

# 付属データ解析ソフトウェア（無償） MicroArray Data Analysis Tool

## 特長

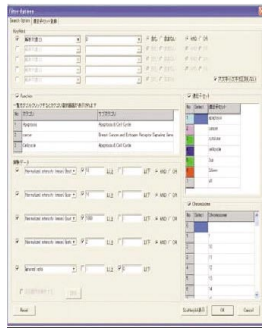
DNAマイクロアレイ/microRNAアレイ/抗体アレイ（一部のアレイにはお付けしていません）の受託解析サービスをお申し込み頂いた場合、データ補正（バックグラウンド減算、ノーマライズ）や発現変動遺伝子（タンパク質）のピックアップなどを行ったデータ（EXCELシート）を納品していますが、さらに詳細なデータ解析を行うための、受託解析データ専用ソフトウェア「Microarray Data Analysis Tool」を、無償でご提供しています。

膨大な解析データから希望の結果を抽出するための各種フィルタリング機能や公共データベースへのハイパーリンク機能をはじめ、Gene Ontology解析や、Pathway解析、統計検定機能など、お客様ご自身によるアレイデータ解析を強力にサポート致します。各データは、スタンフォード大学Eisen,Lab.から、アカデミア対象に無償配布されている統計解析ソフトウェア「Cluster 3.0」と「Java TreeView」のファイルフォーマットに対応しています。ご自身で統計解析を行う方も強力にサポート致します。

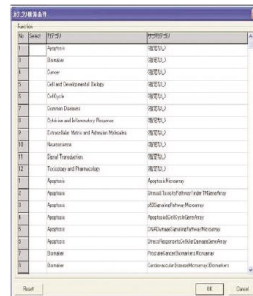
### ● 公共データベースへのリンク



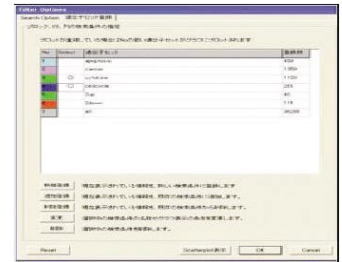
### ● フィルタリング機能と遺伝子（タンパク質）セット登録機能



Filter option 画面

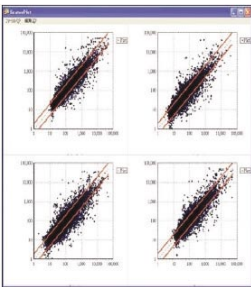


カテゴリ検索画面

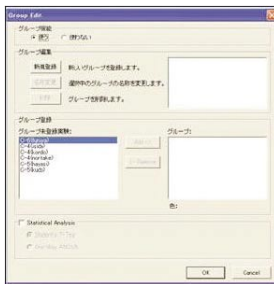


遺伝子セット登録画面

### ● 多彩なスカッタープロット表示



### ● 統計検定機能 (Student t-test/One-sample t-test/Oneway-ANOVA/FDR補正)



複数以上の検体を1つのサンプル（群）として比較した場合、下記の有意差統計検定が可能です。

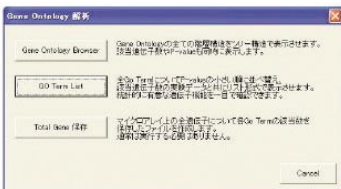
検定の適用

- Student t-test : 2グループ間比較
- One-sample t-test : 2グループ間比較 (2色法専用)
- One-way ANOVA : 3グループ以上の比較

有意差検定機能を実行すると、メイン画面にて、P-valueが表示されます。

### ● Gene Ontologyによる機能分類表示

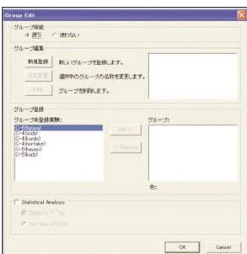
遺伝子機能の記述方法として、Gene Ontology(GO)が、現在広く用いられています。GOは、分子機能 (molecular function)、生物学的プロセス (biological process)、細胞内構成要素 (cellular component) の3つのオントロジーで構成され、階層構造で機能分類が行われています。本ソフトウェアでは、マイクロアレイデータの遺伝子（タンパク質）発現データに対し、各プローブにGO Termを対応付け、発現変動の大きい遺伝子群（タンパク質群）のGO Term出現頻度解析を行うことで、生物学的機能を定量的に解析することができます。



Gene	Cluster	Total Gene	PValue	GO Term	Count	Color
...	...	...	...	...	...	...

Pathway	Changed Genes	Total Gene	PValue
...	102(0)	1242(0)	1
...	2(2)	22(0)	0.01612
...	1(0)	3(0)	1
...	74(4)	8622(443)	0.92695
...	32(2)	4475(223)	0.95285
...	0(0)	0(0)	1
...	0(0)	6(0)	1
...	0(0)	6(0)	1
...	0(0)	4(4)	1
...	0(0)	0(0)	1
...	4(0)	616(7)	0.81939
...	0(0)	0(0)	1
...	0(0)	21(1)	1
...	0(0)	1(1)	1
...	0(0)	245(54)	0.27165
...	4(2)	217(27)	0.10693

### ● フリーソフトウェアとの連携



スタンフォード大学Eisen Lab.からダウンロードできるフリーソフトウェア「Cluster 3.0」と「Java TreeView」に対応したデータフォーマットで出力することができるため、面倒な設定ファイルの作成をせずにクラスタリング解析に移行することができます。

- 解析の種類
- Hierarchical
  - k-Means Clusteringなど

