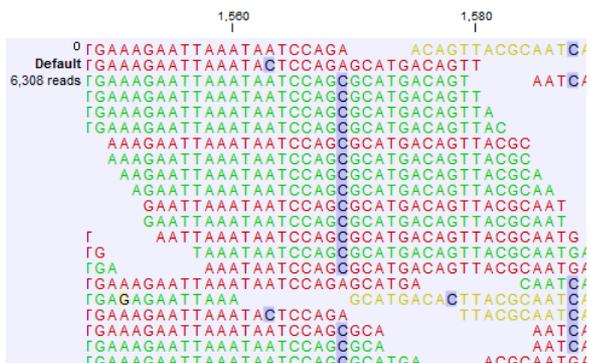


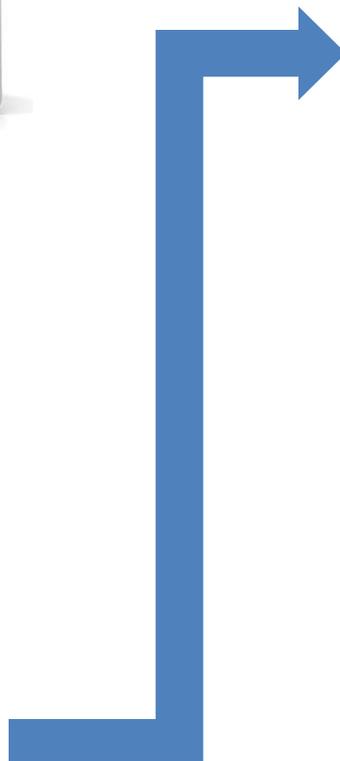
# NGSデータ解析入門Webセミナー： RNA-Seq解析編



✓ シーケンス

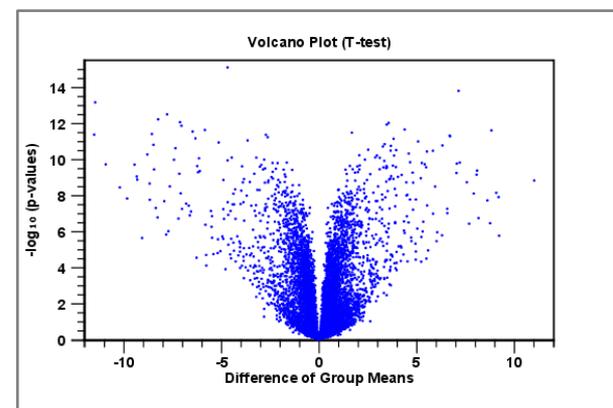


✓ マッピング

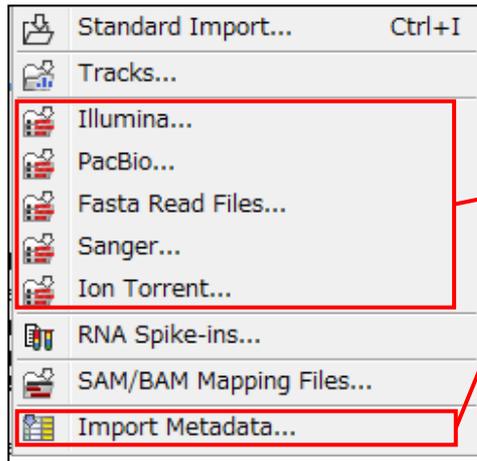


Name	TPM	Exons	Gene ID
ACACA	38.28	67	ENSG00000132142
TADA2A	1,260.19	50	ENSG00000108264
RP11-378E13.4	0.00	2	ENSG00000267613
CTC-421K24.1	0.00	2	ENSG00000267562
DUSP14	1,352.28	6	ENSG00000161326
SYNRG	2,746.28	56	ENSG00000006114
RP11-697E22.1	0.00	2	ENSG00000267542
DDX52	1,331.14	35	ENSG00000141141

✓ 遺伝子発現量測定



✓ サンプル間比較・機能解析など



## シーケンスデータ・メタデータのインポート

- NGS data import
- Import Metadata

## クオリティチェック

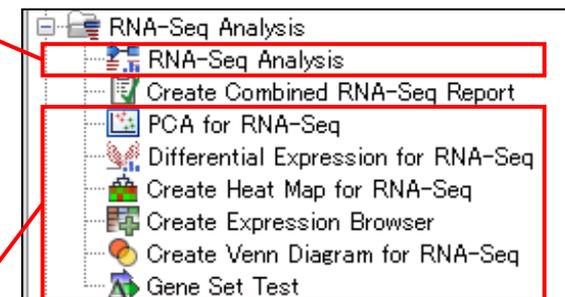
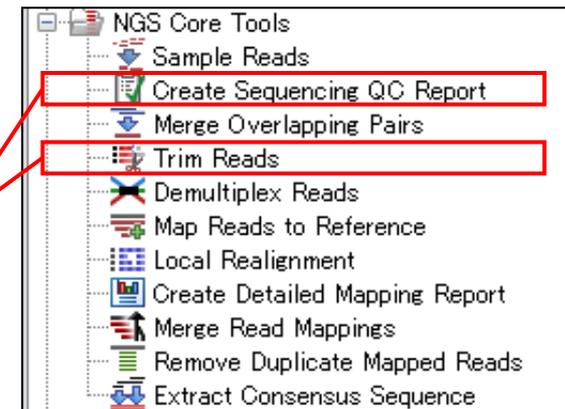
- Create Sequencing QC Report
- Trim Reads

## 参照ゲノム配列へのマッピング・ 遺伝子発現量の測定

- RNA-Seq Analysis

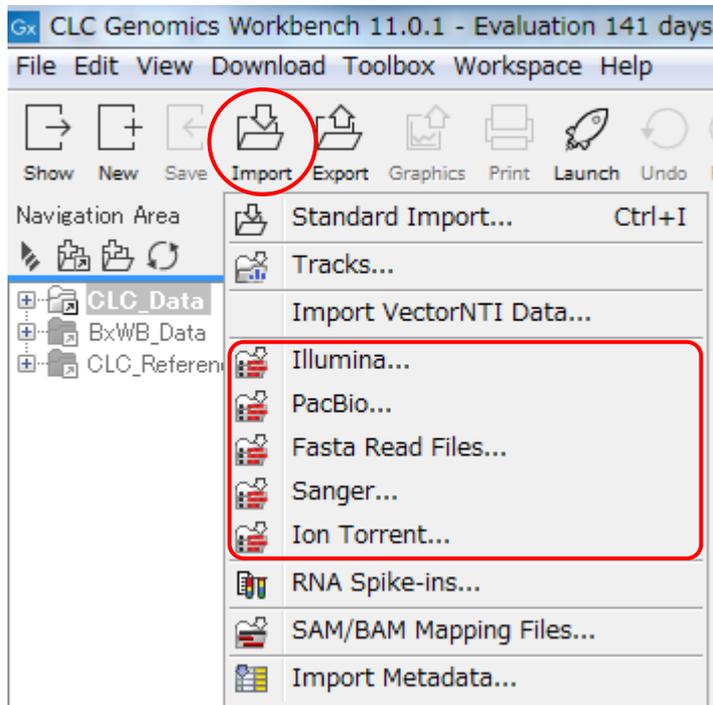
## サンプル間比較・機能解析

- PCA for RNA-Seq
- Differential Expression for RNA-Seq
- Create Heat Map for RNA-Seq
- Create Expression Browser
- Create Benn Diagram for RNA-Seq
- Gene Set Test



データインポート  
～  
遺伝子発現量測定

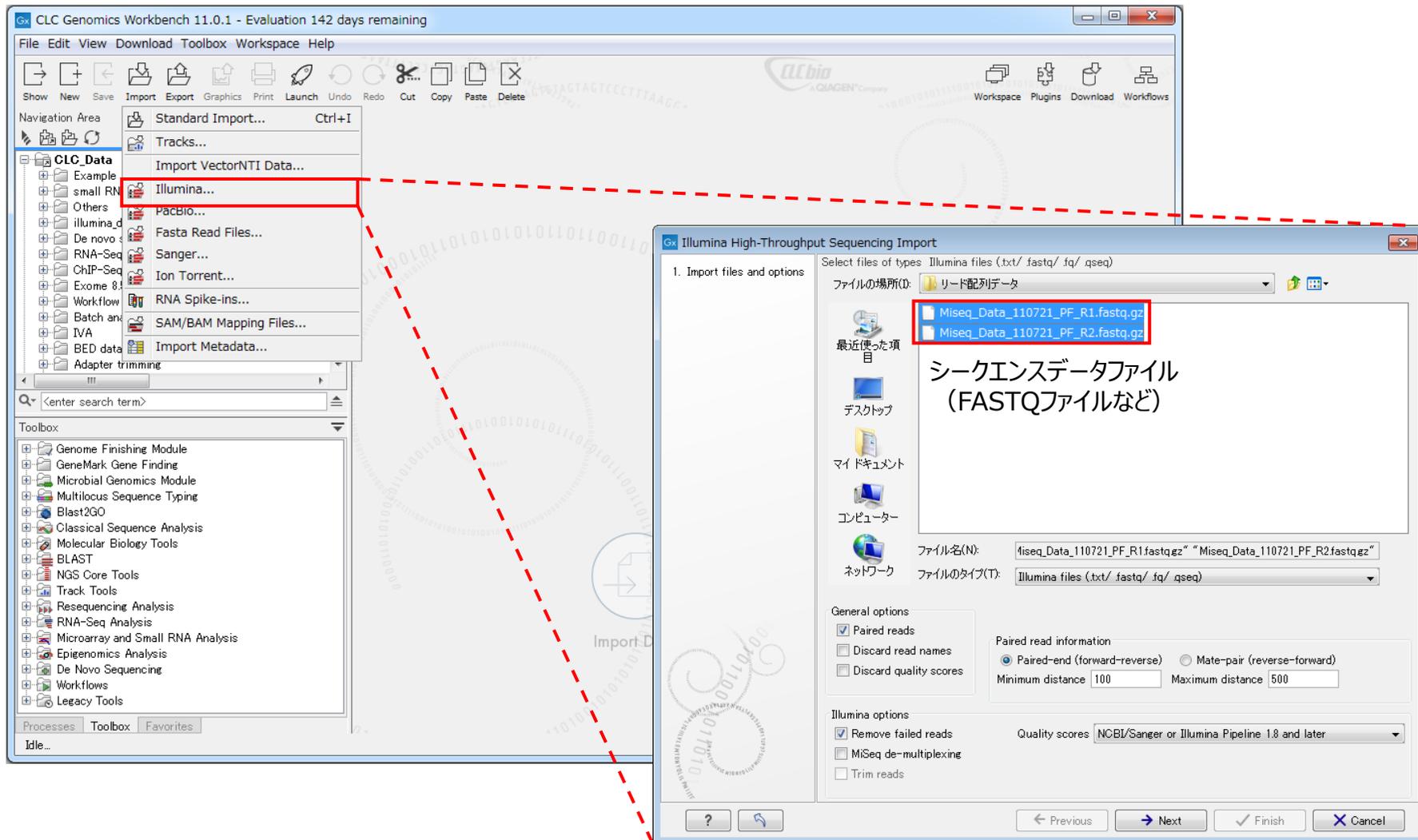
- ✓ CLC Genomics Workbench, Biomedical Genomics Workbenchともに、シーケンサー機種やファイルフォーマットに合せたインポートメニューを利用可能
- ✓ ToolbarのImportアイコンから表示されるインポーターから選択して、インポートを実行



プラットフォーム	ファイル形式
<b>Illumina</b>	.txt .fastq .fq .qseq
<b>PacBio</b>	.bas.h5/ .bax.h5 .fastq .fq .fasta .fa .fna
<b>Ion Torrent<sup>※</sup></b>	.sff .fastq .fq

※Ion TorrentのUnmapped BAMファイルは、Standard Importよりインポートを行う

# High-Throughput Sequencing Import



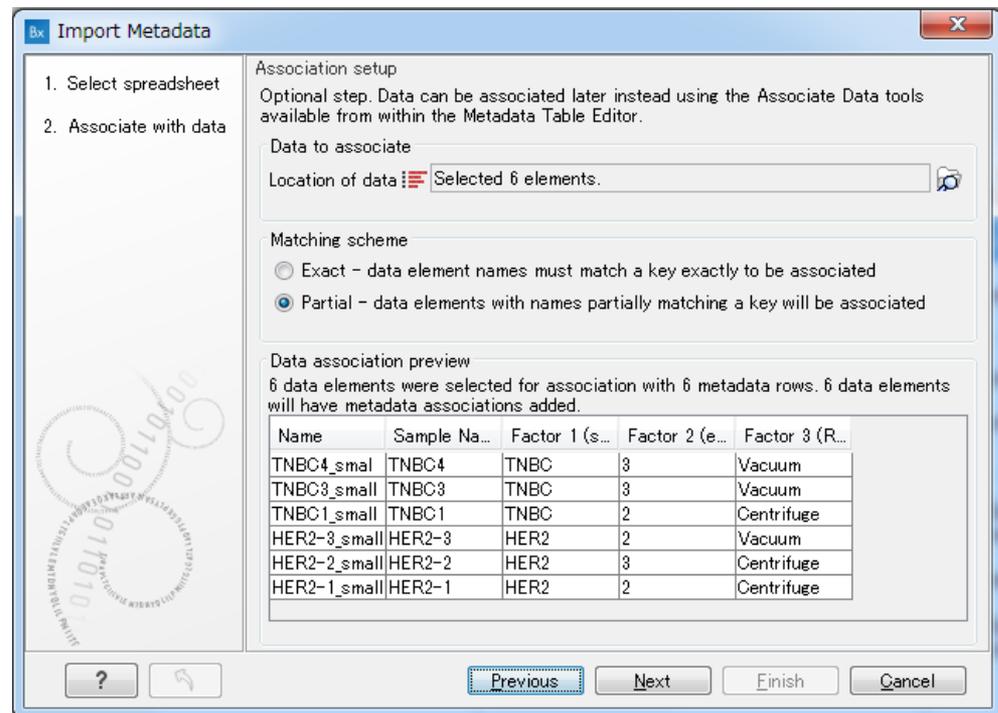
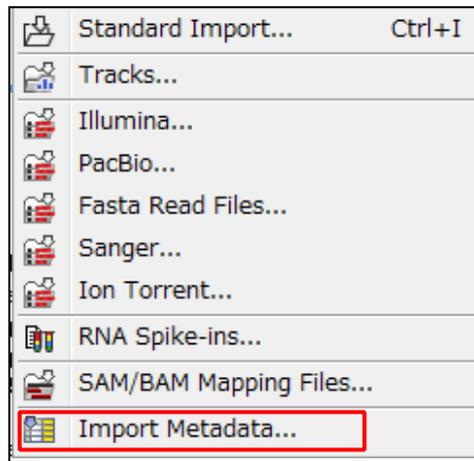
- ✓ シークエンサー機種などに合わせてメニューを選択し、シーケンスタデータファイルを選択
- ✓ ペアエンドシーケンスタデータのインポートにも対応

# High-Throughput Sequencing Import

The screenshot displays the CLC Genomics Workbench 11.0.1 interface. The main window shows a list of sequence reads with their corresponding quality scores. The reads are displayed in a grid format, with the sequence and quality score bar for each read. The reads are labeled with coordinates and strand information, such as 12001:1533 1:N:0:0 and 12001:1533 2:N:0:0. The quality scores are represented by a bar chart below each sequence, with a scale from 0 to 64. The interface includes a navigation area on the left, a toolbox at the bottom left, and a settings panel on the right. The settings panel is titled 'Sequence List Settings' and includes options for 'Sequence layout', 'No spacing', 'Double stranded', 'Numbers on sequences', 'Relative to', 'Numbers on plus strand', 'Hide labels', 'Lock labels', 'Sequence label', 'Name', 'Annotation layout', 'Annotation types', 'Show annotations', 'Position', 'Offset', 'Label', 'Show arrows', 'Use gradients', 'Restriction sites', 'Motifs', 'Residue coloring', 'Nucleotide info', 'Find', and 'Text format'. The 'Sequence List Settings' panel is currently open, showing the 'Sequence layout' section with 'No spacing' selected and 'Numbers on sequences' checked. The 'Relative to' field is set to 1. The 'Annotation layout' section has 'Show annotations' checked. The 'Position' dropdown is set to 'Next to sequen...', 'Offset' is 'Little offset', and 'Label' is 'Stacked'. The 'Restriction sites', 'Motifs', 'Residue coloring', 'Nucleotide info', 'Find', and 'Text format' sections are currently collapsed.

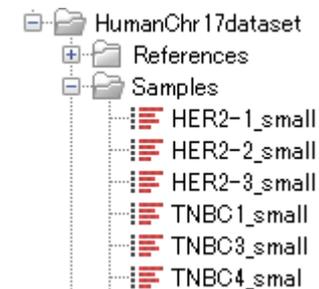
- ✓ シーケンスデータがインポートされ、各種解析に使用できるようになる
- ✓ 各リードの塩基配列やクオリティスコアを確認できる

- ✓ 後にサンプル間比較用ツールを使用する場合、サンプルのグループ分類やグラフ表示に用いる属性情報などを、Excelファイルなどにメタデータとしてまとめておく必要がある。
- ✓ 作成したメタデータファイルは、先にインポートしておいた各サンプルのシーケンスデータと関連付けてソフトウェアにインポートすることで、シーケンスデータおよびそこから派生する各種解析データに情報が付加され、後の解析に使用できるようになる。



# Import Metadata

	A	B	C	D
1	Sample Name	Factor 1 (sample)	Factor 2 (environment)	Factor 3 (RNA prep)
2	HER2-1	HER2		2 Centrifuge
3	HER2-2	HER2		3 Centrifuge
4	HER2-3	HER2		2 Vacuum
5	TNBC1	TNBC		2 Centrifuge
6	TNBC3	TNBC		3 Vacuum
7	TNBC4	TNBC		3 Vacuum



Sample Name	Factor 1 (sample)	Factor 2 (environment)	Factor 3 (RNA prep)
HER2-1	HER2	2	Centrifuge
HER2-2	HER2	3	Centrifuge
HER2-3	HER2	2	Vacuum
TNBC1	TNBC	2	Centrifuge
TNBC3	TNBC	3	Vacuum
TNBC4	TNBC	3	Vacuum

▼ Metadata Refresh

▼ From 'Samples' Refresh Delete Edit

This Sequence list is 'Read data' for:

Sample Name : HER2-1

Factor 1 (sample) : HER2

Factor 2 (environment) : 2

Factor 3 (RNA prep) : Centrifuge

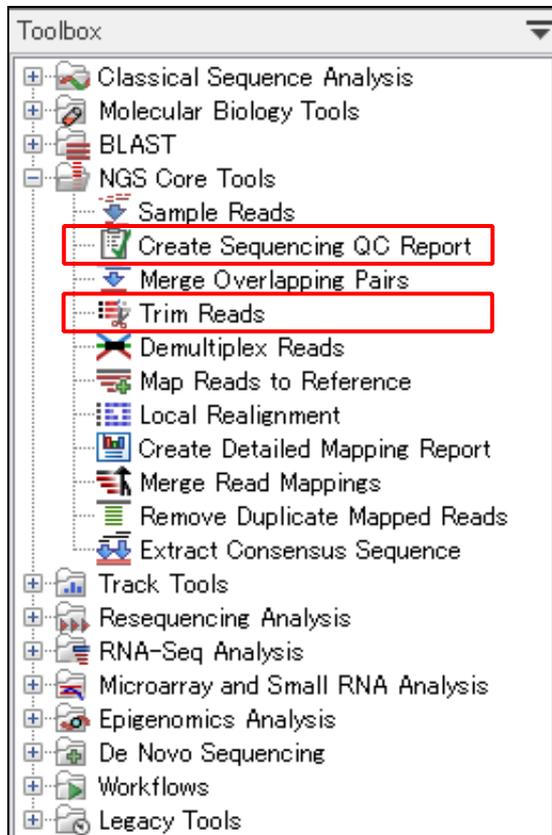
▶ Read group Edit

▶ Paired status Edit

Local Attribute Fields

- ✓ インポート後、メタデータテーブルが作成され、また関連付けに用いられたシーケンスデータにも、テーブルのデータが付加される。

- ✓ インポートしたシーケンスデータに対して、クオリティチェックレポートの作成や、低クオリティリードの除去などを行う
- ✓ その他、重複リードの除去や、マルチプレックスシーケンス時のサンプルバーコードのソートなどの、各種データ前処理用ツールなども利用が可能

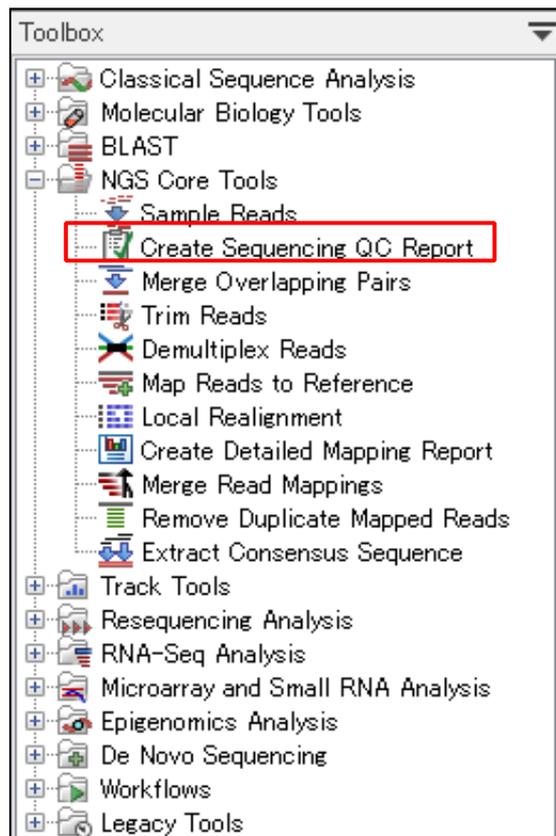


## Create Sequencing QC Report

- インポートしたシーケンスデータのクオリティやPCR Duplicate の状況などを確認するためのレポートを作成

## Trim Reads

- アダプターの除去、クオリティスコアによる除去、長さを指定した除去などを選択・組み合わせて、リードのトリミングを実行

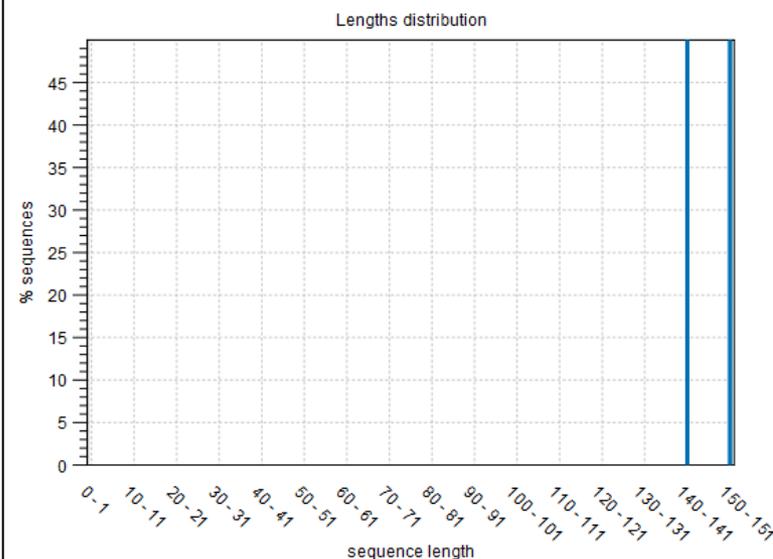


## 1 Summary

Creation date:	Sat Aug 11 21:37:50 JST 2018
Generated by:	Ozawa
Software:	CLC Genomics Workbench 11.0.1
Based upon:	1 data set
s_G1_L001_R1_001.fastq (paired):	16,386 sequences in pairs
Total sequences in data set	16,386 sequences
Total nucleotides in data set	2,384,163 nucleotides

## 2 Per-sequence analysis

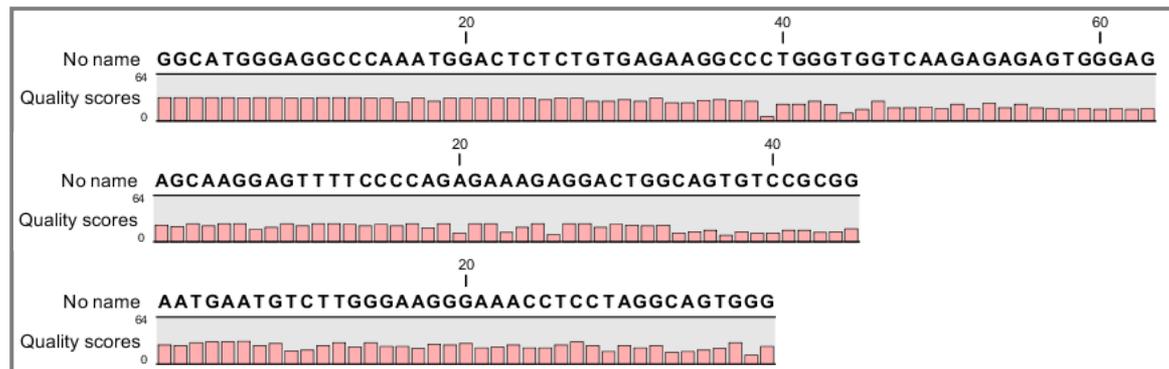
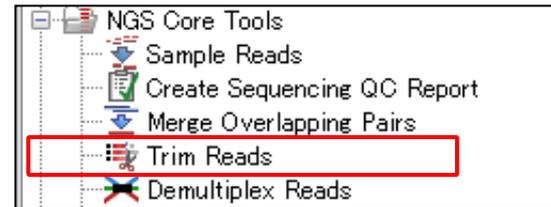
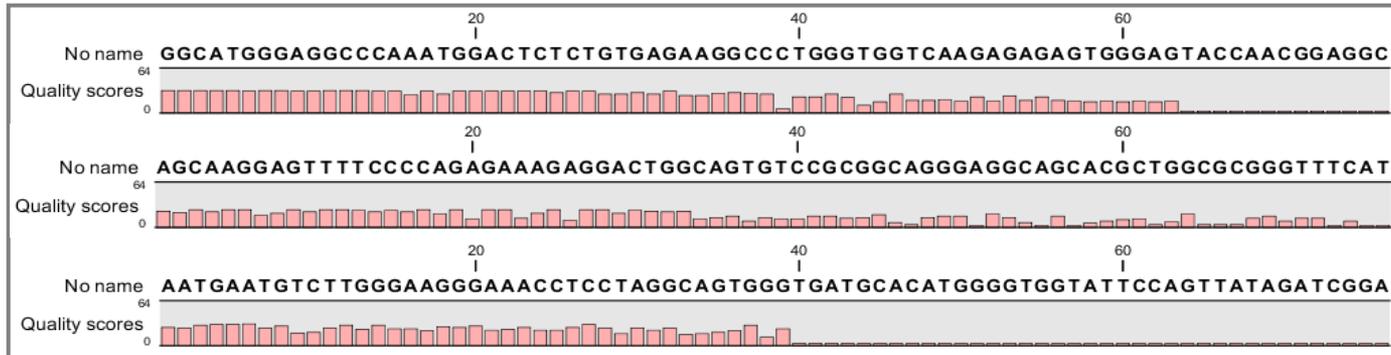
### 2.1 Lengths distribution



Distribution of sequence lengths. In cases of untrimmed Illumina or SOLiD reads it will just contain a single peak.  
x: sequence length in base-pairs  
y: number of sequences featuring a particular length normalized to the total number of sequences

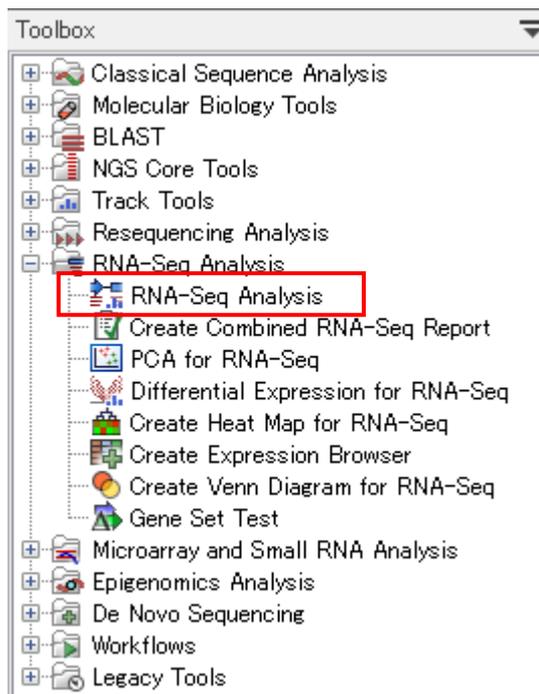
- ✓ Create Sequencing QC Reportでは、シーケンスデータのクオリティ情報をまとめたレポートが作成される
- ✓ GC含量やクオリティスコア分布などのグラフデータや数値データを確認が可能

# Trim Reads



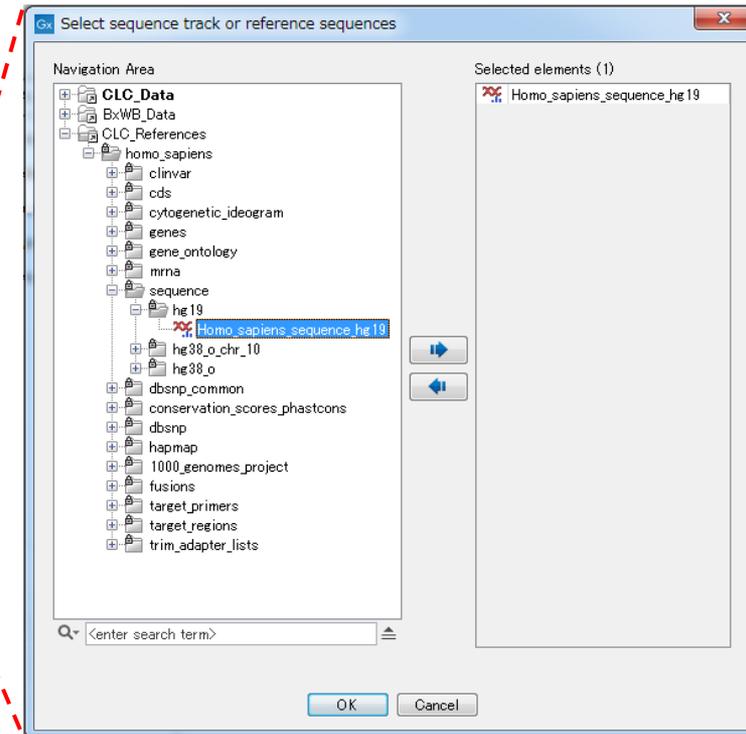
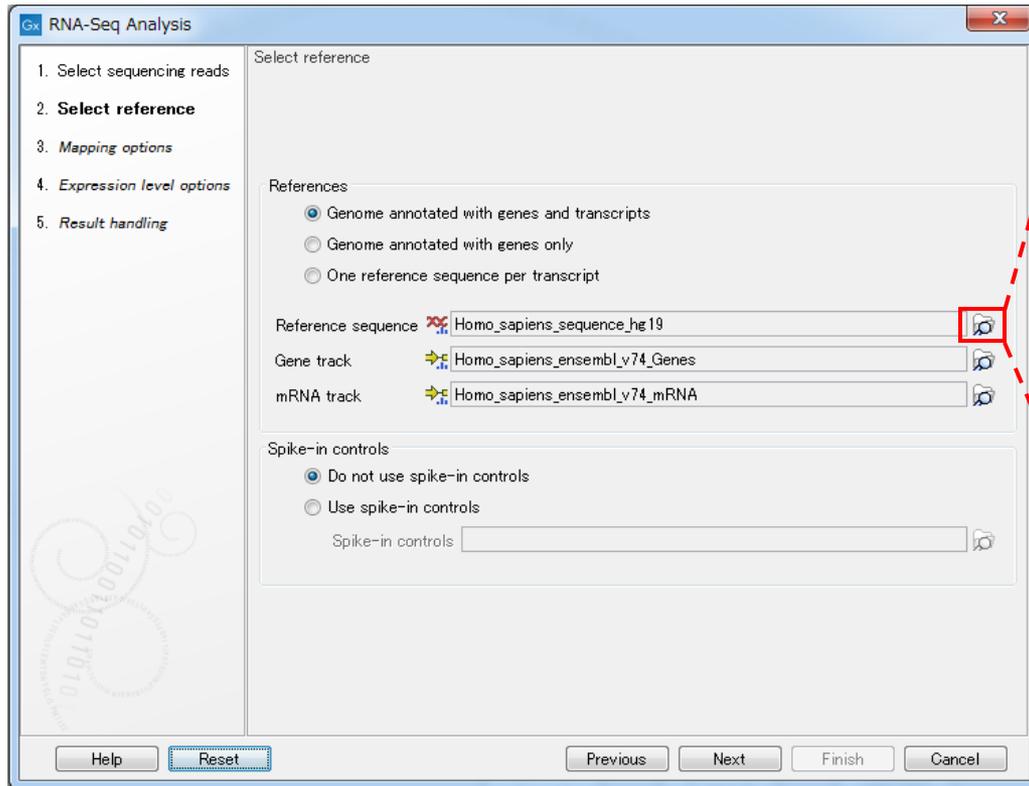
- ✓ Trim Readsの使用により、各リードの低クオリティ部分がカットされる
- ✓ その他、アダプター配列の除去なども可能

- ✓ サンプルのシーケンスデータを参照ゲノムあるいは遺伝子配列にマッピングを行い、遺伝子ごとの発現量のカウントを行う
- ✓ 遺伝子ごとあるいは転写物ごとの発現量データのほか、マッピングデータや融合遺伝子候補のデータも得ることができる



## RNA-Seq Analysis

- 任意の参照ゲノムや遺伝子配列に対して、シーケンスデータのマッピングを行い、同時に遺伝子発現量の測定を行う



- ✓ RNA-Seq Analysisでは、実行時のオプションパラメータで、任意の参照ゲノム配列およびアノテーションデータを選択が可能
- ✓ ヒト、マウス、ラットなどのモデル生物の参照ゲノムデータは、ソフトウェア標準搭載のダウンロードツールから取得でき、その他NCBIに登録されている参照ゲノムデータや、ユーザーカスタム作成の遺伝子配列データを使用することも可能

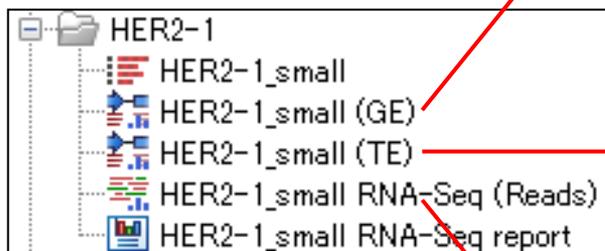
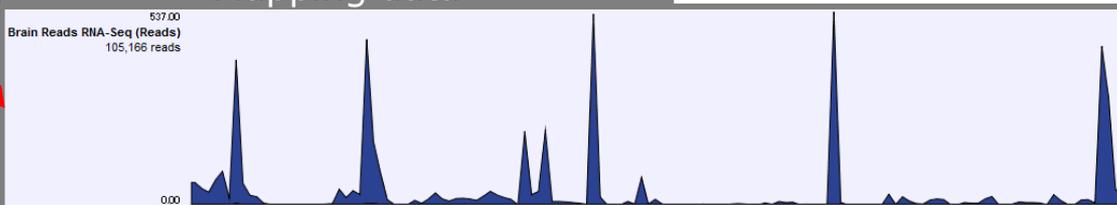
## Gene-Level Expression data

Name	TPM	Exons	Gene ID	ENSEMBL
ACACA	38.28	67	ENSG00000132142	<a href="#">ENSG00000132142</a>
TADA2A	1,260.19	50	ENSG00000108264	<a href="#">ENSG00000108264</a>
RP11-378E13.4	0.00	2	ENSG00000267613	<a href="#">ENSG00000267613</a>
CTC-421K24.1	0.00	2	ENSG00000267562	<a href="#">ENSG00000267562</a>
DUSP14	1,352.28	6	ENSG00000161326	<a href="#">ENSG00000161326</a>
SYNRG	2,746.28	56	ENSG00000006114	<a href="#">ENSG00000006114</a>
RP11-697E22.1	0.00	2	ENSG00000267542	<a href="#">ENSG00000267542</a>
DDX52	1,331.14	35	ENSG00000141141	<a href="#">ENSG00000141141</a>

## Transcript-Level Expression data

Name	TPM	Gene name	Transcript ...	Exons	Gene ID	Transcript ID
ACACA_1	0.00	ACACA	9962	56	ENSG00000132142	ENST00000353139
ACACA_2	0.00	ACACA	1469	10	ENSG00000132142	ENST00000456066
ACACA_3	59.45	ACACA	1064	5	ENSG00000132142	ENST00000413318
ACACA_4	59.45	ACACA	1064	5	ENSG00000132142	ENST00000416895
ACACA_5	0.00	ACACA	1627	8	ENSG00000132142	ENST00000451642
ACACA_6	17.64	ACACA	717	2	ENSG00000132142	ENST00000587545
ACACA_7	0.00	ACACA	918	2	ENSG00000132142	ENST00000589665
TADA2A_1	220.12	TADA2A	4253	16	ENSG00000108264	ENST00000394395
TADA2A_2	257.06	TADA2A	689	5	ENSG00000108264	ENST00000585341

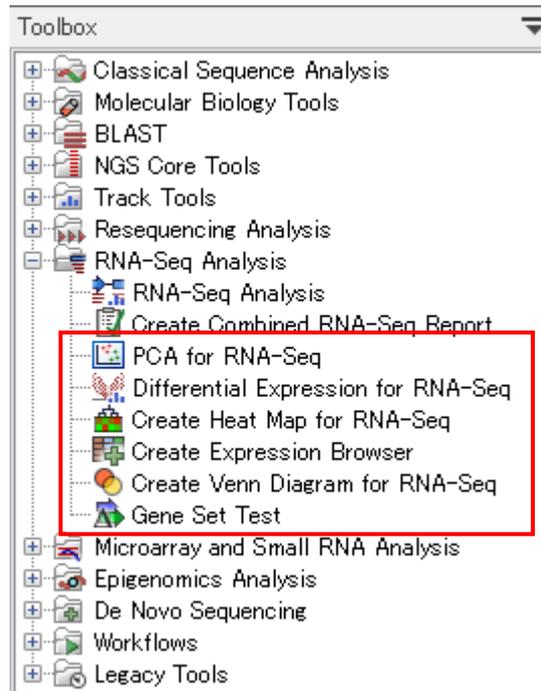
## Mapping data



- ✓ 標準では各種発現データとマッピングデータが出力される
- ✓ オプション設定で、マッピング結果のレポートと融合遺伝子候補リストも出力が可能

# サンプル間比較・機能解析

- ✓ 各サンプルごとの遺伝子発現量データを取得した後は、それらデータを用いて統計処理によりサンプル間比較を行い、発現変動遺伝子の探索やグラフ作成、遺伝子機能解析を行う
- ✓ サンプルのグループ情報や属性情報をまとめたメタデータが必要となるツールもある



## PCA for RNA-Seq :

- 主成分分析 (Principal Component Analysis)

## Differential Expression for RNA-Seq :

- 発現変動遺伝子の解析

## Create Heat Map for RNA-Seq :

- 二次元階層クラスタリング解析とヒートマップ作成

## Create Expression Browser :

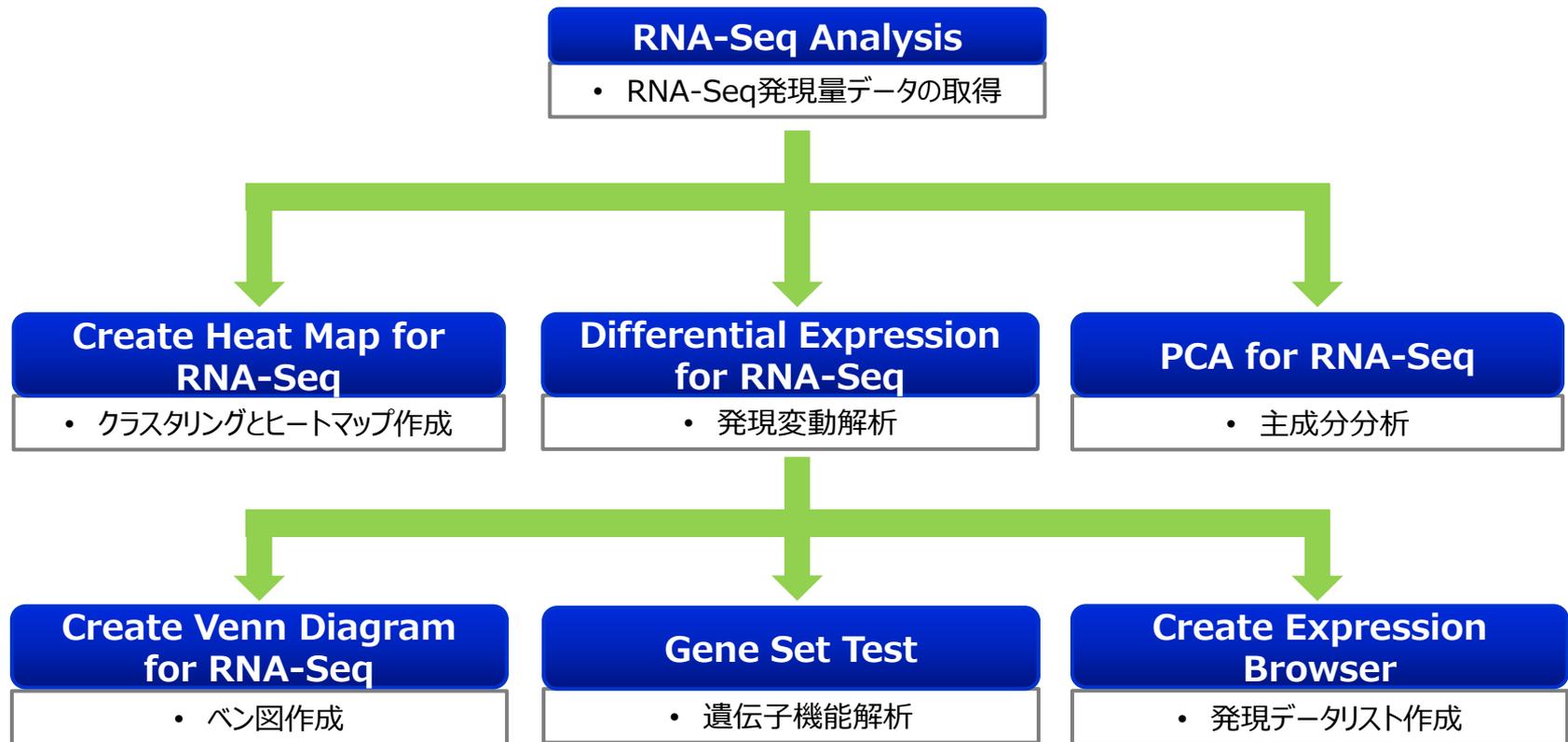
- 各種データの統合リストの作成

## Create Venn Diagram for RNA-Seq :

- 発現変動遺伝子リストのベン図作成

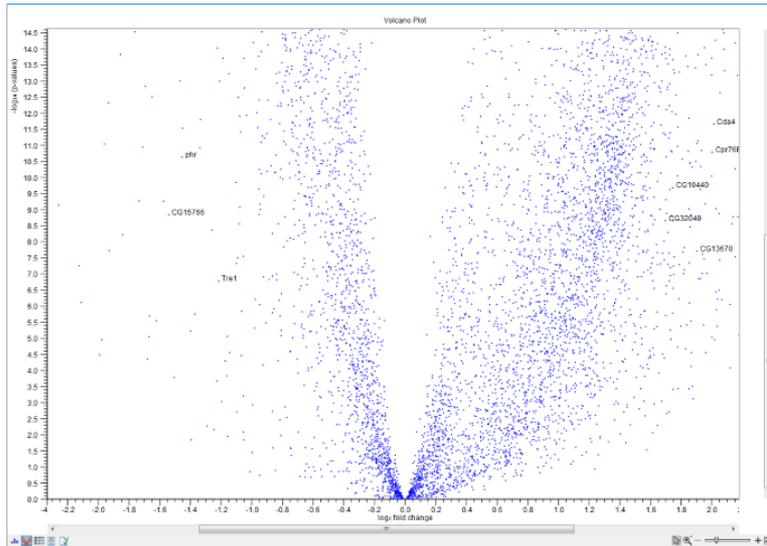
## Gene Set Test :

- 発現変動遺伝子の機能解析



- ✓ PCA for RNA-Seq, Differential Expression for RNA-Seq, Create Heat Map for RNA-Seq の3ツールでは、TMM法により、サンプル間のデータの正規化が自動で行われる





- ✓ 発現量データを用いて、サンプル間の発現変動遺伝子解析を行うためのツール
- ✓ サンプル間の発現変動を示すFold ChangeとP値が計算され、発現変動遺伝子のフィルタリングやボルケーノプロットによる表示が可能
- ✓ Track表示の際、変動の大きさに基づき、各遺伝子を色分けして表示が可能

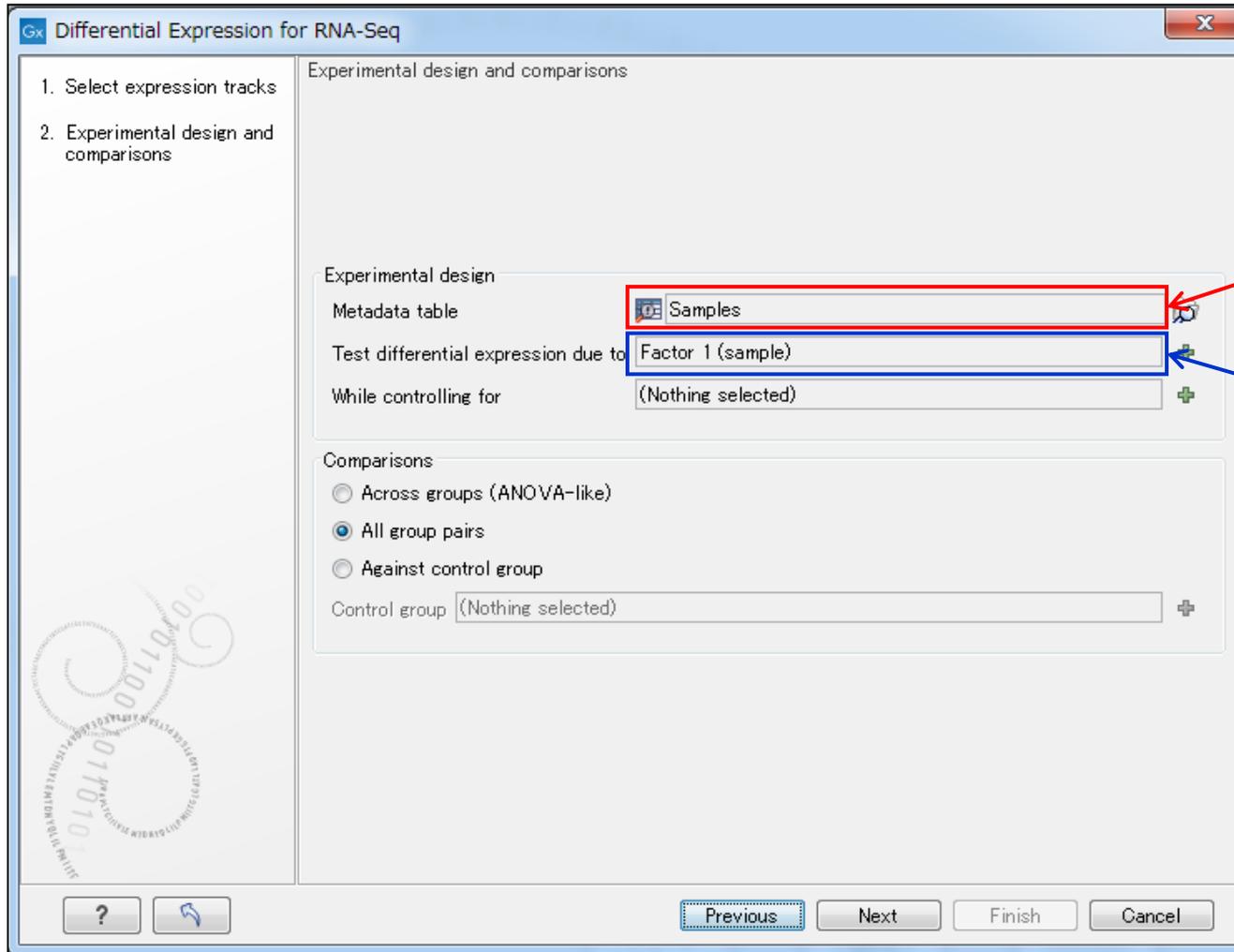
Match any    Match all

Fold change >= 2  

P-value < 0.05  

Rows: 218   Table view: Homo sapiens

Name	Chromosome	Region	Max group mean	Log <sub>2</sub> fold change	Fold change	P-value	FDR p-value	Bonferroni
ARL5C	17	complement(37313147..37323737)	15.73	3.10	8.58	0.22	0.62	1.00
RP5-906A24.2	17	37329543..37333756	5.77	-2.89	-7.41	0.35	0.79	1.00
CACNB1	17	complement(37329709..37353956)	196.36	0.73	1.66	0.21	0.62	1.00
RPL19	17	37356536..37360980	20,261.54	-1.54	-2.91	0.21	0.62	1.00
STAC2	17	complement(37366789..37382125)	2,154.08	3.88	14.67	2.60E-4	0.01	0.06
RP11-690G19.4	17	37394719..37407071	1.95	-2.89	-7.41	0.35	0.79	1.00
RP11-690G19.3	17	complement(37408897..37410550)	0.00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
FBXL20	17	complement(37415384..37558776)	817.84	-1.96	-3.90	8.22E-3	0.12	1.00
AC005288.1	17	complement(37453658..37453742)	0.00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
CTB-131K11.1	17	37558046..37562486	184.19	-1.41	-2.66	0.07	0.40	1.00
MED1	17	complement(37560538..37607539)	4,118.41	-2.05	-4.13	0.04	0.29	1.00
CDK12	17	37617764..37721160	3,362.32	-2.36	-5.13	0.03	0.24	1.00
RNU6-981P	17	complement(37638739..37638843)	0.00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
RNU6-233P	17	complement(37702357..37702497)	0.00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
NEUROD2	17	complement(37759789..37766030)	9.71	-1.56	-2.96	0.27	0.70	1.00
AC087491.2	17	37775866..37778766	28.82	-0.74	-1.67	0.57	0.93	1.00
PPP1R1B	17	37782993..37792879	8,905.23	-2.66	-6.33	0.03	0.24	1.00
STARD3	17	37793318..37819737	3,669.46	-2.90	-7.44	9.99E-4	0.03	0.22
TCAP	17	37820440..37822808	165.31	-2.45	-5.46	3.32E-3	0.09	0.72



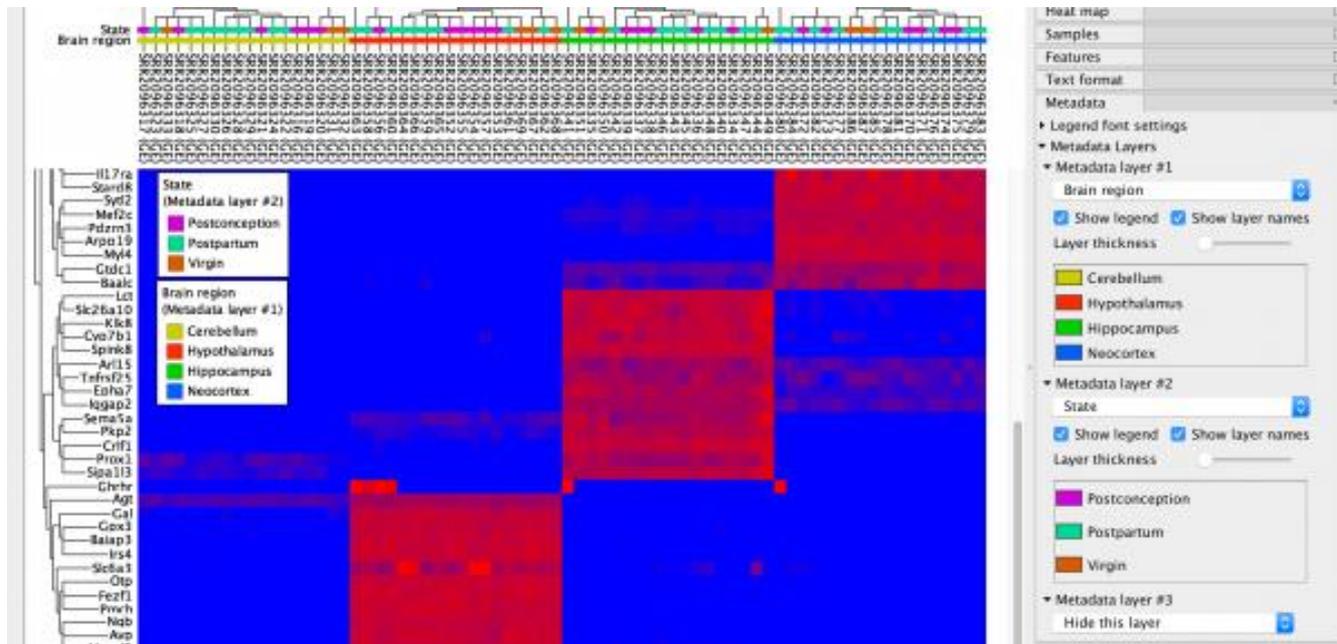
メタデータテーブル

グループ分類フィールド

- ✓ ツール使用の際は、あらかじめインポートしておいたメタデータテーブルと、テーブル内のキーとなるグループ分類フィールドを指定する

# Create Heat Map for RNA-Seq

- ✓ 発現量データを用いて、二次元階層型クラスタリングを行い、ヒートマップ表示を行うツール
- ✓ 発現変動を示す遺伝子や、任意の遺伝子リストに含まれる遺伝子のみを使用して、解析を実行することが可能
- ✓ あらかじめ関連付けておいた、サンプルメタデータのグループ分類情報に基づき、サンプルを色分けしたラベル表示が可能



# Create Heat Map for RNA-Seq

**Create Heat Map for RNA-Seq**

1. Select at least two expression tracks  
2. Set parameters

Set parameters

Distance

- Euclidean distance
- Manhattan distance
- 1 - Pearson correlation

Clusters

- Single linkage
- Average linkage
- Complete linkage

? Previous Next

**Create Heat Map for RNA-Seq**

1. Select at least two expression tracks  
2. Set parameters  
3. Set filtering

Set filtering

Filter settings

Filter settings: Fixed number of featur...

Keep fixed number of features

Fixed number of features: 25

Minimum counts in at least one sample: 10

Filter by statistics

Statistical comparison: [ ]

Minimum absolute fold change: 1.5

- P-value
- FDR p-value
- Bonferroni

Threshold: 0.05

Specify features

Feature track: [ ]

Keep these features: [ ]

? Previous Next Finish Cancel

- ✓ パラメータとして、クラスタリングのアルゴリズムやデータのフィルタリング設定を行う

# Create Expression Browser

- Differential Expression for RNA-Seqツールで作成した発現変動解析データと、RNA-Seqの発現データを統合したリストを作成するツール
- Gene Ontologyなどの遺伝子機能アノテーションデータも同時に表示させ、外部データベースへのリンクも使用可能になる

The screenshot displays the 'Expression Browser' interface. The main table shows gene expression data with columns for Name, Identifier, Database, Database identifier, Database symbol, and a description. The table is filtered to show 17,490 rows. The right-hand panel, titled 'Expression Browser Table Settings', allows users to customize the table's appearance and content, including options for Feature ID, Database, Database identifier, Database symbol, Qualifier, GO biological process, GO cellular component, GO molecular function, Database object name, Synonym, Database object type, Taxon ID, Date, Assigned by, Annotation extension, Gene product form ID, and buttons for 'Select All' and 'Deselect All'.

Name	Identifier	Database	Database identifier	Database symbol	
CR44667	<a href="#">FBan0265878</a>				
CG30025	<a href="#">FBan0050025</a>	FB	FBgn0050025	CG30025	<a href="#">proteolysis</a> (FB:FBFf0148886 [ISS] FB:FBgn0010358) (FB:FBFf0208688, <a href="#">PMID:19546158</a> [ISM])
CR43794	<a href="#">FBan0264338</a>				
PGRP-SC1b	<a href="#">FBan0033327</a>	FB	FBgn0033327	PGRP-SC1b	<a href="#">defense response</a> (FB:FBFf0133282, GO_REF:0000097 [NAS]) <a href="#">detection of bacterium</a> (FB:FBFf0130987, GO_REF:0000099 [NAS]) <a href="#">innate immune response</a> (FB:FBFf0179457, <a href="#">PMID:15199956</a> [TAS]) <a href="#">peptidoglycan catabolic process</a> (FB:FBFf0159028, <a href="#">PMID:12496260</a> [IDA])
CG43393	<a href="#">FBan0263250</a>	FB	FBgn0263250	CG43393	<a href="#">biological process</a> (FB:FBFf0159398, GO_REF:0000015 [ND])
CG7744	<a href="#">FBan0034447</a>				
dap	<a href="#">FBan0010316</a>	FB	FBgn0010316	dap	<a href="#">G1/S transition of mitotic cell cycle</a> (FB:FBFf0086753, GO_REF:0000097 [NAS]) <a href="#">cell cycle arrest</a> (FB:FBFf0174215, GO_REF:0000002 [IEA] InterPro:IPR003175) <a href="#">germanium-derived oocyte fate determination</a> (FB:FBFf0155699, <a href="#">PMID:12588841</a> [IMP]) <a href="#">histoblast morphogenesis</a> (FB:FBFf0194691, <a href="#">PMID:17166922</a> [IMP]) <a href="#">mitotic cell cycle</a> (FB:FBFf0193620, <a href="#">PMID:12055987</a> [IMP]) <a href="#">negative regulation of G1/S transition of mitotic cell cycle</a> (FB:FBFf0187405, <a href="#">PMID:15809036</a> [IMP]) <a href="#">negative regulation of cell cycle</a> (FB:FBFf0125237, <a href="#">PMID:10684581</a> [TAS]) (FB:FBFf0213913, <a href="#">PMID:21548953</a> [IDA]) <a href="#">negative regulation of protein dephosphorylation</a> (FB:FBFf0091107, <a href="#">PMID:8980229</a> [IDA]) (FB:FBFf0091210, <a href="#">PMID:8980230</a> [IDA]) <a href="#">oogenesis</a> (FB:FBFf0167269, <a href="#">PMID:14616073</a> [TAS]) <a href="#">open tracheal system development</a> (FB:FBFf0125237, <a href="#">PMID:10684581</a> [TAS]) <a href="#">regulation of cyclin-dependent protein serine/threonine kinase activity</a> (FB:FBFf0167269, <a href="#">PMID:14616073</a> [TAS]) <a href="#">regulation of protein kinase activity</a> (FB:FBFf0167269, <a href="#">PMID:14616073</a> [TAS]) <a href="#">sensory organ development</a> (FB:FBFf0161750, GO_REF:0000098 [NAS]) <a href="#">sensory organ precursor cell division</a> (FB:FBFf0187449, <a href="#">PMID:15829522</a> [IMP]) <a href="#">ventral cord development</a> (FB:FBFf0229273, <a href="#">PMID:26092715</a> [IMP])
Ir60d	<a href="#">FBan0259187</a>	FB	FBgn0259187	Ir60d	<a href="#">detection of chemical stimulus</a> (FB:FBFf0206496, <a href="#">PMID:19135896</a> [ISS] FB:FBgn0038789)
Jabba	<a href="#">FBan0259682</a>	FB	FBgn0259682	Jabba	<a href="#">biological process</a> (FB:FBFf0159398, GO_REF:0000015 [ND])
dpa	<a href="#">FBan0015929</a>	FB	FBgn0015929	dpa	<a href="#">DNA endoreduplication</a> (FB:FBFf0124359, GO_REF:0000106 [NAS]) <a href="#">DNA replication</a> (FB:FBFf0167269, <a href="#">PMID:14616073</a> [TAS]) (FB:FBFf0105495 [ISS] <a href="#">UniProtKB:P30664</a> ) (FB:FBFf0105495 [ISS] <a href="#">UniProt:</a>

# Create Expression Browser

<b>Canis lupus familiaris (rna)</b> GO Annotations EBI	1	3 (3 non-IEA)	9/19/2016	README	goa_dog_rna.gaf.gz (937 b)
<b>Homo sapiens</b> GO Annotations EBI	19055	354514 (272549 non-IEA)	9/19/2016	README	goa_human.gaf.gz (5 mb)
<b>Homo sapiens (complex)</b> GO Annotations EBI	71	148 (85 non-IEA)	9/19/2016	README	goa_human_complex.gaf.gz (6 kb)

Create Expression Browser

1. Select expression tracks

2. **Select additional data**

3. Result handling

Select additional data

Additional data (optional)

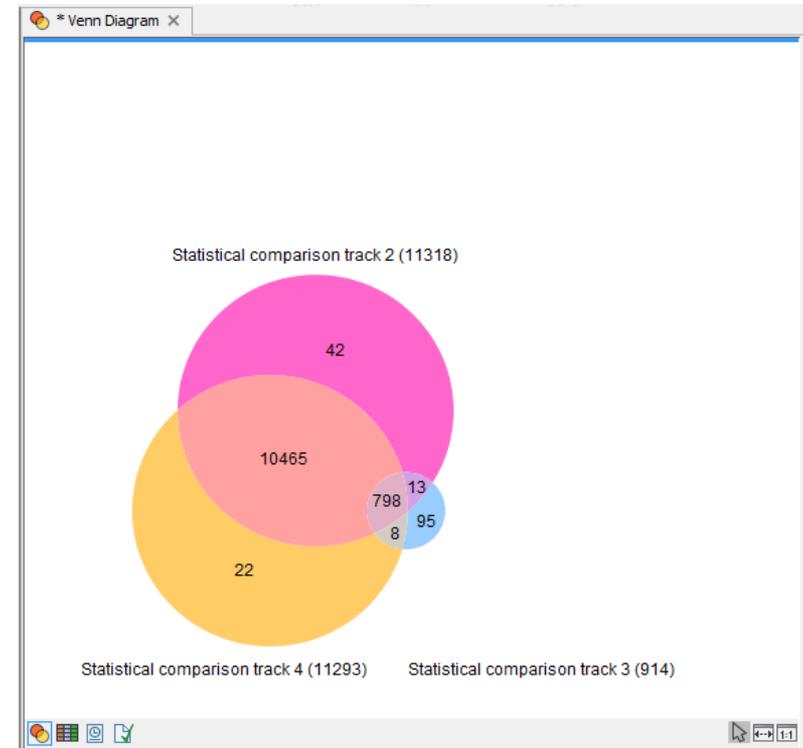
Statistical comparisons TNBC vs. HER2

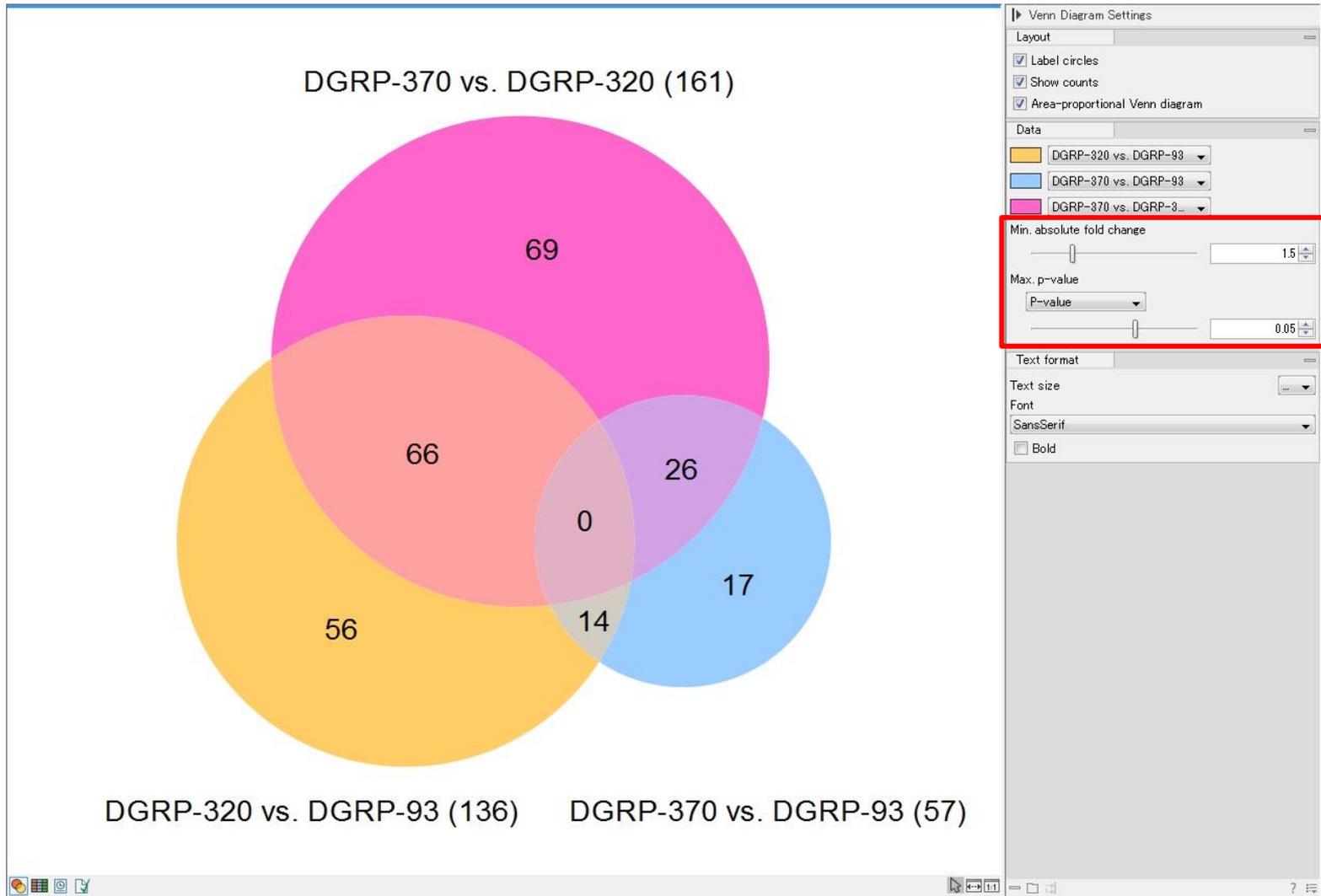
Annotation resource goa\_humangaf

Help Reset Previous **Next** Finish Cancel

- ✓ **the Gene Ontology** (<http://geneontology.org/page/download-annotations>) のサイトから、生物種ごとの遺伝子発現解析用アノテーションファイルをダウンロード可能し、アノテーションとして使用可能

- ✓ Differential Expression for RNA-Seqツールで作成した発現変動解析データを複数セット用いて、データ間の遺伝子の重複などを表すベン図の作成を行うツール
- ✓ ベン図上でFold ChangeやP値の閾値を変更し、変更結果をリアルタイムにベン図に反映が可能
- ✓ ベン図上の任意のエリアを選択することで、該当する遺伝子データを容易に取得が可能

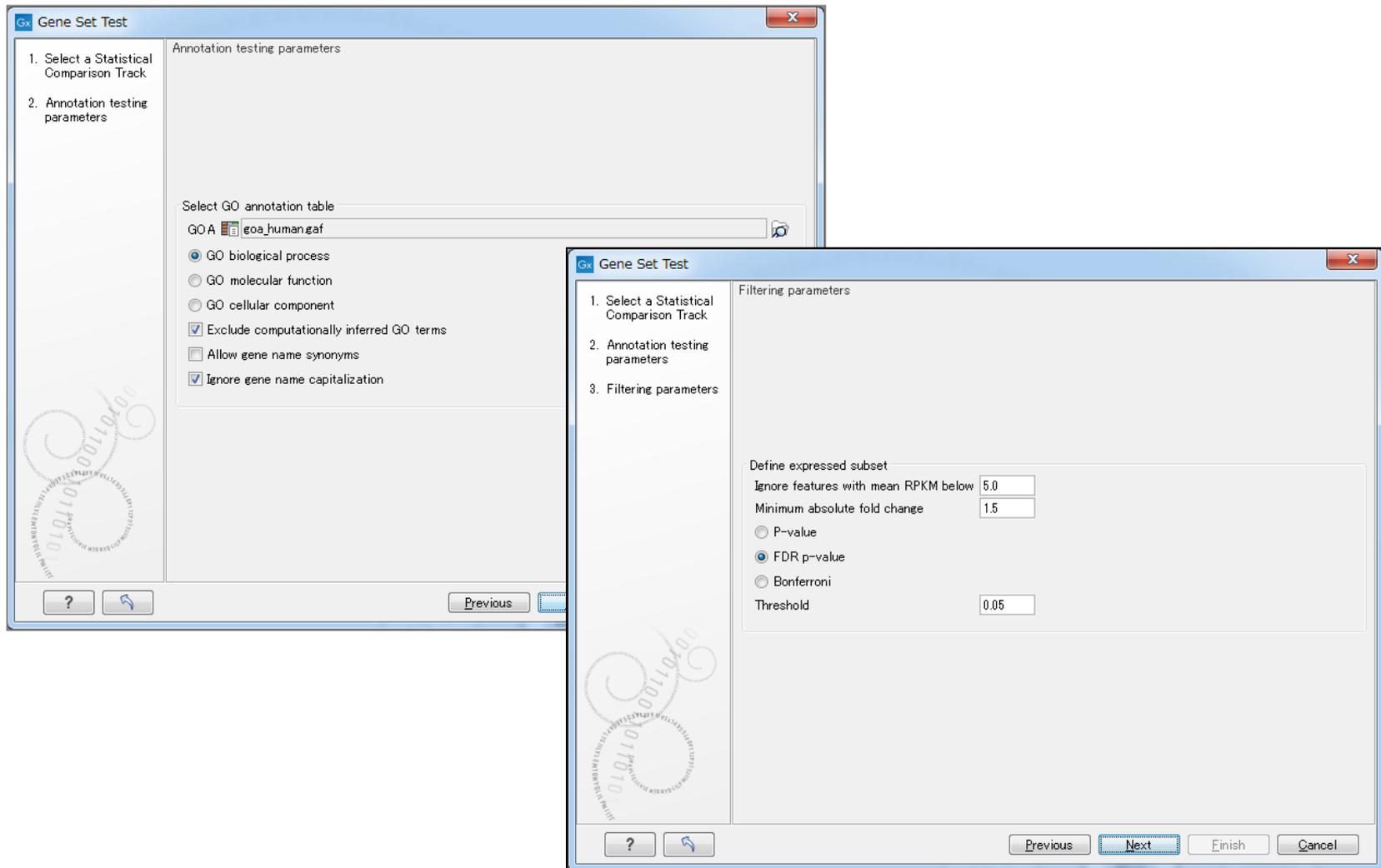




- ✓ Venn Diagram SettingsのData項目から、比較データの遺伝子抽出条件を指定可能

- ✓ Differential Expression for RNA-Seqツールで作成した発現変動解析データを用いて、発現変動遺伝子群の機能解析を行うツール
- ✓ ツールの使用には、Gene Ontology情報を含んだ遺伝子機能アノテーションデータが必要

GO term	Description	Occurrences in all genes	Occurrences in subset	P-values	FDR p-value	Bonferroni
<a href="#">0038127</a>	ERBB signaling pathway	2	2	3.09E-3	1.00	1.00
<a href="#">0038128</a>	ERBB2 signaling pathway	2	2	3.09E-3	1.00	1.00
<a href="#">0060260</a>	regulation of transcription initiation from RNA polymerase II promoter	2	2	3.09E-3	1.00	1.00
<a href="#">2000142</a>	regulation of DNA-templated transcription, initiation	2	2	3.09E-3	1.00	1.00
<a href="#">0006417</a>	regulation of translation	3	2	9.01E-3	1.00	1.00
<a href="#">0007167</a>	enzyme linked receptor protein signaling pathway	3	2	9.01E-3	1.00	1.00
<a href="#">0007169</a>	transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway	3	2	9.01E-3	1.00	1.00
<a href="#">0043254</a>	regulation of protein complex assembly	4	2	0.02	1.00	1.00
<a href="#">0010468</a>	regulation of gene expression	21	4	0.02	1.00	1.00
<a href="#">2000112</a>	regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	22	4	0.02	1.00	1.00
<a href="#">0009889</a>	regulation of biosynthetic process	23	4	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0010556</a>	regulation of macromolecule biosynthetic process	23	4	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0031326</a>	regulation of cellular biosynthetic process	23	4	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0010608</a>	posttranscriptional regulation of gene expression	5	2	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0034248</a>	regulation of cellular amide metabolic process	5	2	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0051171</a>	regulation of nitrogen compound metabolic process	24	4	0.03	1.00	1.00
<a href="#">0051128</a>	regulation of cellular component organization	14	3	0.04	1.00	1.00
<a href="#">0040012</a>	regulation of locomotion	6	2	0.04	1.00	1.00
<a href="#">2000145</a>	regulation of cell motility	6	2	0.04	1.00	1.00
<a href="#">0006357</a>	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	15	3	0.04	1.00	1.00
<a href="#">0060255</a>	regulation of macromolecule metabolic process	28	4	0.06	1.00	1.00
<a href="#">0080090</a>	regulation of primary metabolic process	28	4	0.06	1.00	1.00
<a href="#">0010629</a>	negative regulation of gene expression	7	2	0.06	1.00	1.00



- ✓ パラメータとして、Gene Ontology情報や遺伝子のフィルタリング設定を行う

お問い合わせ先: フィルジェン株式会社

TEL 052-624-4388 (9:00~18:00)

FAX 052-624-4389

E-mail: [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)