

■データ解析サービス サービス例

No	解析の種類	依頼例	解析手法		実作業
1	発現量解析	WTとMT間の遺伝子発現量の変化を網羅的に調査する	遺伝子発現量解析	サンプル間における各遺伝子の発現量を比較する	シーケンスされた断片(タグ)をリファレンス配列にマッピングし、その数を元に発現量を比較した
			GO解析	発現変動遺伝子が有意に多く含まれている遺伝子のカテゴリ(GO)を見つける	発現量解析の結果をもとに、発現変動遺伝子が有意に多く含まれている遺伝子のカテゴリ(GO)を、フィッシャーの正確確率検定を用いて検出した
2	変異解析	正常細胞と病態細胞のexon領域から網羅的に変異を探索し、病態特異的に変異を特定する	変異の抽出	多くの変異の中から、病態の原因の候補となるものを抽出する	サンプル間比較による共通変異を排除し、カバレッジなどの情報をもとにしたフィルタリングを行うことで、病態の原因と考えられる変異の候補を抽出した
			アミノ酸レベルの変異解析	抽出した変異がアミノ酸レベルの変異を伴うかを調査する	公共DBから入手できるコーディング領域のデータを用いて探索したSNPがタンパク質のアミノ酸配列にどのように変化を及ぼすかを調べた
3	リシーケンシングおよび変異解析	ホストの異なる同種の生物サンプルを用いた変異解析を行う	変異解析	SNPsを探索し、そのSNPsがアミノ酸変異を伴うかを調査する	シーケンスによって得られたリードをリファレンスにマッピングし、リファレンスとマップされたリードの配列を比較し、変異(SNPs)の探索を行った。さらにそのSNPs中で遺伝子上にあるものを抽出しその変異がアミノ酸変異を伴うかを調査した
			サンプル間比較	各サンプル間でSNPsが存在する遺伝子を探索する	変異解析で探索したアミノ酸変異を伴うSNPsをもつ遺伝子について異なるサンプル間で変異が存在するか、変異が起こっていた場合、その位置についてリスト化を行った
			coverageの有無	各遺伝子についてマップされているか否かを調査する	各遺伝子上にマップされたリード数を数えてcoverageの厚さを調査し、その遺伝子上にリードがマップされているかを調査した
			シーケンスプロファイル	マッピング結果を用い、どの領域のマッピングが薄いかを各サンプルについて調査し、染色体ごとにヒートマップを描画する	タイリングアレイの様に、ゲノムを染色体ごとにかつ更に特定の長さ分割して、各領域にどの程度のcoverageが存在しているかを調査し、サンプル毎にヒートマップを描画した
4	メチル化解析	ターゲット領域におけるメチル化の様子がサンプル間でどのように異なるかを調べる	CpGメチル化率の算出	ターゲット領域の各CpGのメチル化率を算出する	マッピングの結果から、ターゲット上の各ポジションにおける塩基の出現頻度を計算し、各CpGがどの程度メチル化しているかを算出した
5	メタゲノム解析	特定の領域を用いてメタゲノム解析を行う	メタゲノム解析	生物種の存在比率を求める	シーケンシングデータを配列クラスタリングし、相同性検索を行った生物種の存在比率をサンプルごとにまとめた
6	ChIP-seq解析	ヒストンメチル化領域を網羅的に探索し、発現量との関係調べる	ヒストンメチル化領域の探索	ヒストンメチル化領域の網羅的な探索	ピーク検出ツールを用いて、マッピングの結果からヒストンメチル化領域を特定した
			発現量との関係	ヒストンメチル化と発現量との関係を可視化する	発現量をもとに遺伝子をグループ化し、グループごとにTSS近傍の平均カバレッジを計算、それらをグラフ化した
		ヒストンメチル化領域を網羅的に探索し、領域についてモチーフ解析を行う	ヒストンメチル化領域の探索	ヒストンメチル化領域の網羅的な探索	ピーク検出ツールを用いて、マッピングの結果からヒストンメチル化領域を抽出した
			モチーフ抽出	ヒストンメチル化領域に特異的なパターン配列を検索する	ヒストンメチル化領域下を抽出し、その領域に特異的に存在するパターン配列を探索した