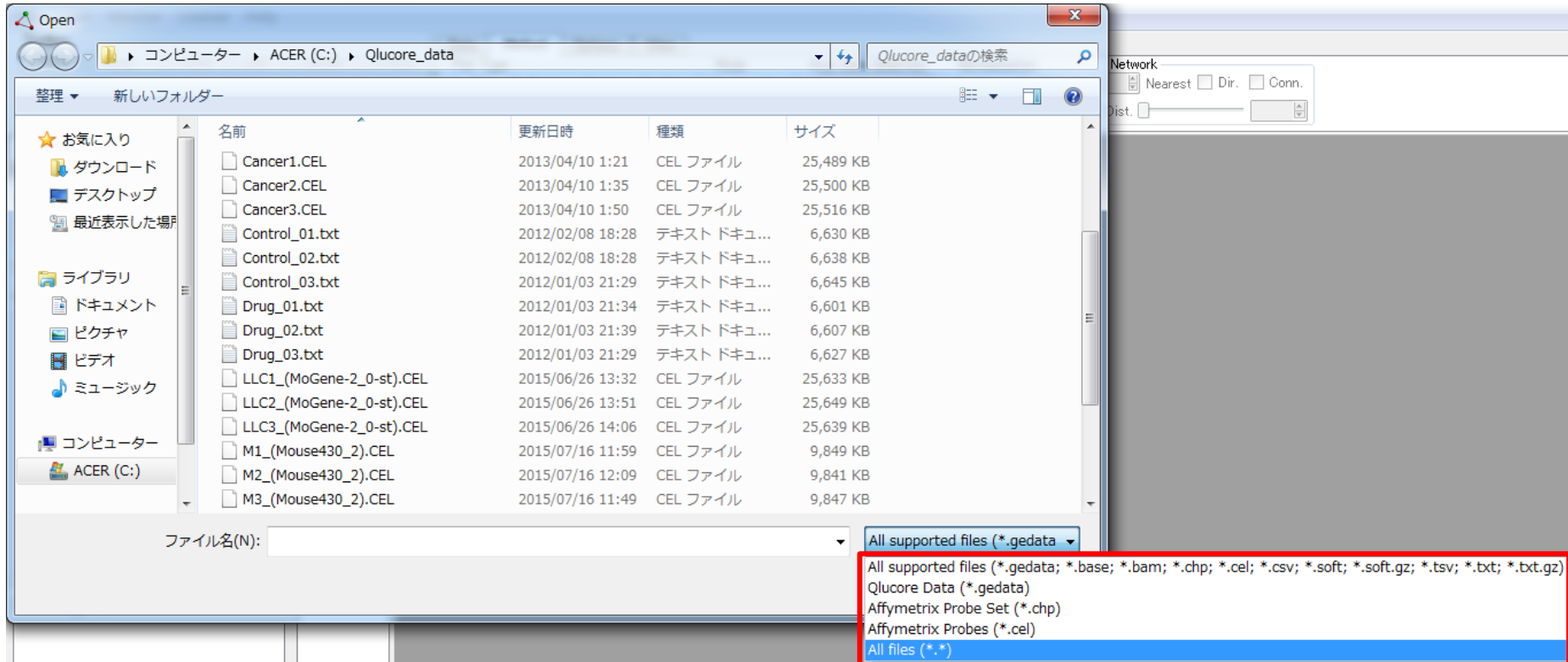
発現変動データの抽出

- Varianceフィルター
- t-test
- Linear Regression
- Rank Regression
- Fold Changeフィルター
- F-test
- Quadratic Regression
- FDR

遺伝子セット解析

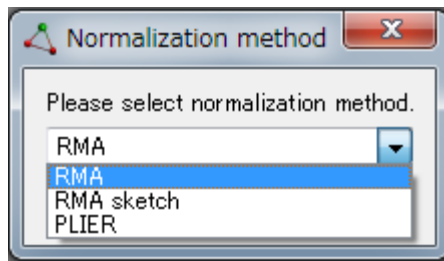
- Gene Set Enrichment Analysis (GSEA)

データのインポート

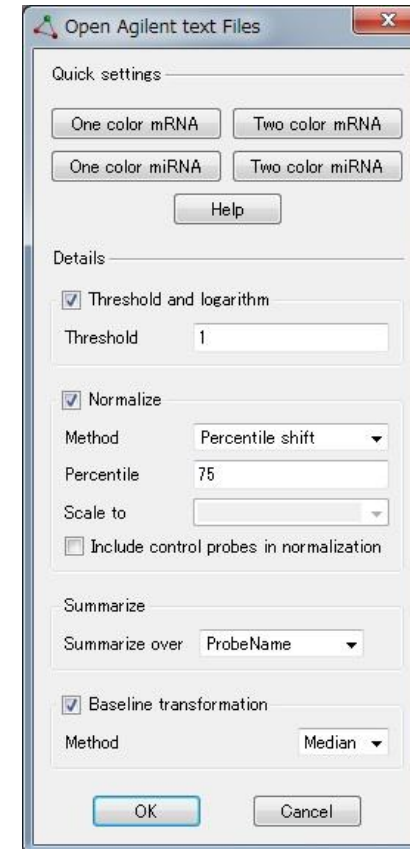


- Affymetrix社GeneChip WT Arrayまたは3' Arrayでは、CELファイルまたはCHPファイルの2種類のファイルからインポート可能。
- Agilent社マイクロアレイの場合は、Feature Extraction Software出力のTXTファイルをインポート可能。

Affymetrix社マイクロアレイ

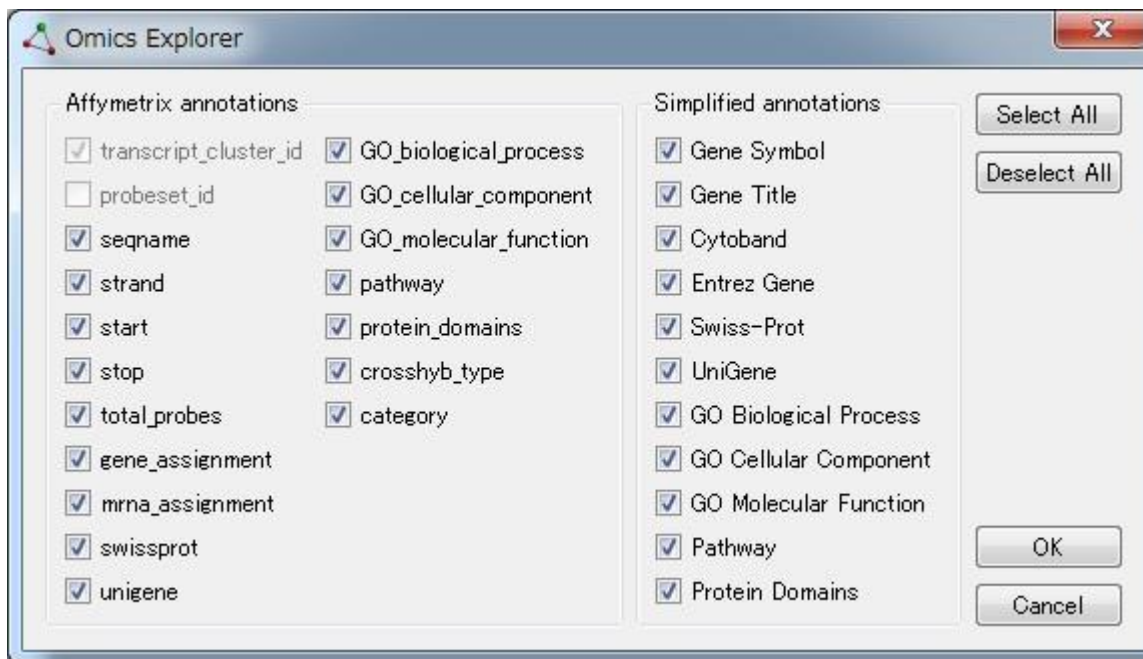


Agilent社マイクロアレイ

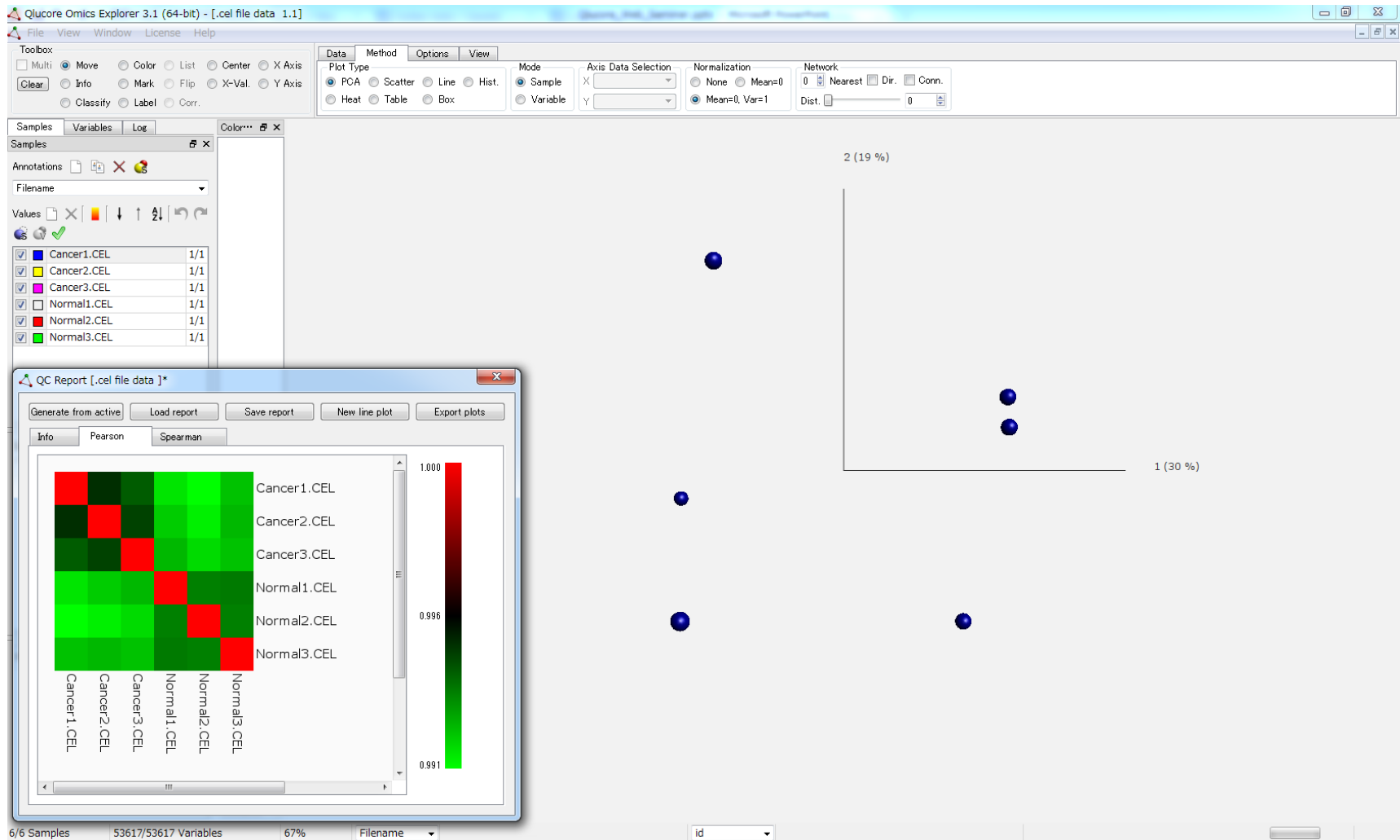


- Affymetrix社、Agilent社のマイクロアレイデータをインポートした場合は、インポート時にノーマライゼーションを行うことが可能。

* 一部、対応していないマイクロアレイもあります。

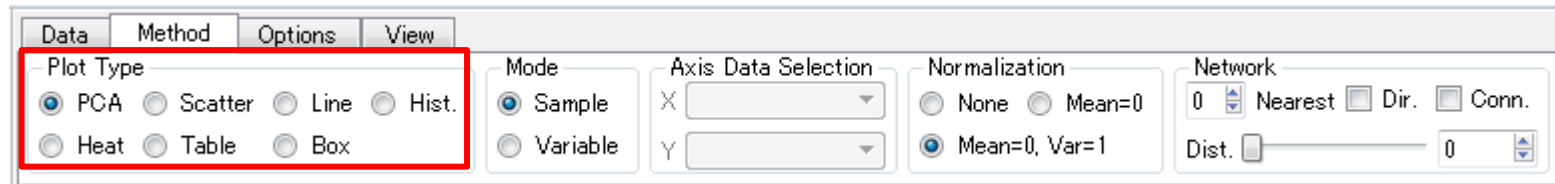


- Affymetrix社NetAffxのユーザー登録を行ってれば、データインポート時にアノテーションデータも同時にダウンロードが可能。



- データがインポートされ、サンプル間の相関係数をヒートマップ表示した、QCレポートが表示される。

- Plot Typeで、データの表示形式を選択。



- **PCA** – 主成分分析 (Principal Component Analysis) プロット
- **Scatter** – スキャタープロット
- **Line** – ラインプロット
- **Hist.** – ヒストグラム
- **Heat** – ヒートマップ、階層型クラスタリング
- **Table** – データテーブル
- **Box** – ボックスプロット

Table

Data Method Options View

Plot Type

PCA Scatter Line Hist.

Heat Table Box

データテーブル

Samples Variables Log Color...

Variables

Variable Lists

Search 0 0

.cel file data... 53617 0

Acute Lymph... 22282 22282

Variable IDs

| Probe Set ID | |
|--------------|-----------|
| 6366 | 206840_at |
| 6367 | 206841_at |
| 6368 | 206842_at |
| 6369 | 206843_at |
| 6370 | 206844_at |

Variables 1 / 1: 6367

binding // inferred from electronic annotation

Gene Symbol PDE6H

Gene Title phosphodiesterase 6H, cGMP-specific, cone, gamma

Pathway ---

Probe Set ID 206841_at

| | p-values | q-values | BCR-ABL-#1 | BCR-ABL-#2 | BCR-ABL-#3 | BCR-ABL-#4 | BCR-ABL-#5 | BCR-ABL-#6 | BCR-ABL-#7 | BCR-ABL-#8 |
|-------------|----------|----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| 1007_s_at | | | 8.2274 | 8.9028 | 8.3486 | 8.6085 | 8.3899 | 8.5004 | 8.5655 | 8.5446 |
| 1053_at | | | 6.3756 | 6.3971 | 6.0489 | 6.4015 | 6.3959 | 6.2489 | 6.5985 | 6.6706 |
| 117_at | | | 5.9308 | 5.9851 | 6.161 | 6.0845 | 6.2063 | 6.2017 | 6.2112 | 5.9789 |
| 121_at | | | 8.1127 | 8.8973 | 8.415 | 9.1368 | 8.0567 | 9.0232 | 9.2633 | 8.7629 |
| 1255_q_at | | | 3.2107 | 3.9817 | 3.8234 | 3.9477 | 4.1803 | 3.9452 | 4.187 | 4.0547 |
| 1294_at | | | 7.9314 | 7.9844 | 7.2872 | 7.9402 | 8.0426 | 8.333 | 8.006 | 7.9517 |
| 1316_at | | | 5.3326 | 5.5543 | 5.2852 | 5.3856 | 5.2549 | 5.4042 | 5.2013 | 5.6764 |
| 1320_at | | | 4.4485 | 4.6805 | 4.3694 | 4.1839 | 4.1147 | 4.0026 | 4.1792 | 4.5108 |
| 1405_i_at | | | 5.4085 | 6.6012 | 5.2447 | 6.0363 | 5.4612 | 5.397 | 7.3696 | 5.244 |
| 1431_at | | | 3.951 | 4.4336 | 4.3465 | 4.3158 | 4.1674 | 4.1166 | 4.0921 | 4.2429 |
| 1438_at | | | 5.6355 | 5.729 | 6.0355 | 5.5945 | 5.399 | 5.6542 | 5.6239 | 5.8176 |
| 1487_at | | | 5.981 | 6.1662 | 5.8991 | 6.0145 | 6.0378 | 5.9266 | 5.7934 | 6.0982 |
| 1494_f_at | | | 6.3512 | 6.828 | 6.23 | 6.152 | 5.979 | 6.5308 | 6.503 | 6.4521 |
| 1598_q_at | | | 8.1306 | 7.775 | 7.9344 | 7.759 | 7.6447 | 7.5411 | 7.6227 | 7.7768 |
| 160020_at | | | 5.9581 | 6.0711 | 5.94 | 6.2536 | 6.1063 | 6.1615 | 6.0921 | 6.2429 |
| 1729_at | | | 6.7289 | 6.8574 | 6.6939 | 6.7027 | 6.7447 | 6.89 | 6.8672 | 6.7881 |
| 1773_at | | | 5.3923 | 5.7928 | 5.5348 | 5.6225 | 5.6662 | 5.5109 | 5.5824 | 5.4693 |
| 177_at | | | 5.7858 | 6.1102 | 5.8329 | 5.7784 | 5.8562 | 5.8123 | 5.4542 | 5.6595 |
| 179_at | | | 8.142 | 8.3073 | 7.9645 | 7.7904 | 7.8331 | 7.8117 | 7.9535 | 8.2189 |
| 1861_at | | | 4.4309 | 4.563 | 4.8754 | 4.4345 | 4.3887 | 4.5093 | 4.5218 | 4.7005 |
| 200000_s_at | | | 8.2124 | 8.0895 | 8.3879 | 7.9904 | 7.4651 | 7.9694 | 7.9584 | 8.2685 |
| 200001_at | | | 8.8685 | 8.0397 | 8.3833 | 8.4526 | 8.5924 | 8.9246 | 8.72 | 8.7301 |
| 200002_at | | | 11.144 | 11 | 10.429 | 10.881 | 10.924 | 11.045 | 11.082 | 10.876 |
| 200003_s_at | | | 11.641 | 11.751 | 11.726 | 11.612 | 11.701 | 11.712 | 11.714 | 11.622 |
| 200004_at | | | 10.411 | 10.21 | 9.6422 | 9.9579 | 9.7374 | 9.8211 | 9.6321 | 9.6443 |
| 200005_at | | | 9.1616 | 8.9665 | 9.6663 | 9.6152 | 9.3095 | 9.4377 | 9.2683 | 9.297 |
| 200006_at | | | 9.4813 | 8.8084 | 9.1021 | 9.3359 | 9.3932 | 9.3631 | 9.2118 | 9.057 |
| 200007_at | | | | | | | | | | |

132/132 Samples 22282/22282 Variables

Sample = BCR-ABL-#8 Probe Set ID = 1320_at

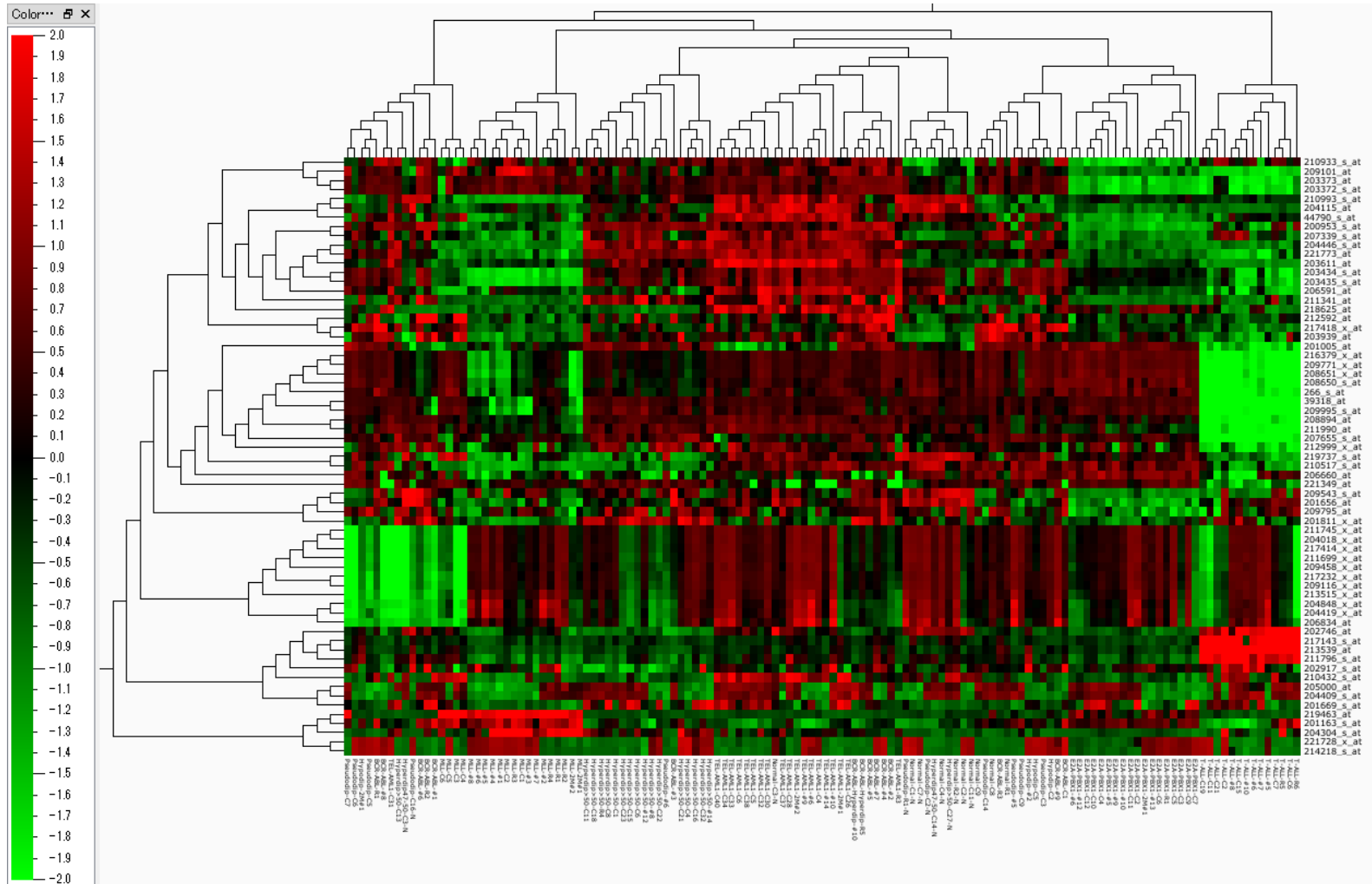
アノテーションデータ

Data
Method
Options
View

Plot Type

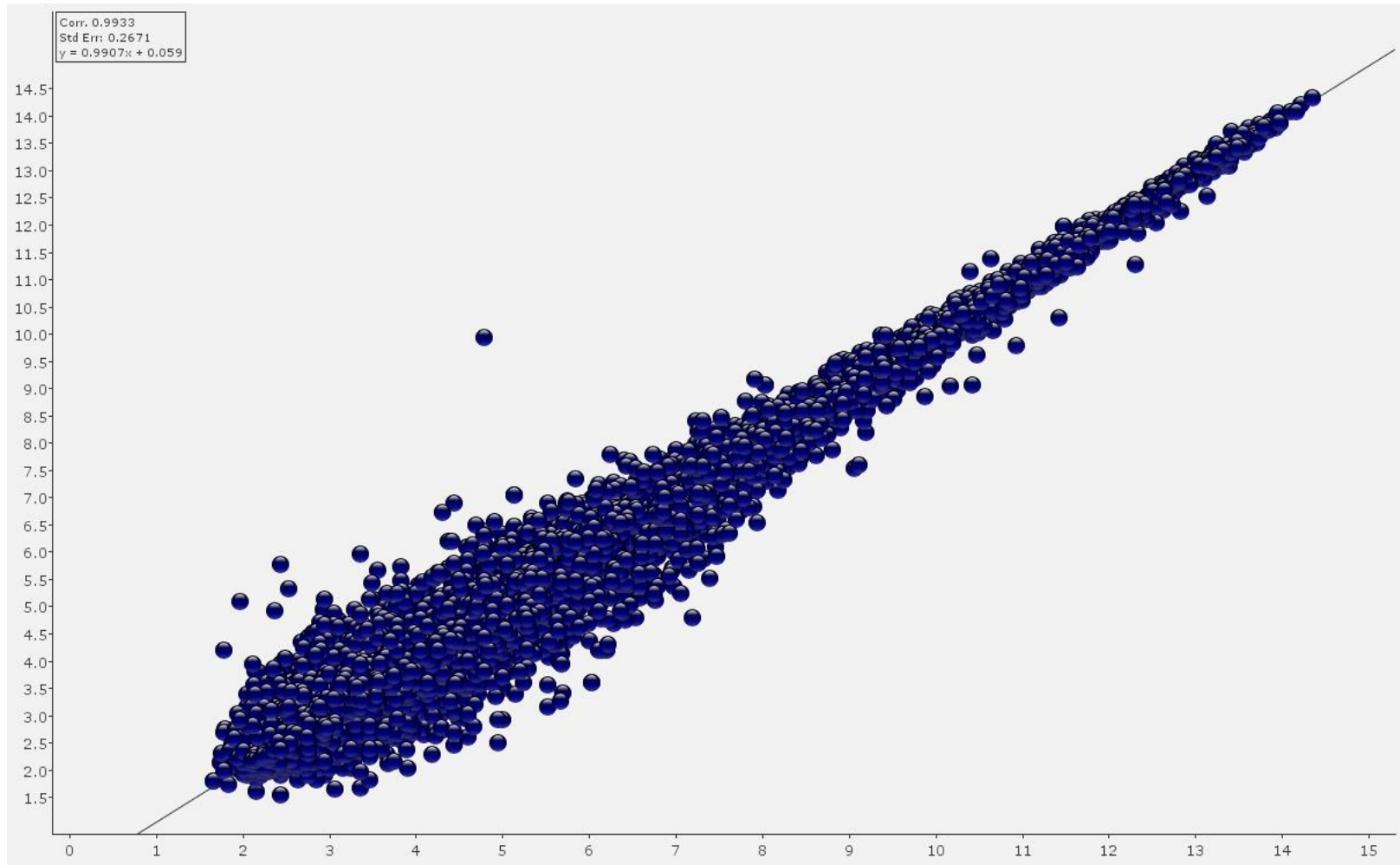
PCA
 Scatter
 Line
 Hist.

Heat
 Table
 Box



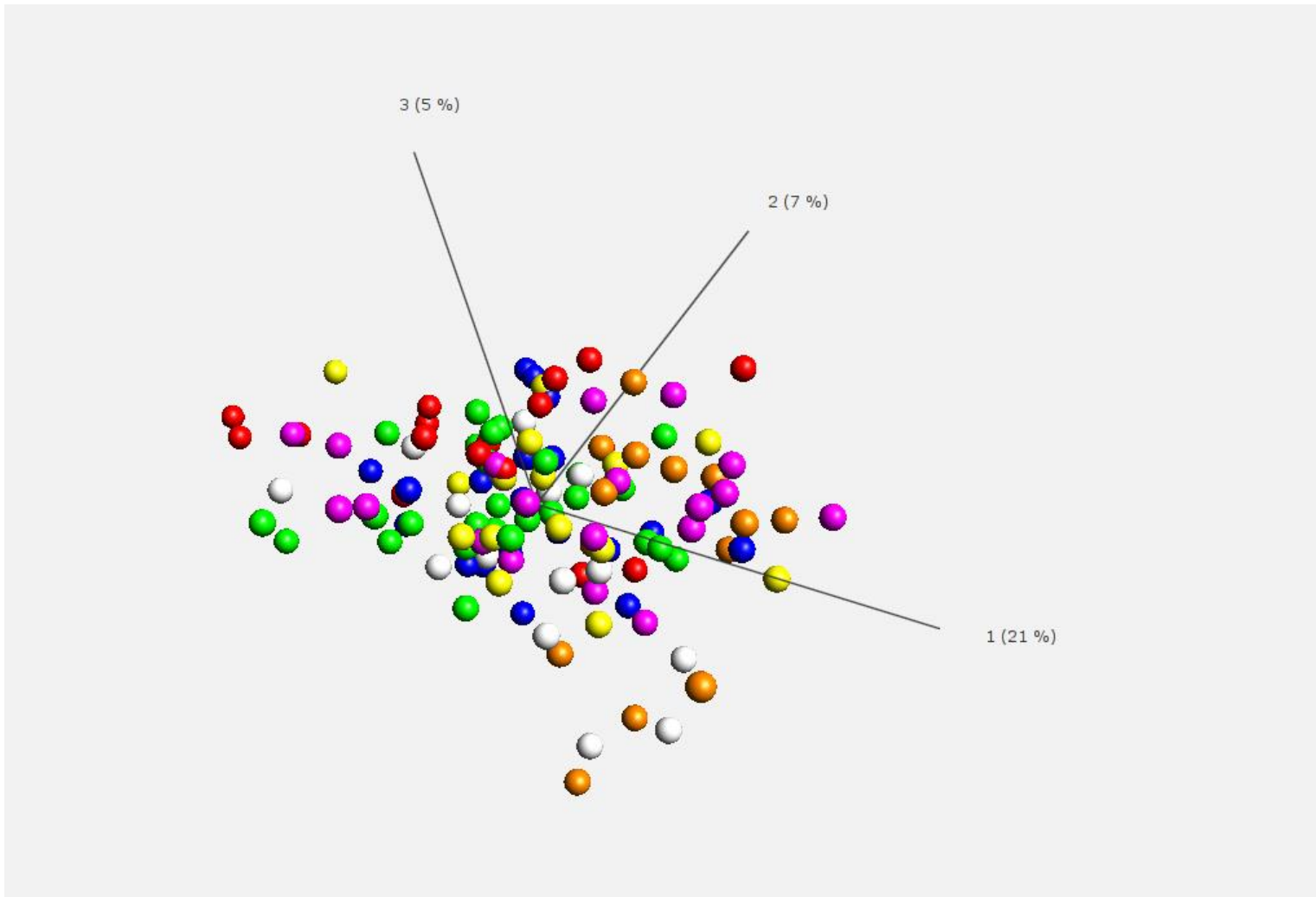
Scatter

| | | | |
|----------------------------|--|----------------------------|-----------------------------|
| Data | Method | Options | View |
| Plot Type | | | |
| <input type="radio"/> PCA | <input checked="" type="radio"/> Scatter | <input type="radio"/> Line | <input type="radio"/> Hist. |
| <input type="radio"/> Heat | <input type="radio"/> Table | <input type="radio"/> Box | |



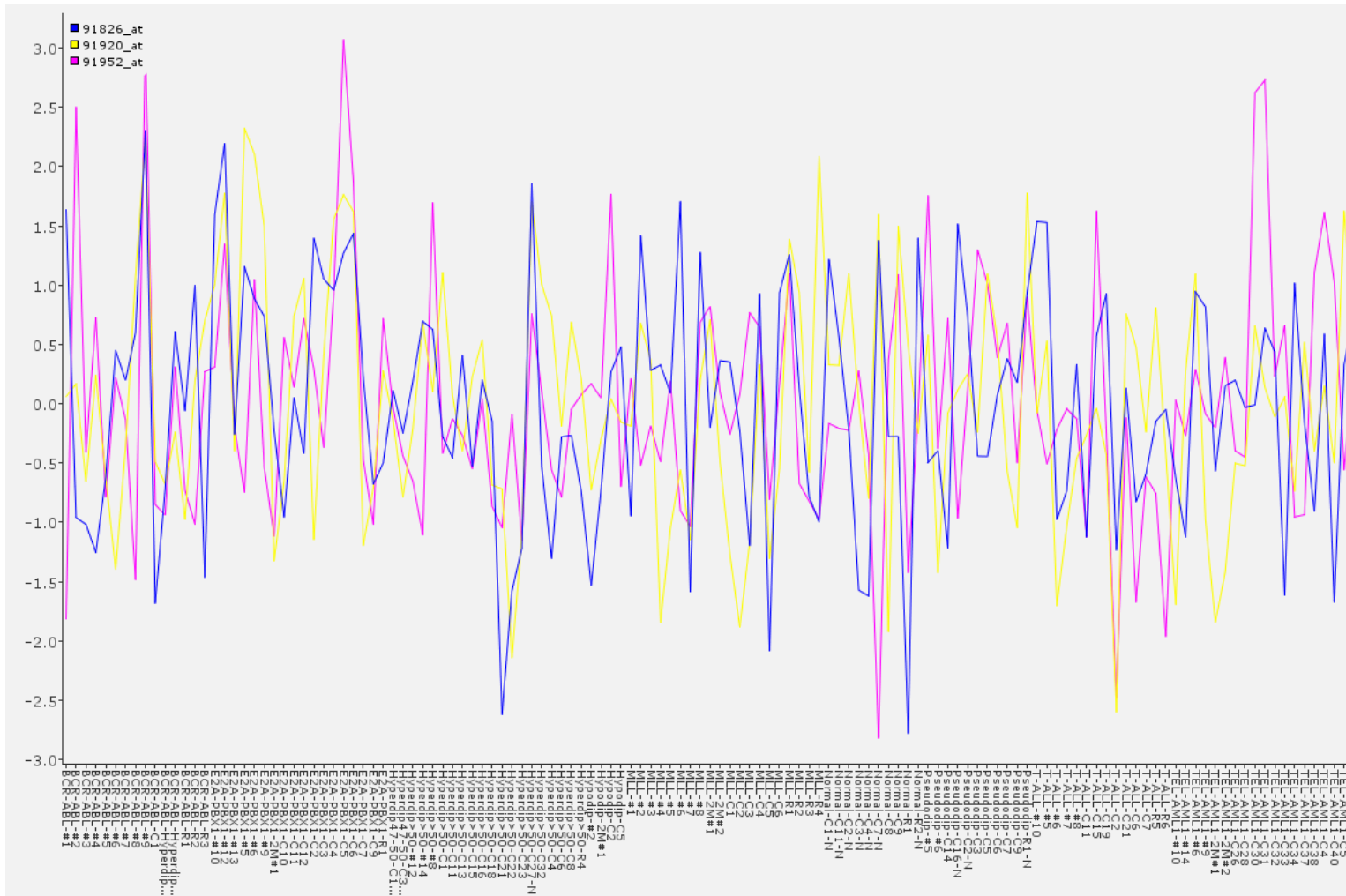
PCA

| | | | |
|--------------------------------------|-------------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Data | Method | Options | View |
| Plot Type | | | |
| <input checked="" type="radio"/> PCA | <input type="radio"/> Scatter | <input type="radio"/> Line | <input type="radio"/> Hist. |
| <input type="radio"/> Heat | <input type="radio"/> Table | <input type="radio"/> Box | |



Line

| | | | |
|----------------------------|-------------------------------|---------------------------------------|-----------------------------|
| Data | Method | Options | View |
| Plot Type | | | |
| <input type="radio"/> PCA | <input type="radio"/> Scatter | <input checked="" type="radio"/> Line | <input type="radio"/> Hist. |
| <input type="radio"/> Heat | <input type="radio"/> Table | <input type="radio"/> Box | |



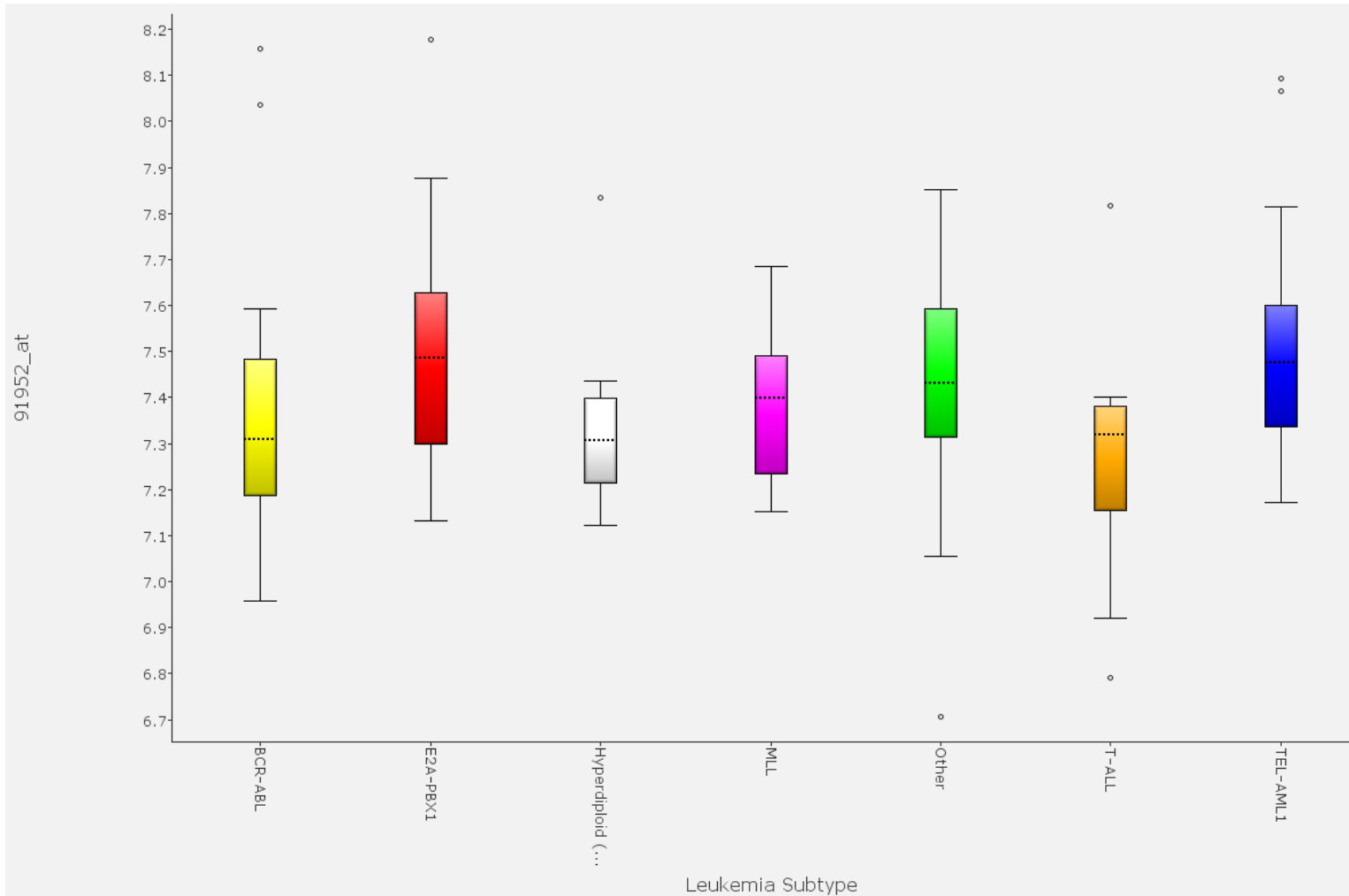
Box

Data Method Options View

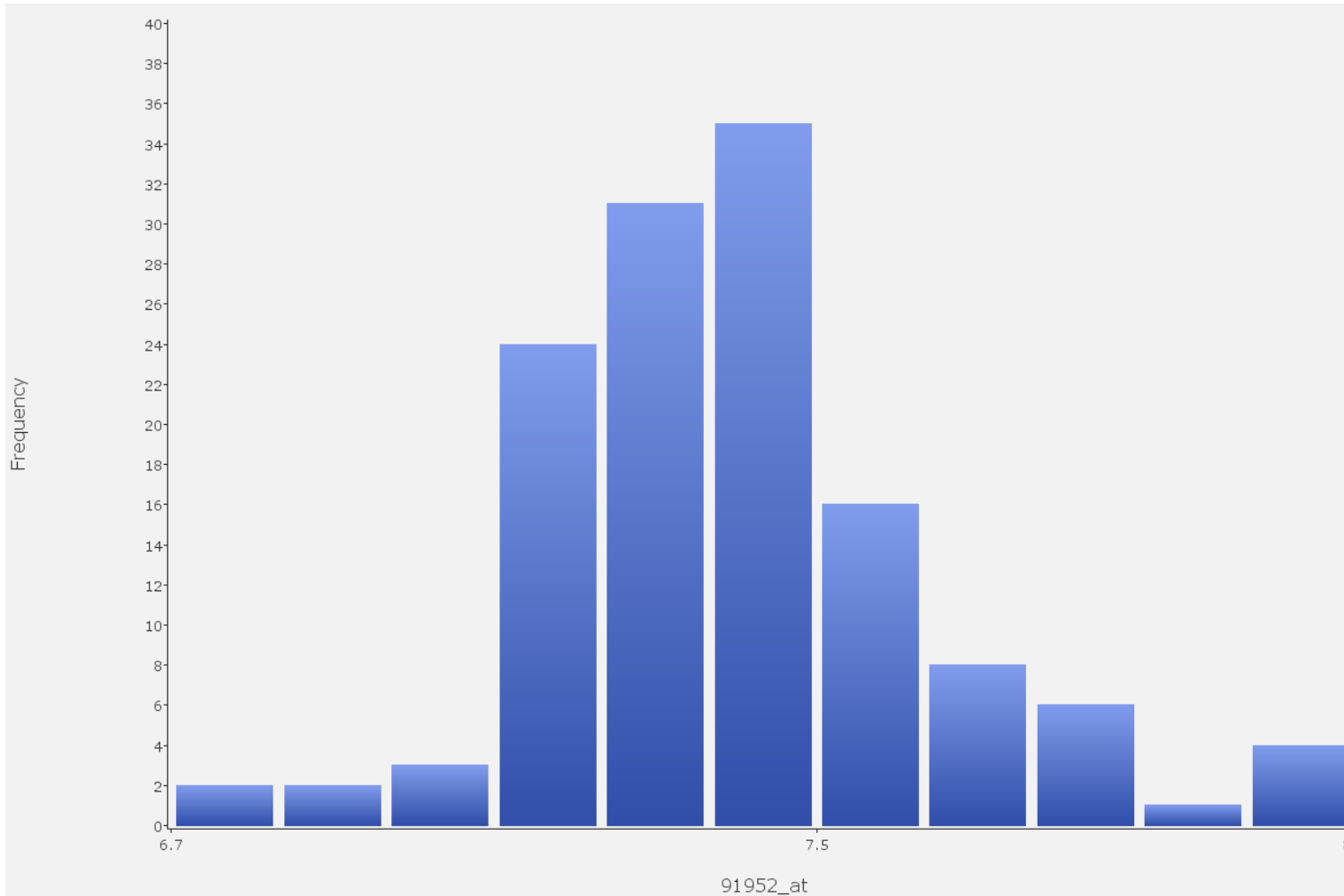
Plot Type

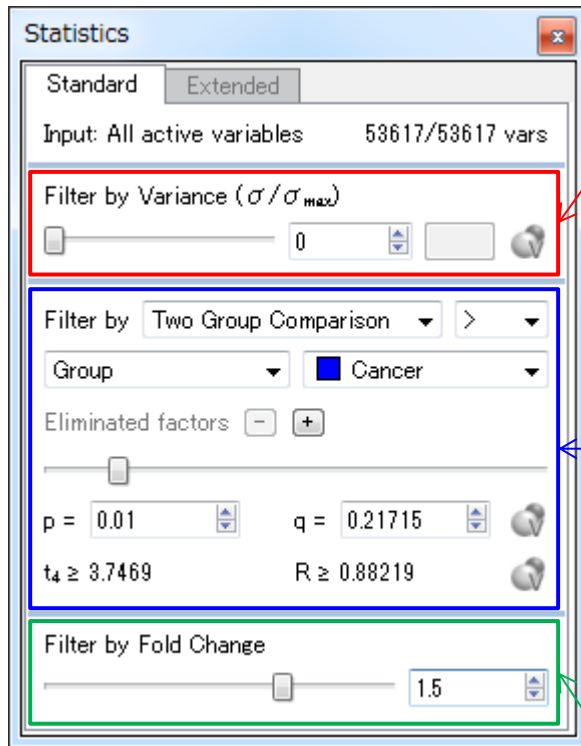
PCA Scatter Line Hist.

Heat Table Box



| | | | |
|----------------------------|-------------------------------|----------------------------|--|
| Data | Method | Options | View |
| Plot Type | | | |
| <input type="radio"/> PCA | <input type="radio"/> Scatter | <input type="radio"/> Line | <input checked="" type="radio"/> Hist. |
| <input type="radio"/> Heat | <input type="radio"/> Table | <input type="radio"/> Box | |





サンプル間のデータのばらつきによるフィルタリング

サンプルグループ間の統計検定によるフィルタリング

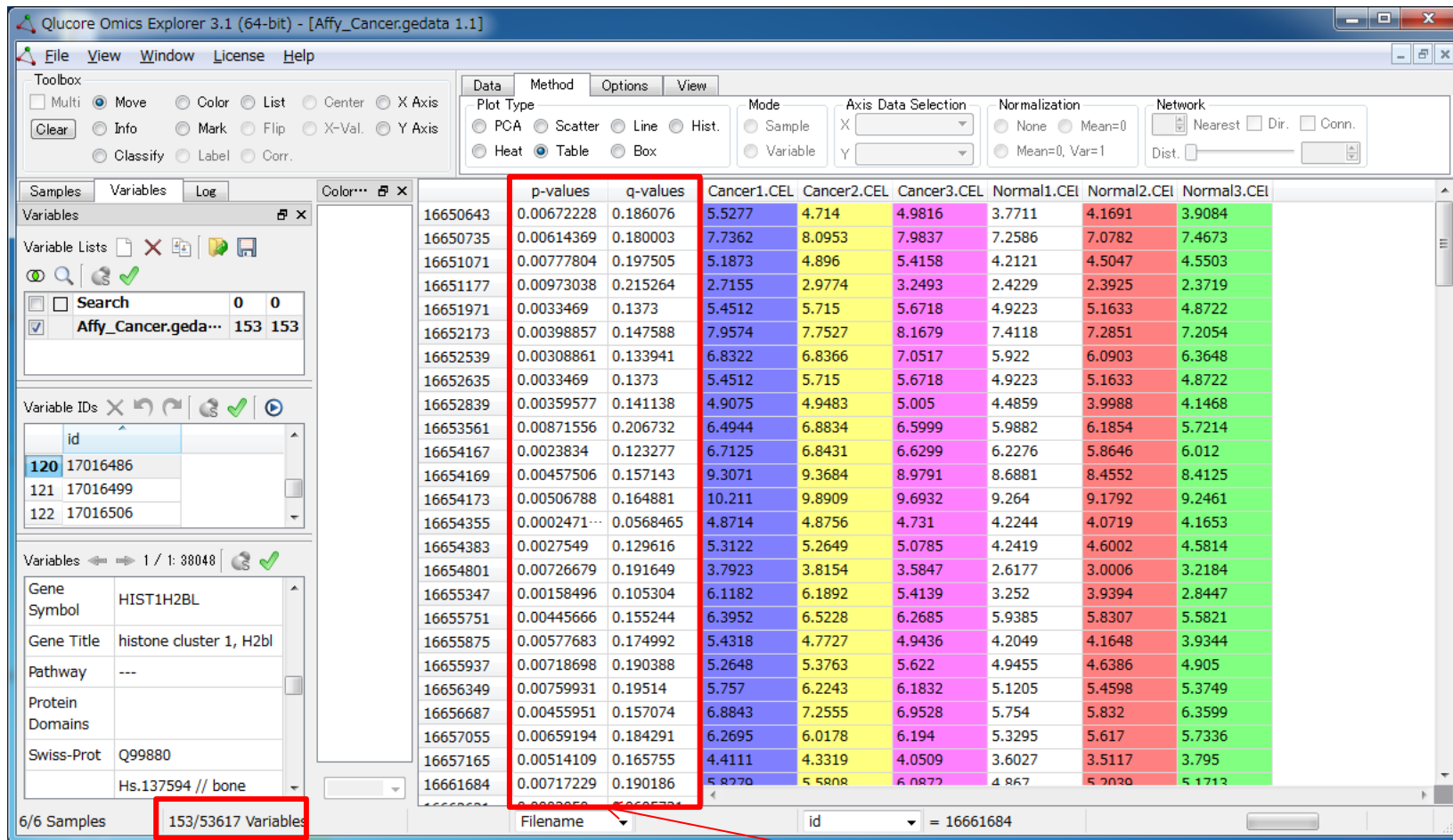
使用可能な統計手法

- Two Group Comparison (t-test)
- Multi Group Comparison (F-test)
- Linear Regression
- Quadratic Regression
- Rank Regression
- False discovery rates (FDR)

サンプルグループ間のFold Changeによるフィルタリング

- 発現変動データの抽出は、Statistics Dockに任意の閾値を入力して行う。

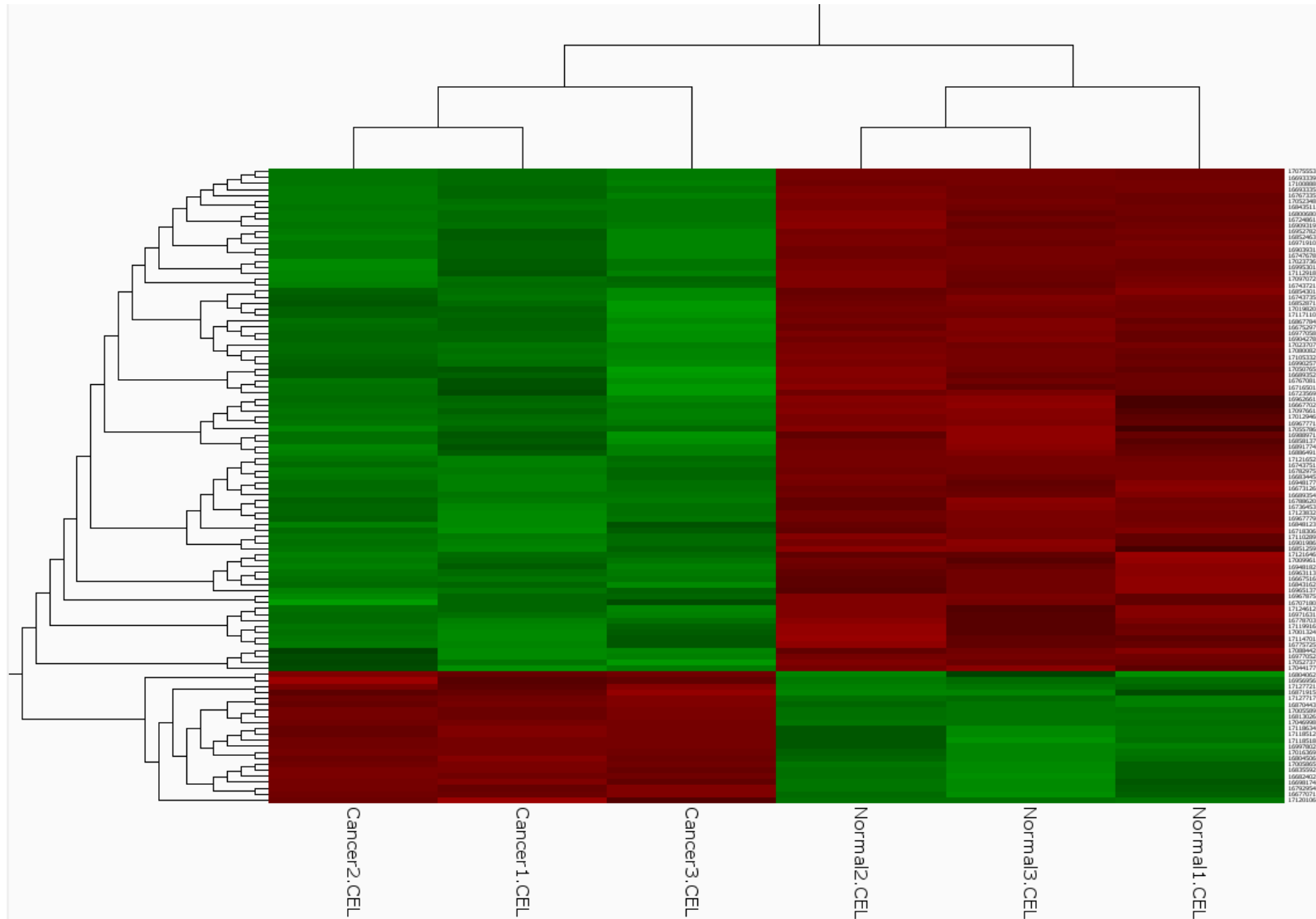
発現変動データの抽出



抽出データ数

計算されたp-valueとq-value (FDR)

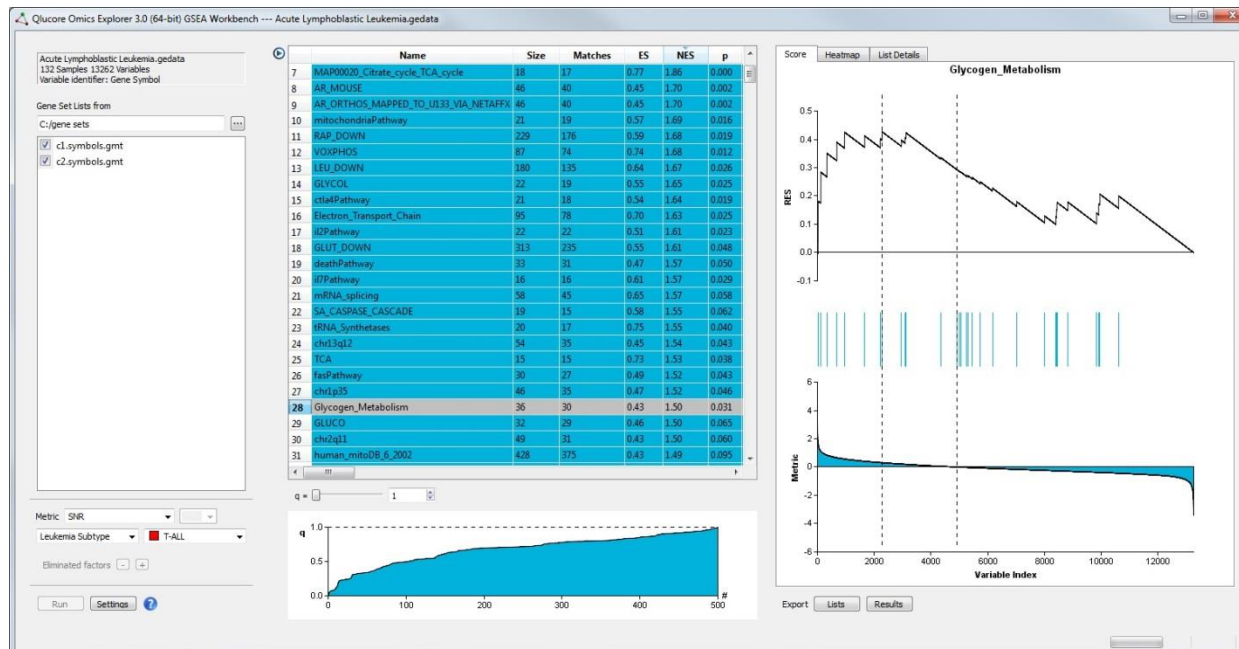
- Statistics Dockでフィルタリングの設定を入力すると、メイン画面に抽出結果がリアルタイムで反映される。
- テキストファイルへのエクスポートも可能。



- フィルタリング結果データから、別の表示形式に切り替えることも可能。

Gene Set Enrichment Analysis (GSEA)とは・・・

- 特定の生理作用（疾患、薬物刺激など）や遺伝子機能カテゴリー（Gene Ontology, パスウェイなど）の条件で発現する遺伝子のグループ（遺伝子セット）情報を用いた解析手法。
- マイクロアレイなどの遺伝子発現データから、発現変動の大きい順に遺伝子をランク付けし、ランクの高い遺伝子が、調べたい遺伝子セットにどれだけ多く含まれているかを検定する。



GSEA
Gene Set Enrichment Analysis

login register **BROAD INSTITUTE**

GSEA Home Downloads **Molecular Signatures Database** Documentation Contact

MSigDB Home
About Collections
Browse Gene Sets
Search Gene Sets
Investigate Gene Sets
View Gene Families
Help

MSigDB
Molecular Signatures Database

Molecular Signatures Database v5.0

Overview

The Molecular Signatures Database (MSigDB) is a collection of annotated gene sets for use with GSEA software. From this web site, you can

- ▶ **Search** for gene sets by keyword.
- ▶ **Browse** gene sets by name or collection.
- ▶ **Examine** a gene set and its annotations. See, for example, the [ANGIOGENESIS gene set page](#).
- ▶ **Download** gene sets.
- ▶ **Investigate** gene sets:
 - ▶ **Compute overlaps** between your gene set and gene sets in MSigDB.
 - ▶ **Categorize** members of a gene set by gene families.
 - ▶ **View the expression profile** of a gene set in any of the three provided public expression compendia.

Registration

Please [register](#) to download the GSEA software and view the MSigDB gene sets. After registering, you can log in at any time using your email address. Registration is free. Its only purpose is to help us track usage for reports to our funding agencies.

Current Version

MSigDB database v5.0 updated April 2015. [Release notes](#).
GSEA/MSigDB web site v5.0 released March 2015

Contributors

The MSigDB is maintained by the [GSEA team](#) with the support of our MSigDB [Scientific Advisory Board](#). We also welcome and appreciate contributions to this shared resource and

Collections

The MSigDB gene sets are divided into 8 major collections:

- H** **hallmark gene sets** are coherently expressed signatures derived by aggregating many MSigDB gene sets to represent well-defined biological states or processes.
- C1** **positional gene sets** for each human chromosome and cytogenetic band.
- C2** **curated gene sets** from online pathway databases, publications in PubMed, and knowledge of domain experts.
- C3** **motif gene sets** based on conserved cis-regulatory motifs from a comparative analysis of the human, mouse, rat, and dog genomes.
- C4** **computational gene sets** defined by mining large collections of cancer-oriented microarray data.
- C5** **GO gene sets** consist of genes annotated by the same GO terms.
- C6** **oncogenic signatures** defined directly from microarray gene expression data from cancer gene perturbations.
- C7** **immunologic signatures** defined directly from microarray gene expression data from immunologic studies.

- 遺伝子セット情報は、MSigDB(<http://www.broadinstitute.org/gsea/msigdb/index.jsp>)からダウンロードした、各種データファイルをそのまま使用可能。
- 各種疾患・パスウェイなど、様々な条件で分類された遺伝子セットファイルが公開されている。

The screenshot displays the Qlucore Omics Explorer 3.1 (64-bit) GSEA Workbench interface. The window title is "Qlucore Omics Explorer 3.1 (64-bit) GSEA Workbench --- Affy_Cancer.gedata".

On the left side, under "Gene Set Lists from", a file browser shows a list of GMT files. A red box highlights the list, and a red arrow points to it with the label "遺伝子セットファイル". The files listed are:

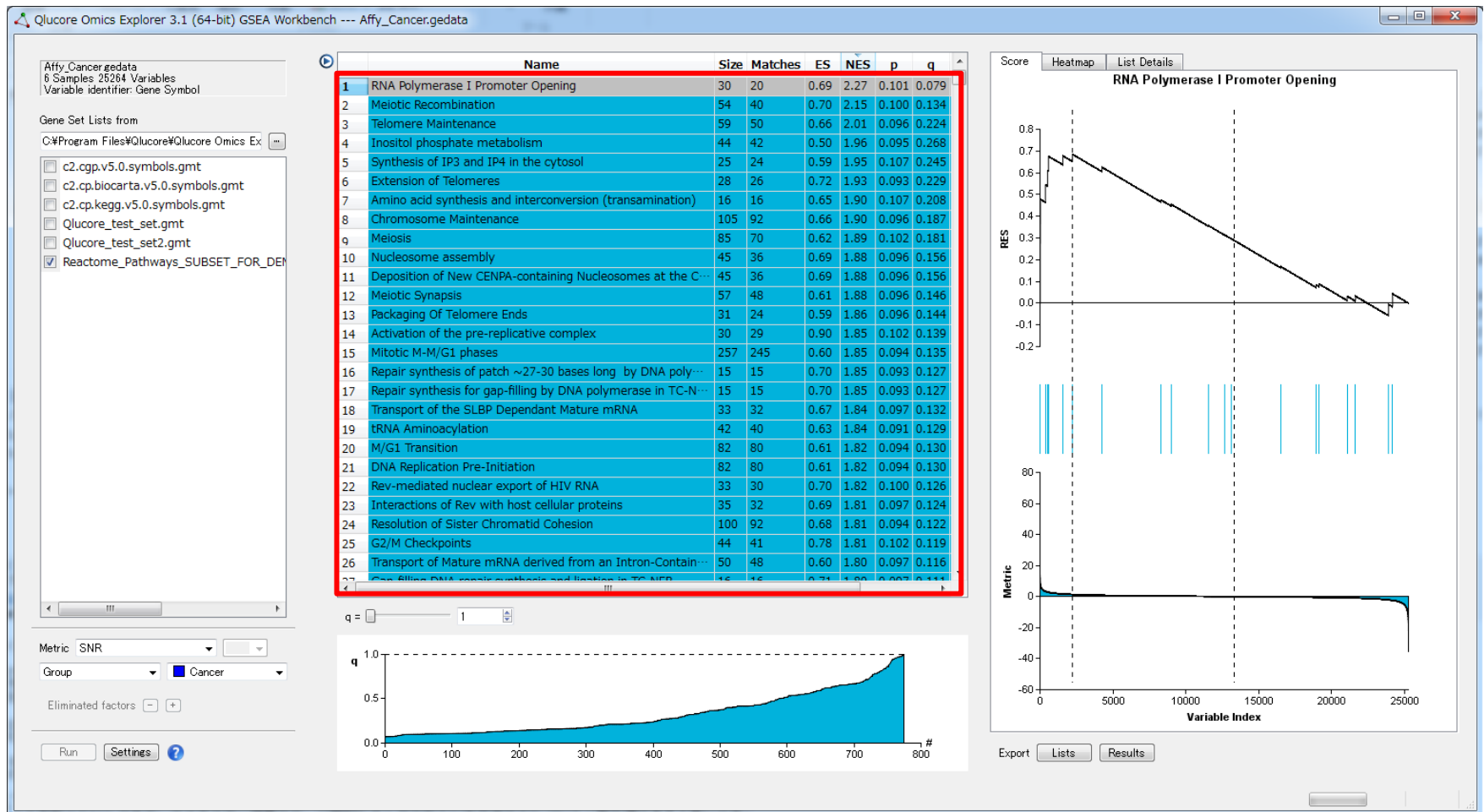
- c2.cgp.v5.0.symbols.gmt
- c2.cp.biocarta.v5.0.symbols.gmt
- c2.cp.kegg.v5.0.symbols.gmt
- Qlucore_test_set.gmt
- Qlucore_test_set2.gmt
- Reactome_Pathways_SUBSET_FOR_DEP

At the bottom left, the "Metric" is set to "SNR" and the "Group" is set to "Cancer". A red box highlights these settings, and a red arrow points to it with the label "遺伝子ランク付けの手法を選択".

The main panel shows a table with columns: Name, Size, Matches, ES, NES, p, q, and Description. The "NES" column is currently selected. Below the table, there is a slider for "q" set to 1.

On the right side, there are tabs for "Score", "Heatmap", and "List Details". At the bottom right, there are buttons for "Export", "Lists", and "Results".

- 遺伝子セットファイルと、遺伝子ランク付けの手法を選択し、計算を開始する。



- 計算が終了すると、発現変動が大きい遺伝子を多く含む、遺伝子セットのリストが表示される。

BIOCARTA FEATURES PATHWAYS CUSTOM SERVICES GENES PRODUCTS LOGIN
Interactive graphic models of molecular and cellular pathways

PATHWAYS ▶ Acetylation and Deacetylation of RelA in The Nucleus

Submitted by: Michael Shih, Ph.D. Guru

COMMENT ON THIS PATHWAY DESCRIPTION CONTRIBUTORS SAVE THIS LINK SUBMIT LEGEND

PRODUCT INDEX
PRODUCT SEARCH
Contains
Exact
Advanced Search
PRODUCT HIGHLIGHT
ON OFF
PROTEIN LIST
REQUEST A CATALOG

This Pathway:
Other Species: H M

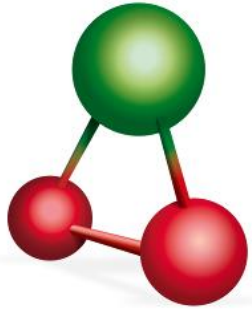
DESCRIPTION:
CONTRIBUTORS: Glenn Croston Ph.D.
REVISION HISTORY:
REFERENCES: Gilmore T. The Rel/NF-κB signal transduction pathway: An introduction to the Rel/NF-κB Signal Transduction Pathway. <http://people.bu.edu/gilmore/nf-kb/mainfpy.html>
hello
Lin-Fang Chen., Wolfgang Fischle., Eric Verdin., and Warner C.Greene. Duration of Nuclear NF-κB Action Regulated by Reversible Acetylation. Science, vol 293, 2001, 1653-57.

KEGG Glycolysis / Gluconeogenesis - Homo sapiens (human)

[Pathway menu | Organism menu | Pathway entry | Download KGM | Show description | Use Homo sapiens (human)]

00010 2/23/15
(c) Kanehisa Laboratories

- 遺伝子セットにパスウェイデータを使用した場合、MSigDBのサイトから、パスウェイ図も確認可能。



ソフトウェアの詳細は、以下サイトをご覧ください。

弊社Webサイト：

<http://www.filgen.jp/Product/BioScience21-software/index15-qlucore.html>

メーカーサイト：

<http://www.qlucore.com/>

お問い合わせ先：フィルジェン株式会社

TEL 052-624-4388 (9:00～17:00)

FAX 052-624-4389

E-mail: biosupport@filgen.jp