

# トランスクリプトームデータからMOAを理解する (マラリア治療薬アルテスネイトを例に)

フィルジェン株式会社 バイオインフォマティクス部  
(biosupport@filgen.jp)

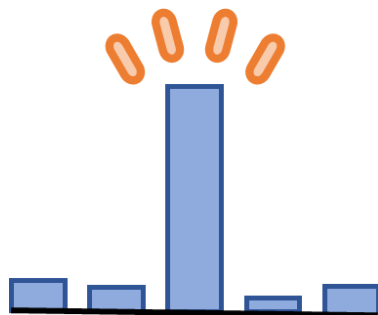


一次解析：配列の決定

	Sample 1	Sample 2	Sample 3	...
Gene A	0	0	10	
Gene B	5	5	6	
Gene C	5	1	7	

二次解析：発現定量

⋮



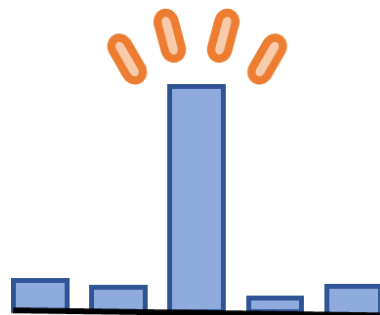
三次解析：データの可視化、統計解析



一次解析：配列の決定

	Sample 1	Sample 2	Sample 3	...
Gene A	0	0	10	
Gene B	5	5	6	
Gene C	5	1	7	
...				

二次解析：発現定量



解析者の技量に依拠するところが大きい

三次解析：データの可視化、統計解析



## Omics Playground

- 定量済みデータをアップロードするだけで、データの解釈に必要な100以上のプロットを生成可能
- 生物学で用いられる様々な統計手法をカバー
- トランスクリプトームデータその他、プロテオミクスデータ、マイクロアレイデータもアップロード可能

データさえあれば、誰でも重要な遺伝子を特定できる

Wang, Q., Tang, Y., Pan, Z., Yuan, Y., Zou, Y., Zhang, H., ... & Deng, C. (2022). **RNA-seq-based transcriptome analysis of the anti-inflammatory effect of artesunate in the early treatment of the mouse cerebral malaria model.** *Molecular Omics*, 18(8), 716-730.

マラリア感染マウス、マラリア感染後にアルテスネイトで治療したマウス、インタクトなマウスの脳におけるトランスクリプトームデータを比較した。

お問い合わせ先：フィルジエン株式会社

TEL: 052-624-4388 (9:00～17:00)

FAX: 052-624-4389

E-mail: [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)