遺伝子発現データベース

GENEVESTIGATOR: Similarity Search Tools □ E B I □ □

GENEVESTIGATORは遺伝子発現データベースのオンライン解析ツールです。公共データベースに登録されたマイクロアレイや次世代シーケンサーの膨大な遺伝子発現データをキュレーションすることで、さまざまな研究者が登録した大量の実験結果を統合して解析可能にします。また、GENEVESTIGATORは使いやすいインターフェースと高速な検索エンジンを搭載しているため、研究者が標的遺伝子の探索などの遺伝子発現解析を行う際に、注目する遺伝子の同定や発現変動遺伝子の優先順位付けなどを簡単かつ正確に行うことができます。今回は注目する遺伝子をグループ化したり、類似の発現パターンを示す遺伝子や実験条件を解析するSimilarity Search Toolsについて紹介します。

■ Similarity Search Tools

GENEVESTIGATORの解析ツールはCondition Search Tools、Gene Search Tools、Similarity Search Tools、 Single Experiment Toolsの4種類に分類されます。

注目する遺伝子を発現パターンが似ている遺伝子同士でグループ化したり、共発現する遺伝子や発現パターンが似ている実験条件を見つけるツールがSimilarity Search Tools は Hierarchical Clustering、Biclustering、Co-Expression、Signature の4つの解析ツールを含みます。

Similarity Search Toolsで解析する時は、最初に生物種を指定します。ヒト、マウス、ラット、シロイヌナズナ、イネ、ダイズなど18種の生物種が選択できます。生物種によってはアフィメトリクス社、アジレント社、イルミナ社などの複数のアレイプラットフォームから解析対象のプラットフォームを選択できます。次に遺伝子名やGeneSymbolを使って解析対象の遺伝子群を指定します。Gene Search Toolsなどで得られた遺伝子リストを解析対象にすることもできます。

■遺伝子のクラスタリング

GENEVESTIGATORでは、マイクロアレイデータ解析ソフトウェアで一般的な階層型クラスタリング (Hierarchical Clustering)に加えて、遺伝子と実験条件の両方を同時にクラスタリングするバイクラスタリング (Biclustering)の2種類の解析を実行できます。

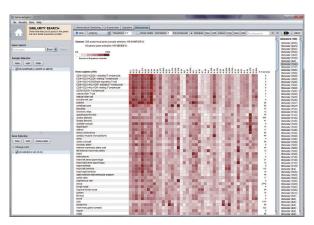


図1 Biclustering Toolの解析結果

どちらの解析ツールも実験条件(組織、がん、細胞株、発生段階、刺激)を指定してクラスタリングを実行します。 Hierarchical Clusteringでは発現パターンが似ている遺伝子および実験条件が近い位置にくるように配置され樹状図が表示されます。Biclusteringでは発現パターンが似ている遺伝子と実験条件の組み合わせが右側に表示され、組み合わせを選択すると対応するヒートマップが表示されます(図1)。

■発現パターン

注目する1つの遺伝子と発現パターンが似ている遺伝子を見つけるツールがCo-Expressionです。複数の遺伝子の発現パターンに対して類似の発現パターンを示す実験条件を見つけるツールがSignatureです。

どちらの解析ツールも実験条件(組織、がん、細胞株、発生段階、刺激)を指定して解析を実行します。Co-Expressionでは注目する遺伝子との相関係数および検出された遺伝子間の相関係数に対応した円形の図が表示されます(図2左)。Signatureでは発現パターンが似ている実験条件から順に表示されます(図2右)。

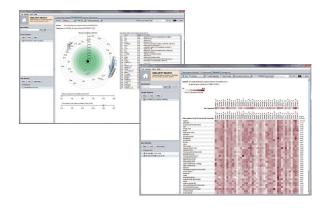


図2 Co-Expression Tool(左)、Signature Tool(右)の解析結果

■ご評価

GENEVESTIGATORは、無償でトライアル利用できます。トライアル期間は30日間です。遺伝子発現解析をされる方はぜひGENEVESTIGATORをお試しください。トライアルを希望される方は弊社Webサイトよりお問い合わせください。