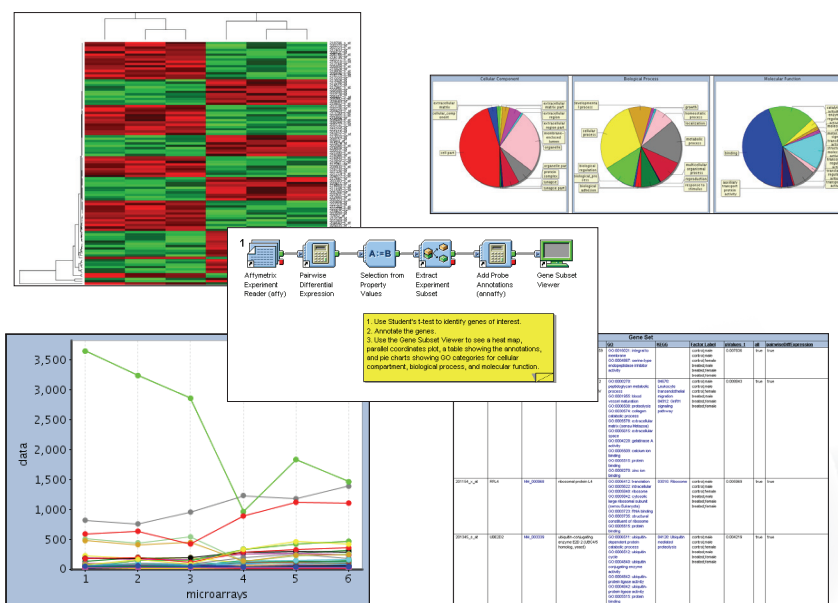


GENE EXPRESSION COLLECTION

Gene Expression Collectionを使用すると、個別の標的遺伝子を含む遺伝子発現実験の処理、解析、可視化、アノテーション、およびレポート作成を行うことができます。中心となる機能は、ゲノムデータの解析と把握を行うオープンソースであるBioConductorを基盤にしています。Gene Expression Collection では、Pipeline Pilot のグラフィカルなプロトコル作成機能を利用することで、コードを書かずにBioConductorに基づいた複雑なワークフローを作成することができます。また、配列解析やレポートなどの Pipeline Pilot に基づく他のプロセスと、Gene Expression による解析との結合を簡単に行えるようになります。

GENE EXPRESSION COLLECTION を使用すると、次のことを実現できます。

- ・ 遺伝子発現実験の解析とアノテーション
- ・ RでプログラミングをしないBioConductorツール (BioConductorに基づく統計計算とグラフィック機能に対応した著名なパブリック・ドメイン・パッケージ)の使用
- ・ 他の解析手法に比べ容易なプロトコルの構築
- ・ R Statistics や Text Analytics Collection、など、他の Pipeline Pilot Collection で実施された解析結果と、R/BioConductor による解析結果との統合
- ・ Rグラフィックスと Reporting Collection の両方の要素を記載する、包括的なレポートの作成



実験結果の読み込み

Affymetrix®やAgilentの実験装置では、いくつかのBioConductorパッケージ(affy、affyPLM、plier、limmaなど)を使用して、そのデータの読み込みと処理を行います。バックグラウンド補正、正規化、要約などの処理ができます。Excel実験リーダーによって、既存のスプレッドシートから直接データをインポートできます。GEO および SOFT のリーダーでは、NCBI の Gene Expression Omnibusからデータを処理できます。

実験結果の解析

Fold change や一組の差次的発現は、複数の対照用にオプションコントロールでStudentのT検定法かWilcoxon検定法を用いて、実験結果全体に対してすぐに計算されます。遺伝子のサブセットは、データのコピーや複製をしなくても、すべて計算またはアノテーションに基づいて定義できます。サブセットはOutlier Filter や Top N Filter などの一般的なコンポーネントを使用しても定義できます。設定操作(結合、交差、減法など)は、既存のサブセットを基に実施できます。階層平均やK平均などのクラスタリングコンポーネントも提供されています。

データの操作

遺伝子発現実験が非常に大規模な場合があります。遺伝子のサブセットがいったん特定されると、重要でない部分の実験は実験記録から削除して、後工程の処理の時間を短縮することができます。さらに、個々の遺伝子を抽出できるため、Sequence Analysis Collectionと容易に統合することができます。

結果のアノテーション

アノテーション(記述子、経路識別子、Gene Ontology用語など)は、ベンダが提供するデータを使用して、BioConductorのAnnaffyパッケージから追加できます。さらに、既存のフラットファイルからアノテーションをインポートできます。

表示とレポートツール

BioConductor のグラフ機能を使用するか、Pipeline Pilot の Reporting Collection を使用して独自のグラフやレポートを作成できます。BioConductorは、高度なグラフや図表を備えていますが、その設定と活用が難しい場合があります。Gene Expression Collectionを使用すると、これらの標準BioConductorレポート機能を簡単に利用できるようになります。また、Reporting Collection を使用して、データの表示機能をさらに実装することもできます。このため、ハイパーリンクやヒントなどの表示を制御する機能をさらに充実することができます。提供されるコンポーネントは、ヒートマップ、アノテーションテーブル、平行座標プロットなどです。

他のPIPELINE PILOT COLLECTIONとの統合

Gene Expression Collection のコンポーネントは、Sequence Analysis、R Statistics、Data Modeling、Chemistry Collections(経路経路)などの既存コレクションのコンポーネントと、シームレスに連携するように設計されています。

Pipeline Pilotの詳細については、次のURLを参照して下さい。
<http://accelrys.co.jp/products/pipeline-pilot>