new GeneSpringGXによるマイクロアレイデータ解析アプローチ

問題点 Problem

マイクロアレイ等の網羅的な発現解析を行った場合、サンプル間の誤差や実験誤差により、適切な比較結果が得られない、また、結果として得られた遺伝子リストをどのように解釈したらよいかがわからない等の問題点が多くありました。

解決法 Solution

アジレントが提供するGeneSprinGXは各社のアレイ・プラットフォームに対応し、サンプル間誤差の正規化や変動遺伝子の抽出、さらに抽出した遺伝子リストの生物学的な解釈まで研究者をサポートします。最新のGeneSpringGXでは、miRNAアレイやExonアレイ、RTPCRのデータにも対応し幅広い実験プラットフォームに対応しています。

サンプル間誤差や実験誤差

全てのサンプルや実験には必ず誤差が含まれています。どのステップでどの程度の誤差が含まれているかを考慮することによって、解析結果として言えることと言えないことがはっきりします。GeneSpringGXでは、Quality check機能で誤差の原因を予測することができます（図1）。

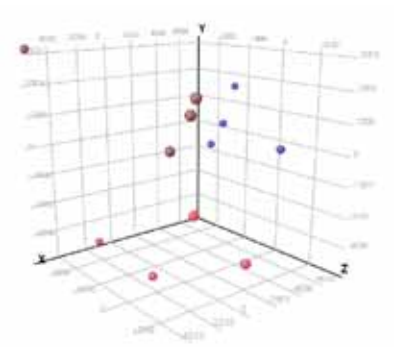

図1

正規化

実験誤差と考えられるばらつきを正規化することで、生物学的な変動を見つけやすくすることができます。GeneSpringGXではmedian shift、Quantile、Scalingなど複数の正規化法を使用できます。

フィルタリング

発現量や再現性などの指標に信頼できないデータをフィルタリングすることで、その後の解析に使用する信頼できるデータを作成します。

発現差解析

繰り返し実験を行ったデータはT検定やANOVAなどの統計検定を行うことによって、再現性良く変化した遺伝子を抽出することができます（図2）。

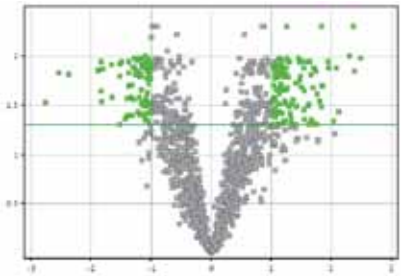

図2

生物学的な解釈

マイクロアレイでは解析後に数多くの遺伝子が発現変動を示します。こういった膨大なデータを一つ一つ眼で見ていくのは現実的ではありません。GeneSpringGXはGO Analysis機能（図3）やFind Significant Pathway機能（図4）で、解析結果と関連性の高い生物学的な情報を抽出します。

図3

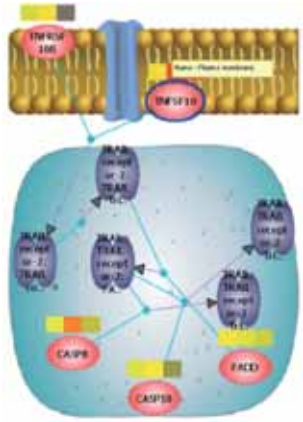

図3

その他のツール

NCBIからマイクロアレイのプラットフォームに依存しない、生物種ごとのBiological Genomeをダウンロードすることにより、マイクロアレイやそれ以外の実験データにも膨大なアノテーションを付与することができます。

また、異なる生物種間でもHomology Table機能を使用することでIDの変換テーブルを作成し、遺伝子リストを異なる生物種に翻訳することが可能です。