遺伝子発現データベース　GENEVESTIGATOR

Single Cell RNA-seq データの収載

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（NGS）の膨大な遺伝子発現データをキュレートすることで、さまざまな研究者により登録され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。本稿では 2020 年の 10 月に追加された Single Cell RNA-seq キュレーションデータを使用した解析事例について紹介します。

はじめに

Single Cell RNA-seq は、NGS を用いて個々の細胞の遺伝子発現を解析する手法です。多数の細胞の平均値としての遺伝子発現解析を行うバルク RNA-seq と比べて、Single Cell RNA-seq は細胞集団の不均一性の解析や細胞系譜を推測する研究などに使用されています。遺伝子発現パターンが異なる細胞集団を比較することで各細胞集団の機能的な特徴や、細胞亜集団の解析による新たな細胞バイオマーカーの発見などの研究に役立つことが期待されます。

2020 年 10 月現在、新型コロナウイルス感染症（COVID-19）患者と健常者の気管支肺胞洗浄液から採取したサンプル（GSE145926/HS-03428）、多発性硬化症モデルマウスと正常マウスの脊髄から採取したサンプル（GSE113973/MM-01243）を Single Cell RNA-seq で解析したキュレーションデータが収載されています。

特定の遺伝子が発現する細胞種の解析

GENEVESTIGATOR を起動して Data Section で解析対象データベースとして GSE145926、または HS-03428 を選択します。Gene Section で対象遺伝子として、肺胞の表面張力を調節する機能を担う SFTPB（Surfactant protein B）を選択します。CONDITION SEARCH TOOLS の Anatomy を選択すると SFTPB 遺伝子が発現している細胞リストが表示されます。

図 1 では SFTPB 遺伝子が発現した細胞が発現の高い順に表示されています。特にⅡ型肺胞上皮細胞（cuboidal alveolar type 2 cell（AT2））で発現が高いことがわかります。

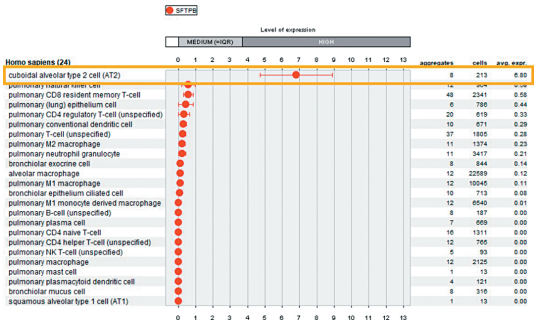

図 1. SFTPB 遺伝子発現細胞リスト

興味のあるサンプルを選択することで詳細なサンプル情報を確認することができます。図 2 では SFTPB 遺伝子を発現しているⅡ型肺胞上皮細胞を採集した人の年齢や COVID-19 の重症度などのより詳細な情報を見ることができます。

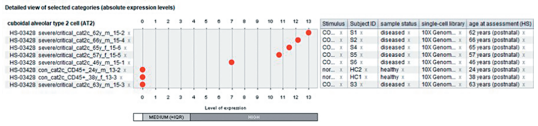

図 2. SFTPB 遺伝子発現が高い実験条件リスト

COVID-19 患者と健常者の発現遺伝子比較

GENEVESTIGATOR では SINGLE EXPRESSION TOOLS の Differential Expression を使用することで、2 つのグループ間における発現変動遺伝子を解析することができます。比較するサンプルとして Group A で “COVID-19 study 1（severe/critical）[alveolar macrophage]” を、Group B で “normal BALF cell sample [alveolar macrophage]” を選択します。

図 3 では、COVID-19 患者と健常者の肺胞マクロファージで発現変動が大きい上位 467 遺伝子が表示されています。上位には白血球の走化性に作用する CCL（Chemokine（C-C motif）ligand）ファミリー遺伝子が複数表示されていることがわかります。p-value や FDR（Fales Discovery Rate）の条件を変更することで、発現変動遺伝子を絞り込むことが可能です。

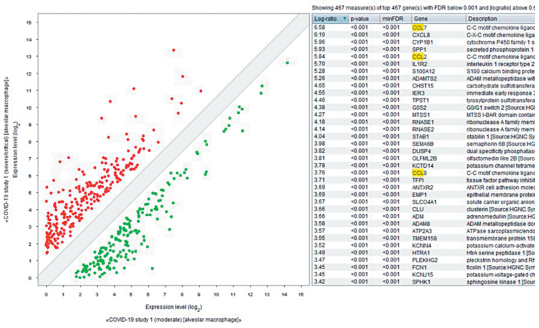

図 3. COVID-19 患者と健常者における発現変動遺伝子の比較

ご試用

GENEVESTIGATOR は、無償トライアルにより 30 日間ご評価いただけます。遺伝子発現解析をされる方はぜひ GENEVESTIGATOR をお試し下さい。トライアルをご希望の方は弊社ウェブサイトよりお問い合わせ下さい。

https://www.molsis.co.jp/contact/