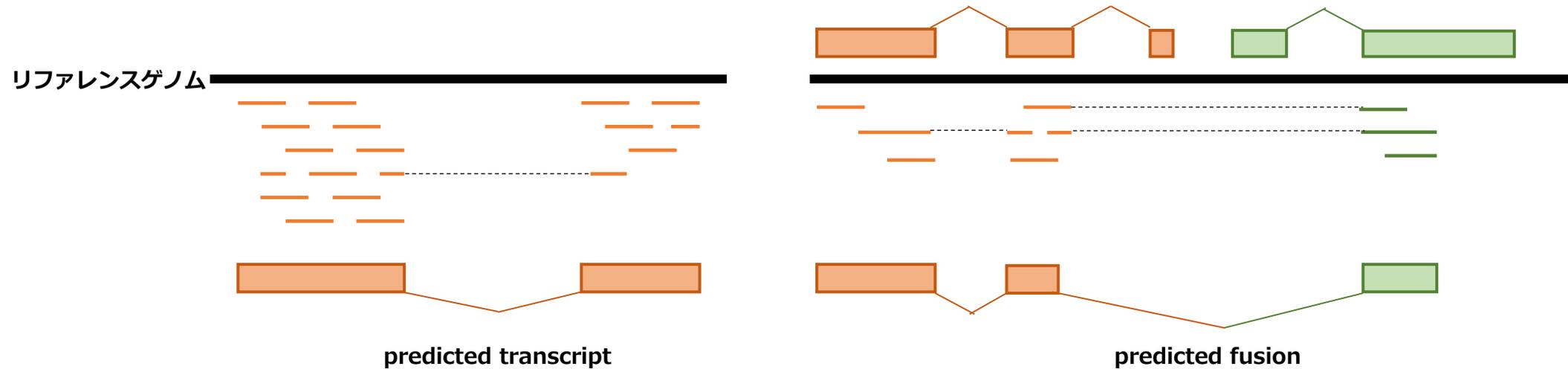


新規転写産物の同定・融合遺伝子の検出

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

RNA-seqで得られたリードをリファレンスにマッピングし、新規転写産物や融合遺伝子を検出

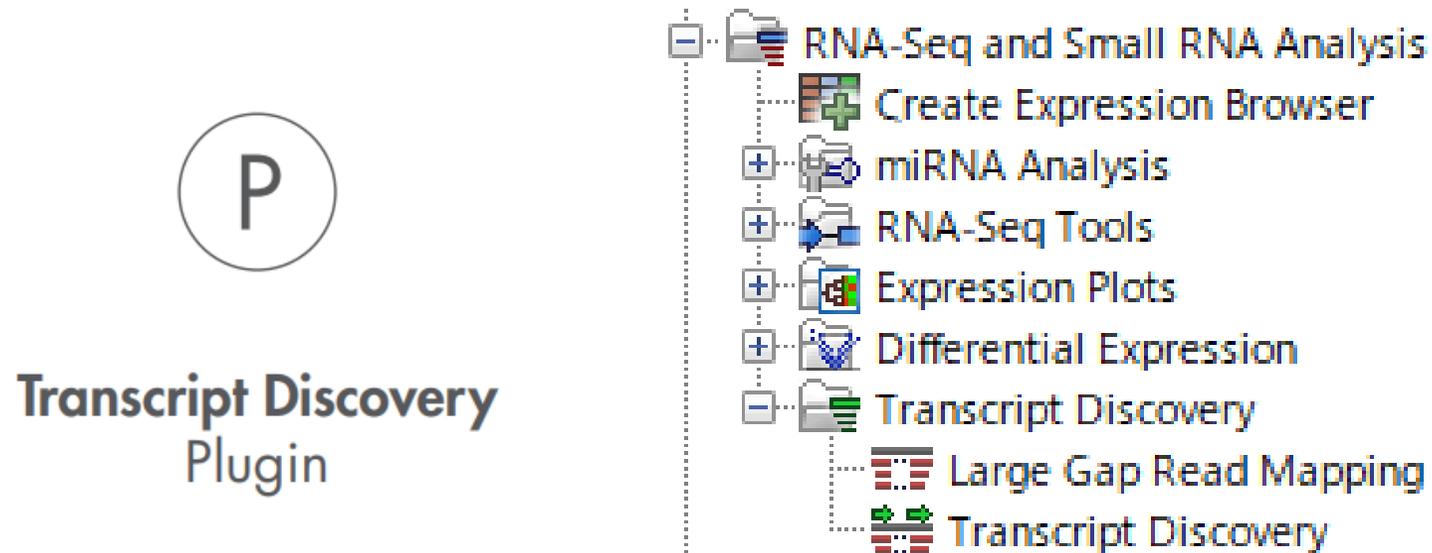


CLCではショートリード、ロングリード両方に対応

CLCではショートリードにのみ対応

新規転写産物の同定

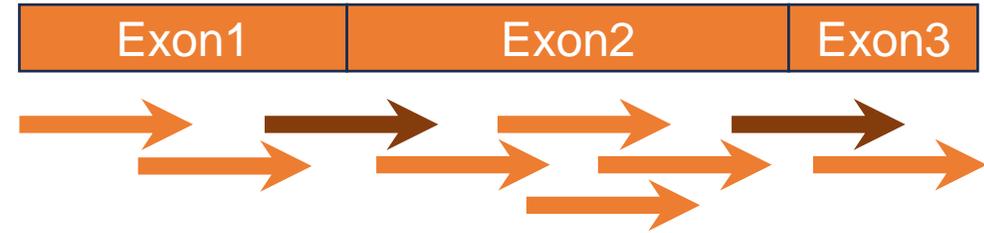
融合遺伝子の検出



RNA-seq and Small RNA Analysisフォルダの中に、
Transcript Discovery用のツールが追加される



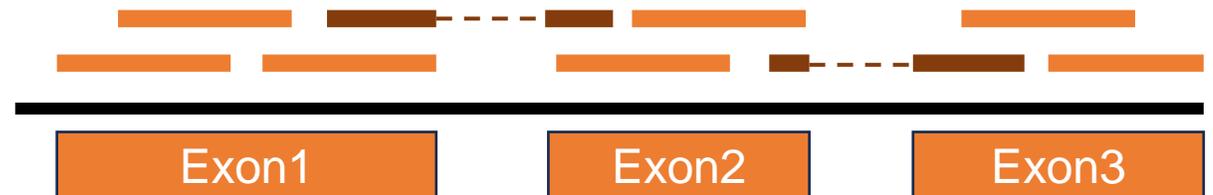
Large Gap Read Mapping



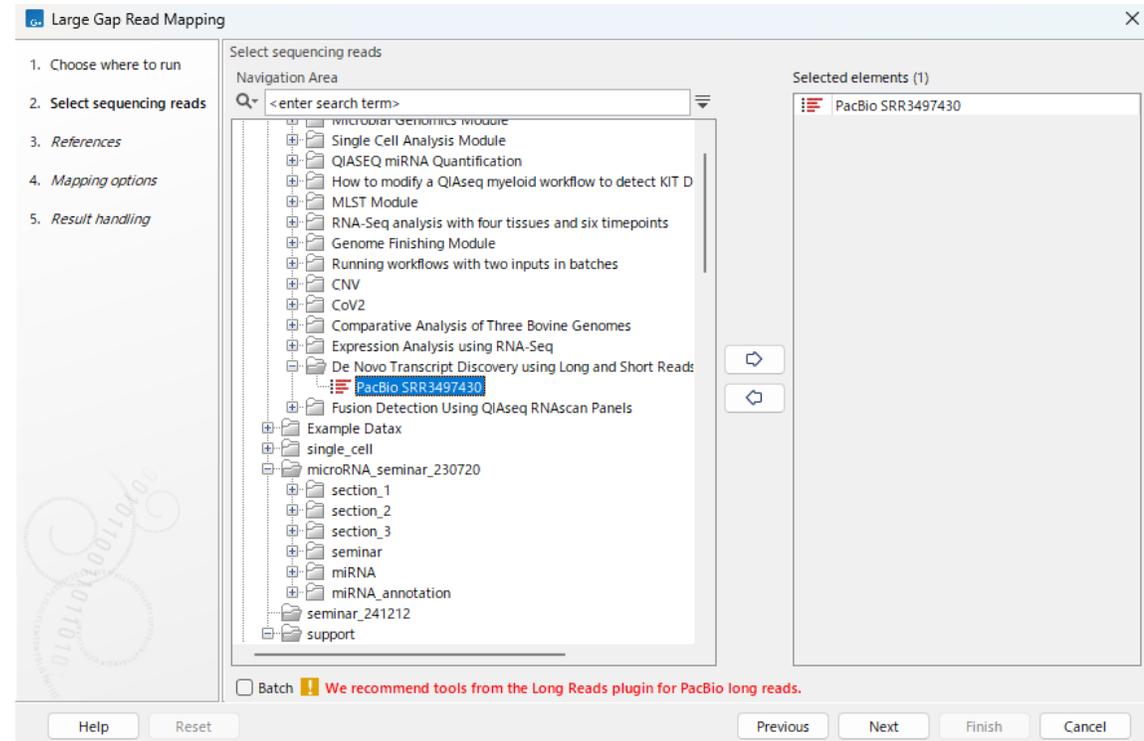
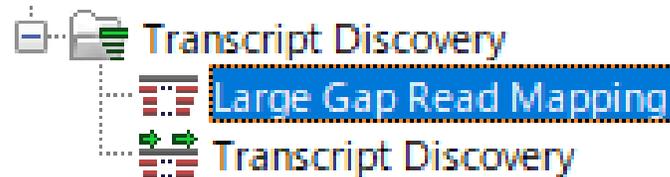
エクソンをまたぐリードはゲノム上では、
イントロンをはさんで隔たった位置にマッピングされるはず



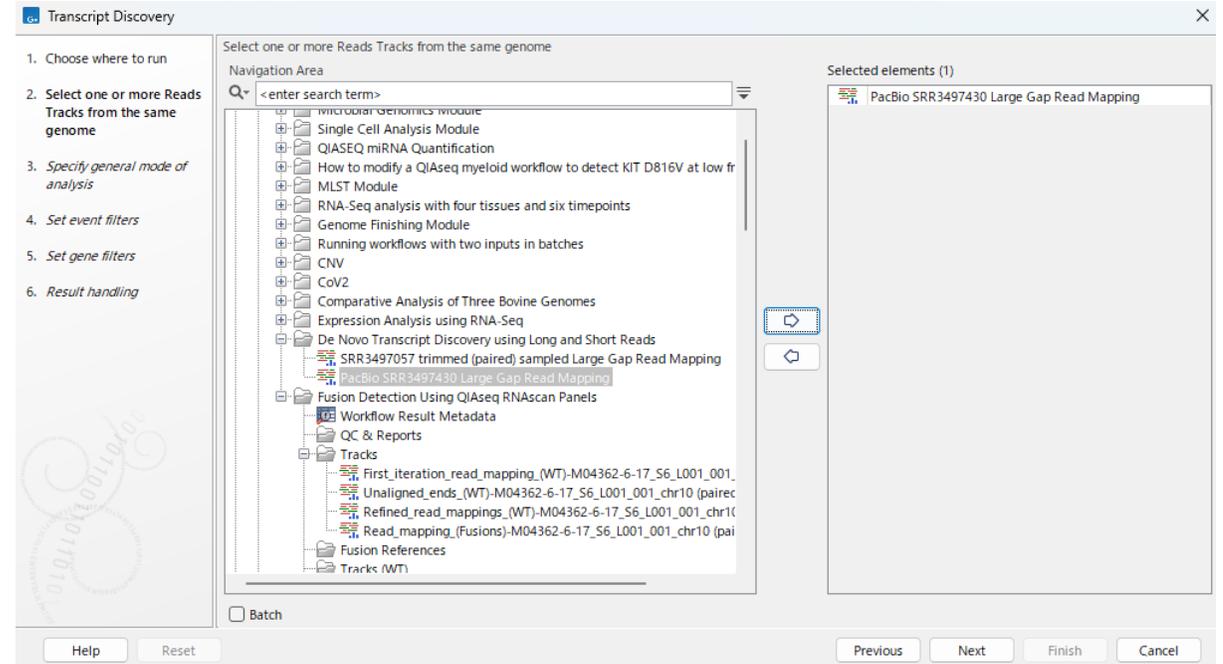
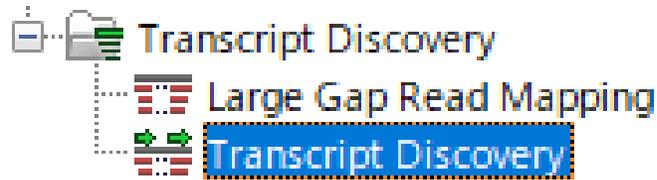
Transcript Discovery



Large Gap Read Mapping



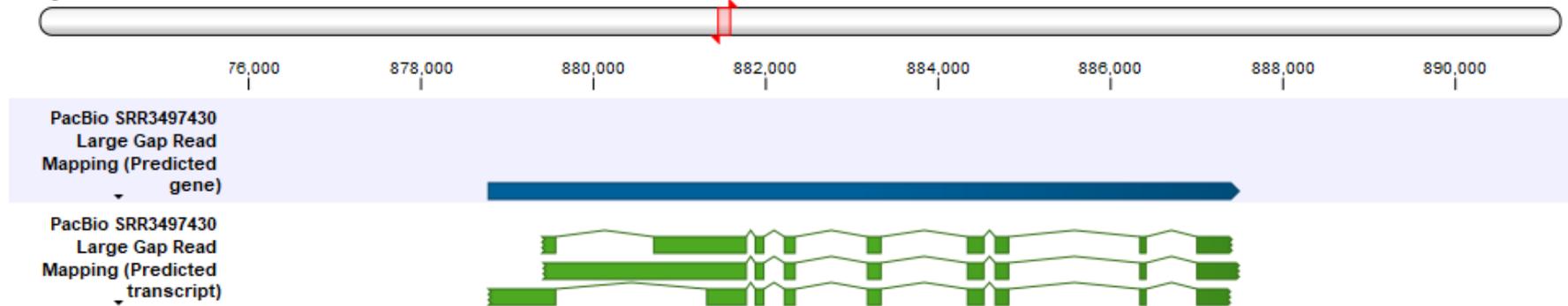
Large Gap Read Mappingを起動し、リードデータ、リファレンスゲノムデータ、パラメータをそれぞれ指定



Transcript Discoveryを起動し、先の解析でできたマッピングデータを指定

- ➡ PacBio SRR3497430 Large Gap Read Mapping (Predicted gene)
- ➡ PacBio SRR3497430 Large Gap Read Mapping (Predicted transcript)

Navigation overview: Chromosome FvbUn

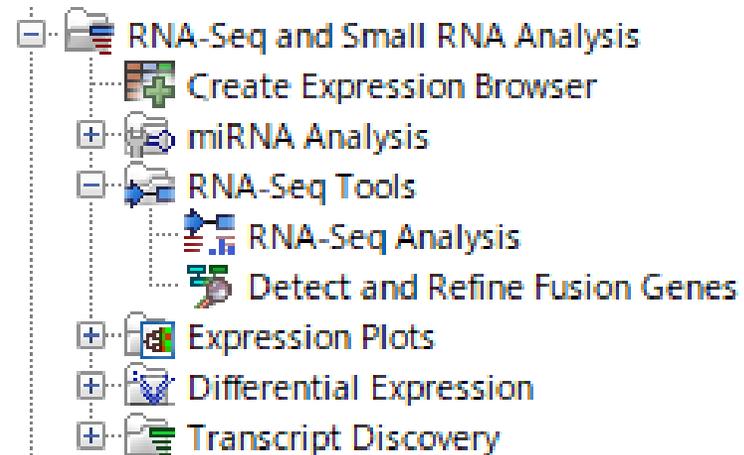


Reference	Gene	Length	Start	End	Strand	Transcripts	Longest transcri...	Reads	Spliced Reads
FvbUn	Gene_1	2639	134164	136802	+	1	2094	73	59
FvbUn	Gene_2	7250	139676	146925	+	1	1975	23	23
FvbUn	Gene_3	1253	161839	163091	?	1	1253	17	0
FvbUn	Gene_4	2952	174817	177768	+	1	2408	9	9
FvbUn	Gene_5	3286	177932	181217	-	1	1581	4	4
FvbUn	Gene_6	2832	241576	244407	+	2	1762	22	22
FvbUn	Gene_7	1685	284465	286149	?	1	1685	10	0

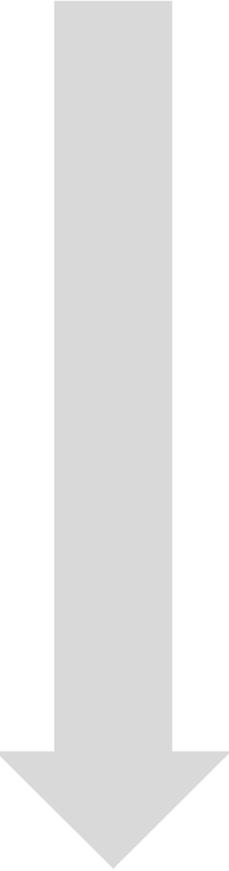
トラック形式や、表形式で同定された転写産物を確認可能

新規転写産物の同定

融合遺伝子の検出



RNA-seq and Small RNA Analysisフォルダの中の
RNA-seq Toolsサブフォルダにある2つのツールを使用



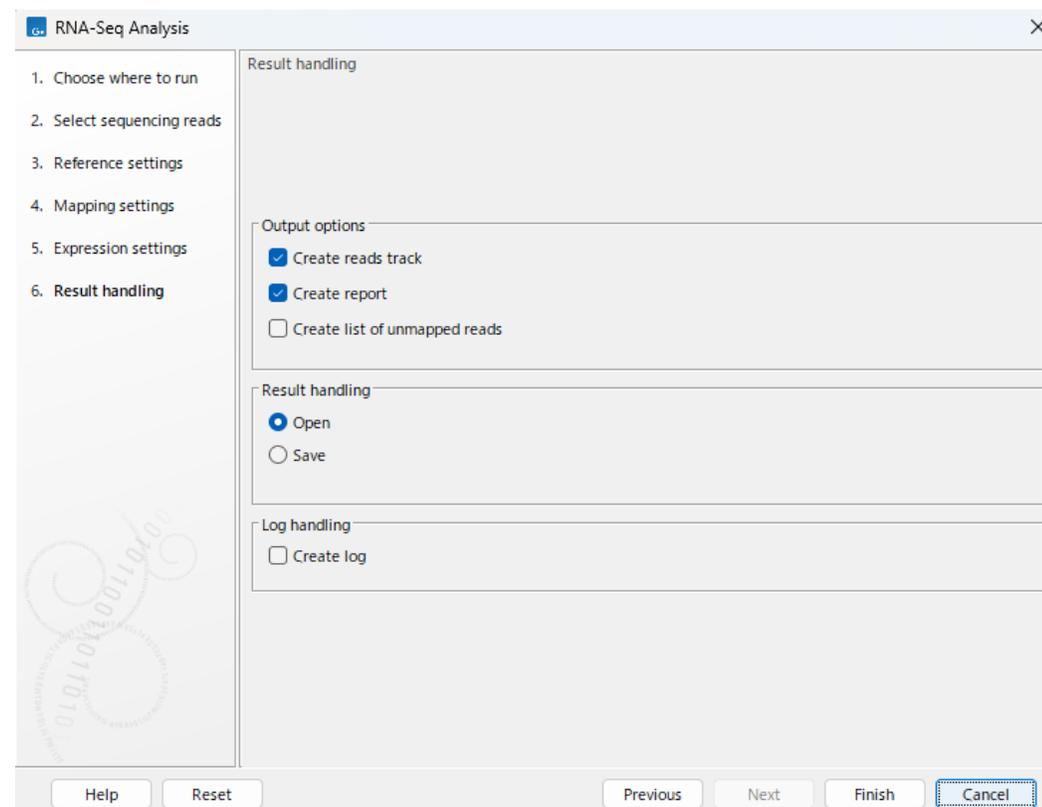
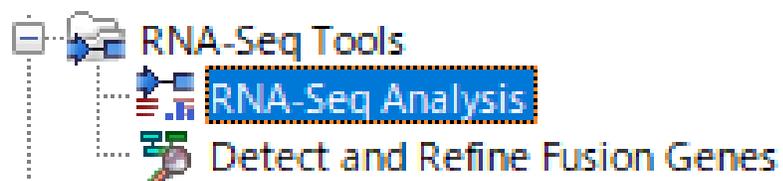
RNA-Seq Analysis

RNA-seqリードのマッピング

※デフォルトではマッピングデータは出力されないが、次のツールで必要になるため、出力オプションを利用する必要がある。

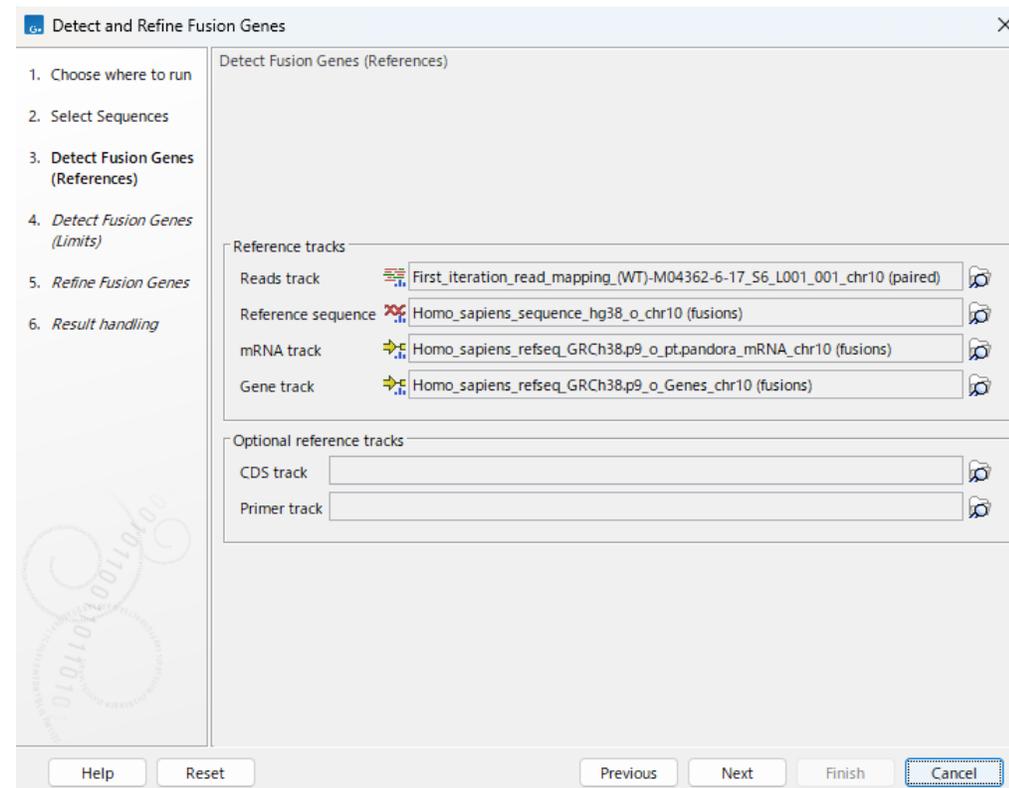
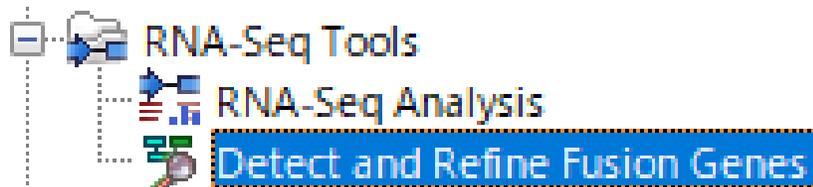


Detect and Refine Fusion Genes



RNA-seq Analysisツールを起動し、リードデータ、リファレンスデータ、パラメータを指定し、最後のOutput optionsのCreate reads trackにチェックを入れる

Detect and Refine Fusion Genes



Detect and Refine Fusion Genesツールを起動し、リードデータとリファレンスデータに加え、さきほどの出力であるマッピングデータを指定

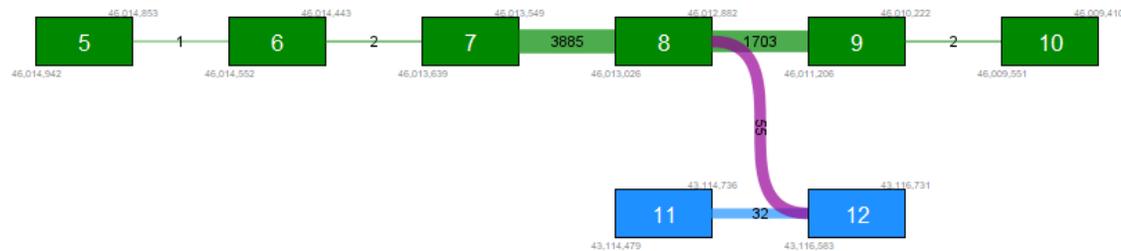
Fusion_gene_report-M04362-6-17_S6_L001_001_chr10 (paired)

3.1 NCOA4-RET

Fusion name	NCOA4-RET
5' gene	NCOA4
5' chromosome	10
3' gene	RET
3' chromosome	10
Reported transcript 5'	NM_001145260.1
Reported transcript 3'	NM_020975.4
Translocation name	NCOA4{NM_001145260.1}:r.1_1014_RET{NM_020975.4}:r.2327_5617
P-value	0.00
Z-score	33.15
Fusion crossing reads	55
5' read coverage	1,758
3' read coverage	87

5' position	3' position	Translocation Name	Count
46,012,882	43,116,583	NCOA4{NM_001145260.1}:r.1_1014_RET{NM_020975.4}:r.2327_5617	55

融合している遺伝名や、融合の様子がレポートで確認できる。



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: support@filgen.jp