

ROSALIN RNAseq解析簡易マニュアル

ROSALIN RNAseq解析を行うには事前の登録が必要です。
必要サンプル数分のチケット購入後にアクセスIDおよびパスワードが送付されます。

株式会社ワールドフュージョン
techsupport@w-fusion.co.jp
03-3662-0521

本ドキュメントの著作権は全てワールドフュージョンに帰属します

データ登録 - プロジェクト作成

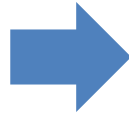


Demonstration Project

This project contains demo experiments for you creating unlimited new comparisons and adding datasets come to life.

1 Experiment(s) Total

ADD NEW PROJECT



新規に解析を開始するには「Add New Project」ボタンをクリックし、プロジェクトタイトルと簡単な説明を記入します。

ONPROJECT

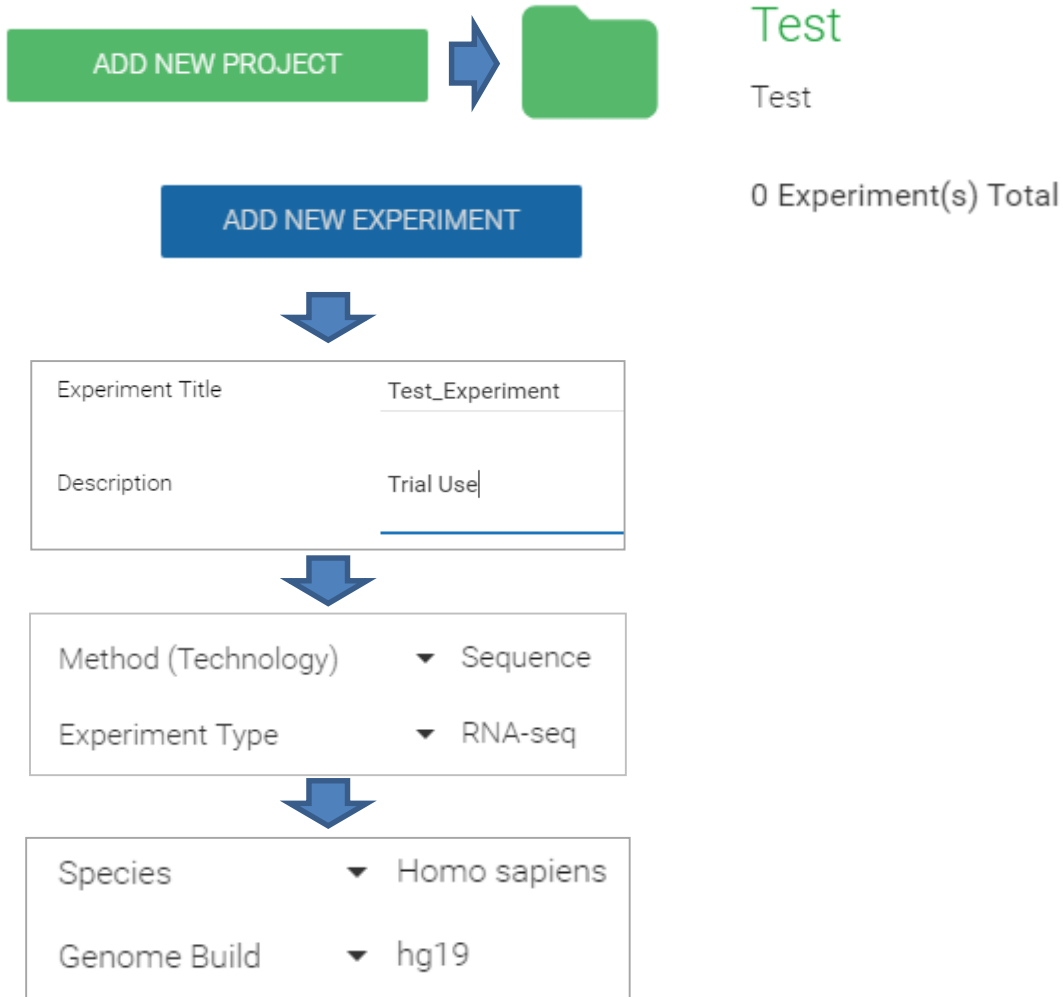
Your first step starts with creating a new project.

A project is the place where you will store your experiments. This is the entry point for all analyses related to the project. Let's begin by entering a title as well as a brief description.

Project Title	<input type="text" value="Test"/>
Description	<input type="text" value="Test"/>

NEXT

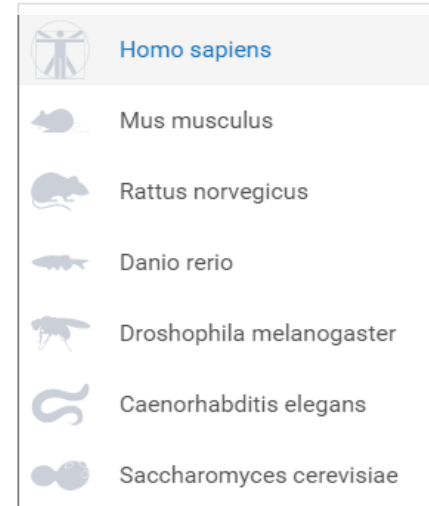
データ登録 – Experiment(実験条件)登録



1. プロジェクト作成後、「ADD NEW EXPERIMENT」で実験条件を設定
2. Experiment Title とDescriptionを記入
3. Method > Sequenceを選択
Experiment Type > RNA-seq を選択
Experiment TypeにあるRNAseq(Processed count)は遺伝子と発現値の算出が完了した表を入力データとするものです

	A	B	C	D	E	F	G
1	Symbol	Sample 1	Sample 2	Sample 3	Sample 4	Sample 5	Sample 6
2	0610005C13Rik	0	1	0	0	0	3
3	0610009B22Rik	111	117	143	153	144	147
4	0610009L18Rik	16	8	8	18	24	16
5	0610009O20Rik	386	382	393	451	530	533
6	0610010B08Rik	0	0	0	0	0	0
7	0610010F05Rik	72	81	86	94	108	72

4. 生物種と参照配列のゲノムバージョンを設定



現在選択できる生物種

ONEXPERIMENT

Specify your sample kit model(s)

Please select the kit you are using for this experiment and provide the following key details about the overall design of your experiment. Your answers to these questions will help us understand how to gather information on each of your samples.

You have selected the required kits. You may optionally add Auxiliary Kits (i.e. spike-ins, rRNA depletion, etc)

Kit Vendor ▼ Illumina

Kit Model ▼ AmpliSeq™ for Illumina ...

Lot Number REPLACE KIT

Sample Name

Description

Extraction Protocol Beads

Your Samples

Grouped & Colored By ▼ None

Name	Extraction Protocol	Lab Id	Barcode
26_S1	Tube		
27_S2	Tube		
28_S3	Beads		
29_S4	Beads		

YES! I HAVE REVIEWED MY SAMPLE DATA

1. Libraryの作成に使用した製造元・キット名を入力
2. Replicateの有無と全サンプルの数を入力
Replicateは同じサンプルの繰り返し試験の有無を指します

Do you have replicates? ▼ No

Total number of samples ▼ 4

3. サンプルの属性情報(Attribute)となるタイトルを設定
4. サンプルの属性情報(Attribute)タイトルに情報を入力
これは後に群わけの指標になります

Select Attribute to Add ▼ Age

Cell Line

Biomedical Provider

Cell Type

Development Stage

Disease

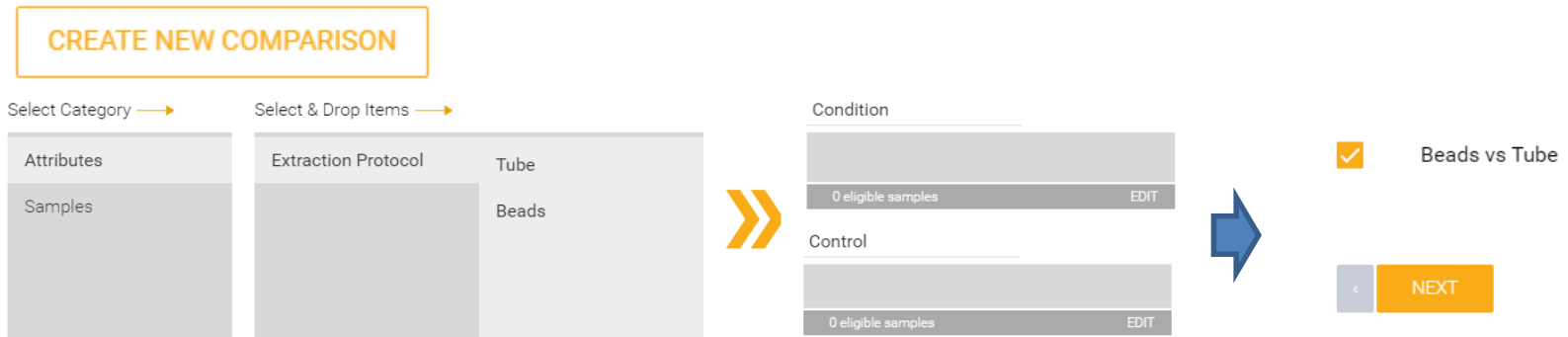
NEXT

5. サンプルの設定の終了

データ登録 –Fastqファイルをアップロード

- 「CREATE NEW COMPARISON」をクリックし比較の組み合わせを設定
先に設定したAttribute情報を元にCondition群とControl群へドラッグアンドドロップで設定する
Attributeに依存せずサンプルごとにドラッグアンドドロップで分けることも可能
SAVEをクリックすると比較設定を保存する

CREATE NEW COMPARISON



Select Category → Select & Drop Items →

Attributes Samples

Extraction Protocol Tube Beads

Condition
0 eligible samples EDIT

Control
0 eligible samples EDIT

Beads vs Tube

- FASTQファイルをアップロードする
Single readかPair readを選択、“LEFT-RIGHT” readをクリックしてアップロードするFastqファイルを設定

Sequencing Strategy

Single-End Paired-End

クリック



26_S1 2% LEFT READ RIGHT READ

27_S2 LEFT READ RIGHT READ

28_S3 LEFT READ RIGHT READ

29_S4 LEFT READ RIGHT READ

EXPERIMENT DETAIL
Test_Experiment

10% Sample Queue

Workflow Start Wed, 14 Mar 2018 18:45:06 GMT

Total Samples 4

NEXTをクリックで解析開始

解析結果参照

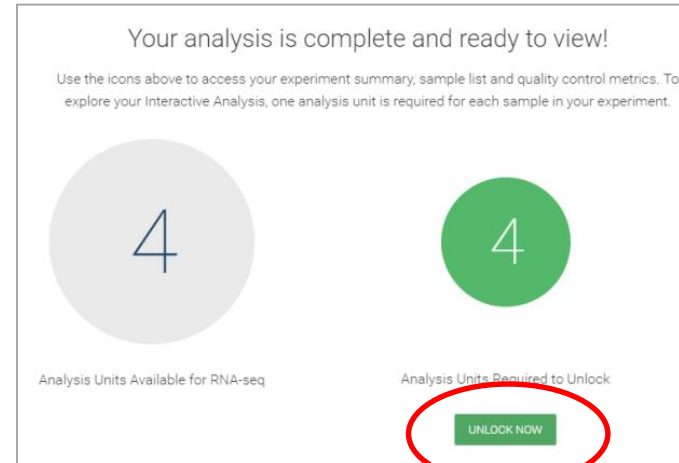
1. 解析が終了すると登録していたメールアドレスに通知が送付されてくる ROSALINDのログイン画面から入り参照するプロジェクトフォルダーを開き結果を参照する

Your experiment, *Test*, has completed processing and is now available for you to continue your research.

Please login here: <https://Rosalind.OnRamp.Bio> to begin interacting with your results.

Yours Sincerely,

Rosalind



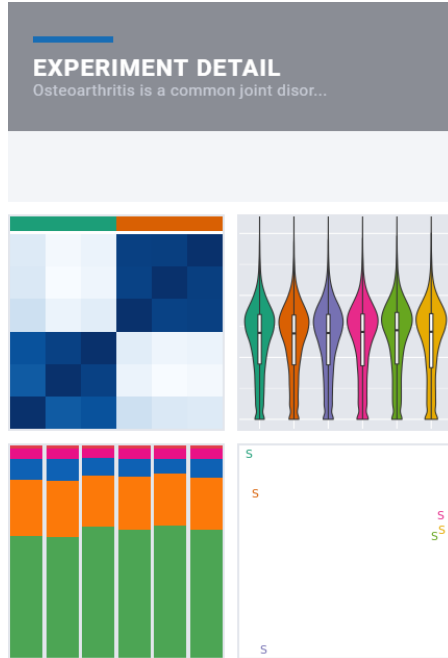
2. 「UNLOCK NOW」をクリックすることでアイコンの形が変わり解析結果が閲覧可能になります。

解析結果の閲覧。結果の閲覧にはサンプル数に応じたチケットが消費されます

Attribute	Value
Test	Test
Method (Technology)	Sequence
Experiment Type	RNA-seq
Species	Homo sapiens
Genome Build	hg19
Kit	TruSeq Stranded mRNA Library Prep Kit Set A/B
Number of Samples	4
Attributes	Treatment

閲覧可能なアイコンに変化

解析結果参照



表示する情報を切り替え

-  サンプルごとのリード数、QC通過リード数、重複リード%などの情報表示
-  サンプル情報
-  Fastqファイル,BAMファイルのダウンロード
-  統計解析を実施

Rosalind™ RNA-seq Methods

Data was analyzed by Rosalind (<https://rosalind.onramp.bio/>), with a HyperScale architecture developed by OnRamp Bioinformatics, Inc. (San Diego, CA). Reads were trimmed using cutadapt¹. Quality scores were assessed using FastQC². Reads were aligned to the Mus musculus genome build mm10 using STAR³. Individual sample reads were quantified using HTSeq⁴ and normalized via Relative Log Expression (RLE) using DESeq2 R library⁵. Read Distribution percentages, violin plots, identity heatmaps, and sample MDS plots were generated as part of the QC step using RSeQC R library⁶. DESeq2 was also used to calculate fold changes and p-values. Clustering of genes for the final heatmap of differentially expressed genes was done using the PAM Partitioning Around Medoids method using the fpc R library⁷. The significantly impacted pathways, biological processes, molecular interactions, and miRNAs were analyzed using Abvita Bioinformatics iPathwayGuide (<http://www.advaita.bio.com/pathwayguide>). This software analysis tool implements the 'Impact Analysis' approach^{8,9} that takes into consideration the direction and type of all signals on a pathway, the position, role and type of every gene, etc.

1. Martin, M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnetjournal* **17**, 10–12 (2011).
2. Andrews, S. FastQC: a quality control tool for high-throughput sequence data. (2010).
3. Dobin, A. et al. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. *Bioinformatics* **29**, 15–21 (2013).
4. Anders, S., Pyl, P. T. & Huber, W. HTSeq—a Python framework to work with high-throughput sequencing data. *Bioinformatics* **31**, 166–169 (2015).
5. Love, M. I., Huber, W. & Anders, S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biol.* **15**, 550 (2014).
6. Wang, L., Wang, S. & Li, W. RSeQC: quality control of RNA-seq experiments. *Bioinformatics* **28**, 2184–2185 (2012).
7. Hennig, C. R package fpc. <https://cran.r-project.org/web/packages/fpc/index.html>
8. Draghici, S. et al. A systems biology approach for pathway level analysis. *Genome Res.* **17**, 1537–1545 (2007).
9. Donato, M. et al. Analysis and correction of crosstalk effects in pathway analysis. *Genome Res.* **23**, 1885–1893 (2013).

RNAseq解析ワークフローの Method記述文が表示されます

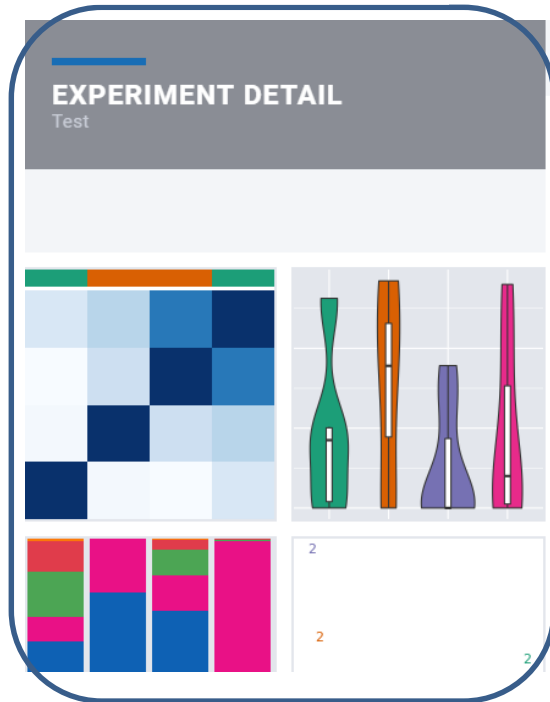
解析結果参照

Reads	Q30	Reads Too Short	Bases Trimmed	Aligned	Duplicates
1168221	903846 (77%)	0 (0%)	928576 (1%)	1%	83%
1082419	750812 (69%)	0 (0%)	617123 (0%)	1%	47%
1145282	926507 (81%)	0 (0%)	1008882 (1%)	0%	20%
1943608	1041679 (54%)	0 (0%)	478706 (0%)	0%	14%

クラスタ解析・マッピング領域 (Exon, Intron) の頻度情報など

QC情報

Fastqファイル
ダウンロード



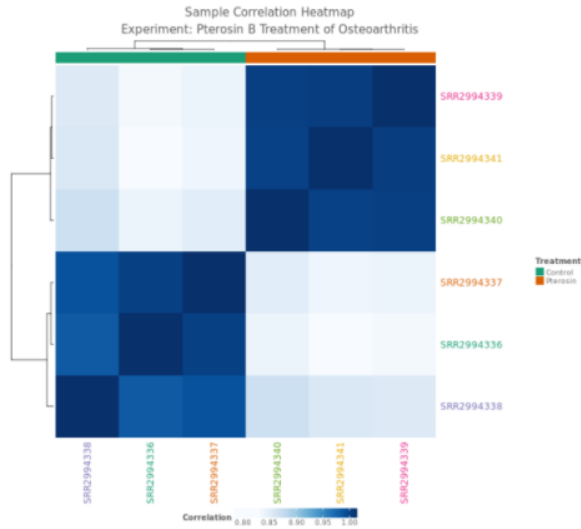
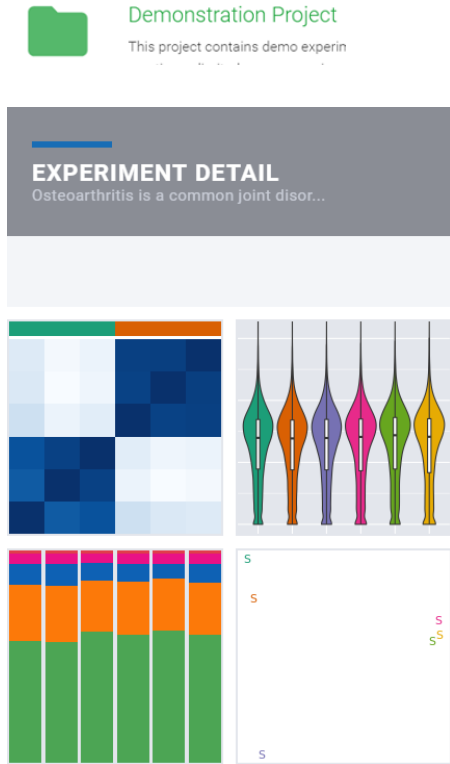
Test

Test

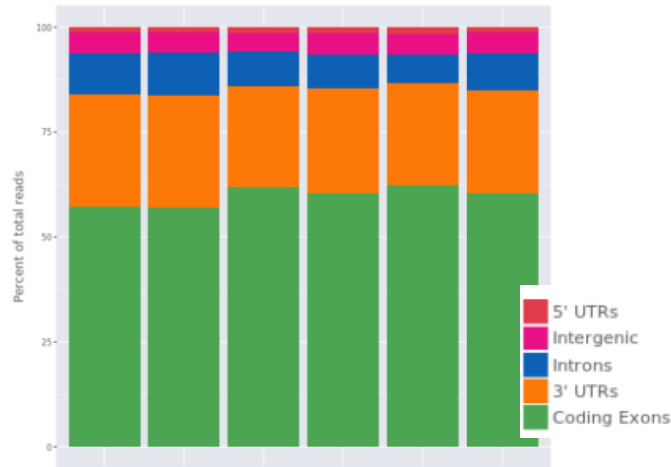
Method (Technology)	Sequence
Experiment Type	RNA-seq
Species	Homo sapiens
Genome Build	hg19
Kit	TruSeq Stranded mRNA Library Prep Kit Set A/B
Number of Samples	4
Attributes	Treatment

解析結果表示

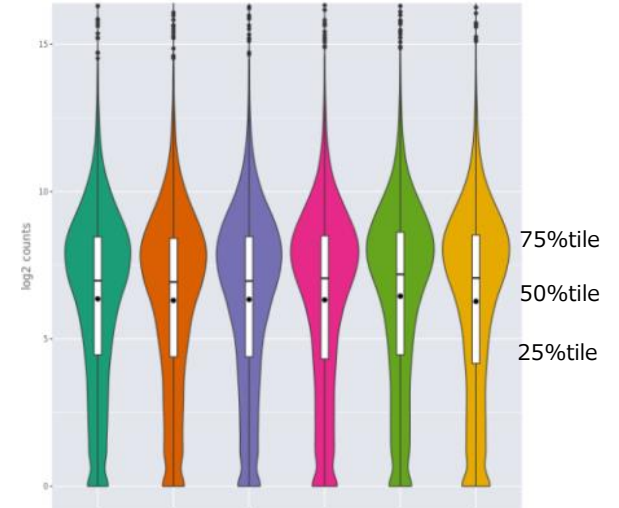
画面左のプロット図はクリックすると拡大表示される



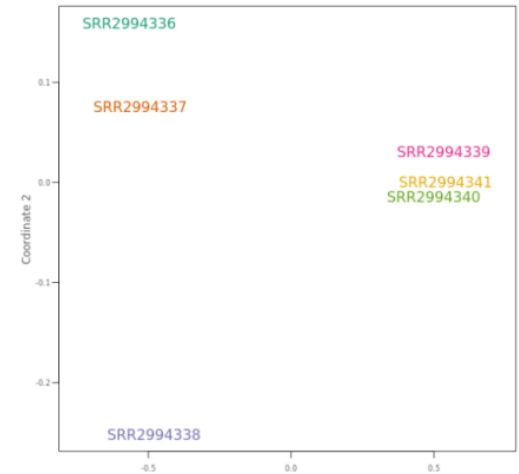
サンプル間の発現相関係数と階層型クラスタ



Genome領域ごとのリード配分率



バイオリン図

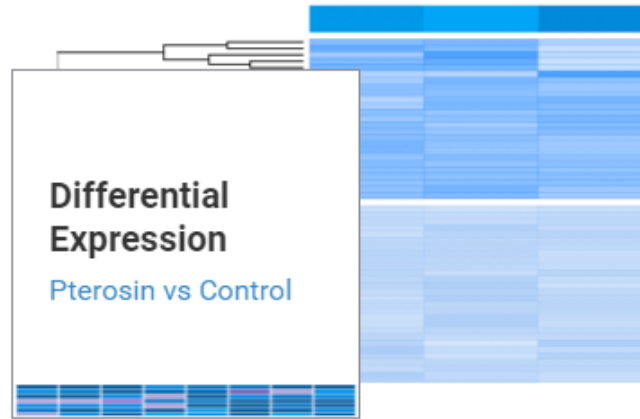
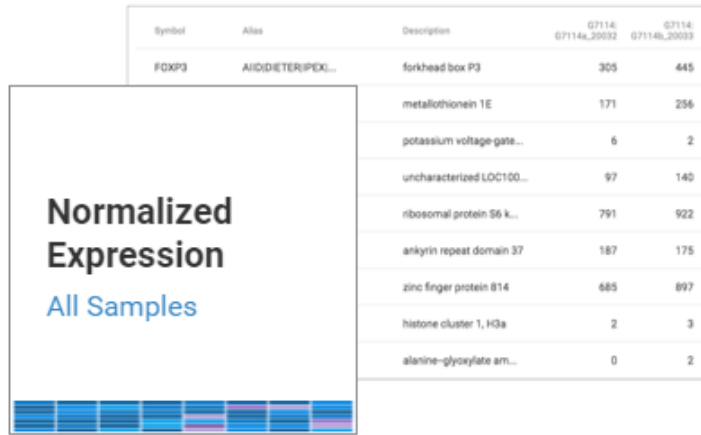


MDS plot

RNAseq Interactive Analyses - Normalized Expression



統計解析結果を見るには虫眼鏡マークのアイコンをクリックします

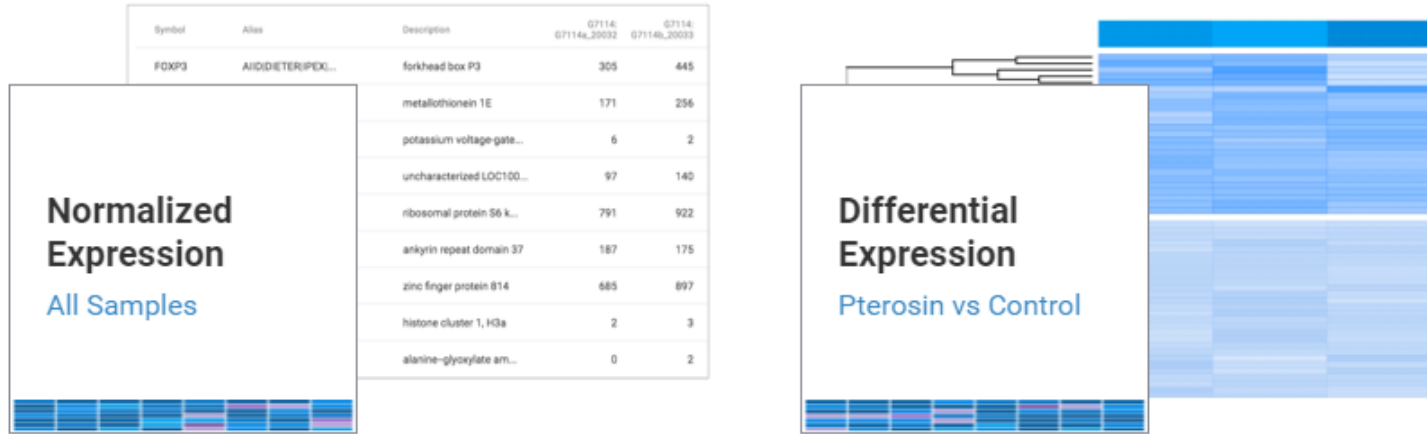


正規化済み(DESeq2によるRelative Log Expression)発現データ

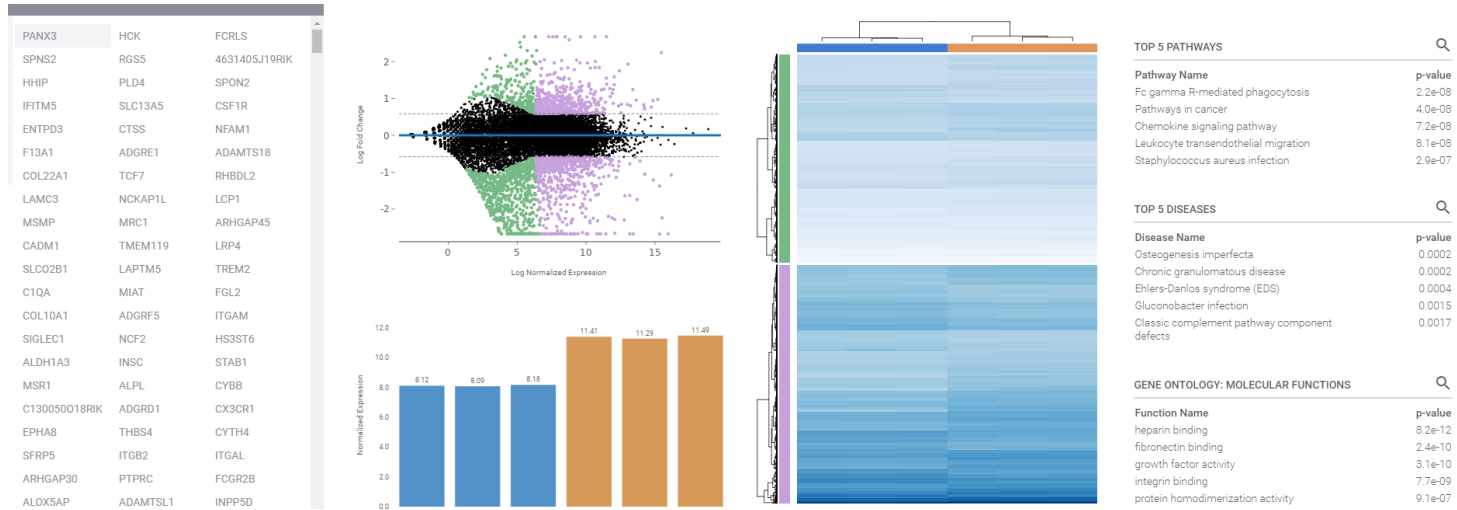
発現統計解析、GeneOntology解析、Pathway解析結果の閲覧

Gene Name	Description	SRR2994336	SRR2994337	SRR2994338
0610005C13Rik	RIKEN cDNA 0610005C13 gene	-0.634365	-0.619062	-0.634370
0610009B22Rik	RIKEN cDNA 0610009B22 gene	6.95823	7.01027	7.12421

RNAseq Interactive Analyses – Differential Expression (DE)

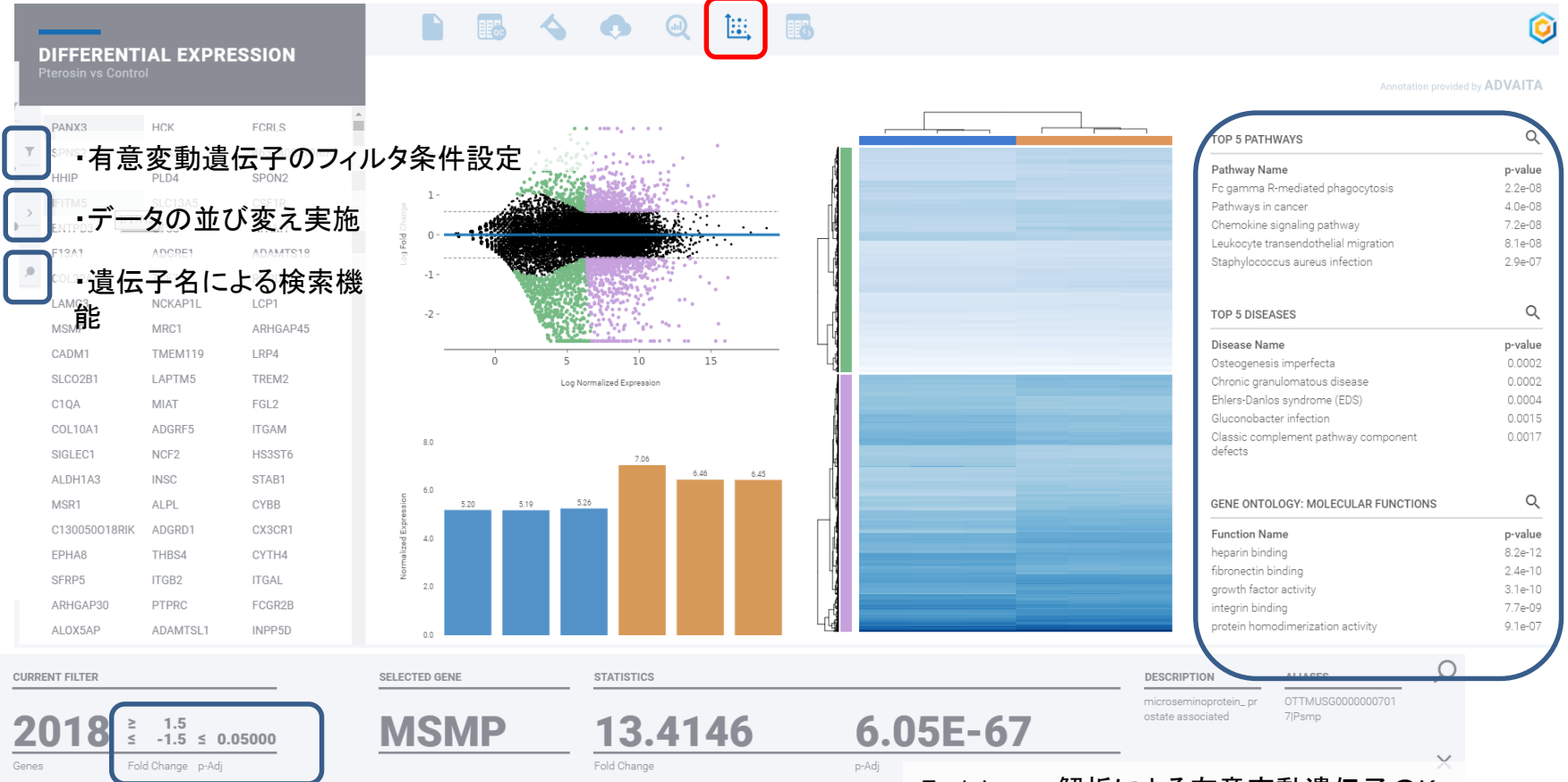


発現統計解析、GeneOntology解析、Pathway解析結果の閲覧



RNAseq Interactive Analyses – (DE)

Interactive Analyses-1(Differential expression) 解析結果の概要画面、及びEnrichment解析結果画面の説明



The screenshot displays the 'DIFFERENTIAL EXPRESSION' section for 'Pterosis vs Control'. It includes a list of genes, a volcano plot, a bar chart, a heatmap, and enrichment analysis results for pathways, diseases, and molecular functions.

Annotations:

- 有意変動遺伝子のフィルタ条件設定** (Filtering conditions for differentially expressed genes): Indicated by a red box around the filter icon in the top toolbar.
- データの並び替え実施** (Data sorting): Indicated by a blue box around the sort icon in the top toolbar.
- 遺伝子名による検索機能** (Search function by gene name): Indicated by a blue box around the search icon in the top toolbar.

Current Filter: 2018 Genes, Fold Change: 1.5, p-Adj: 0.05000

Selected Gene: MSMP

Statistics: 13.4146 (Fold Change), 6.05E-67 (p-Adj)

Enrichment Analysis Results:

Category	Item	p-value
TOP 5 PATHWAYS	Fc gamma R-mediated phagocytosis	2.2e-08
	Pathways in cancer	4.0e-08
	Chemokine signaling pathway	7.2e-08
	Leukocyte transendothelial migration	8.1e-08
	Staphylococcus aureus infection	2.9e-07
TOP 5 DISEASES	Osteogenesis imperfecta	0.0002
	Chronic granulomatous disease	0.0002
	Ehlers-Danlos syndrome (EDS)	0.0004
	Gluconobacter infection	0.0015
	Classic complement pathway component defects	0.0017
GENE ONTOLOGY: MOLECULAR FUNCTIONS	heparin binding	8.2e-12
	fibronectin binding	2.4e-10
	growth factor activity	3.1e-10
	integrin binding	7.7e-09
	protein homodimerization activity	9.1e-07

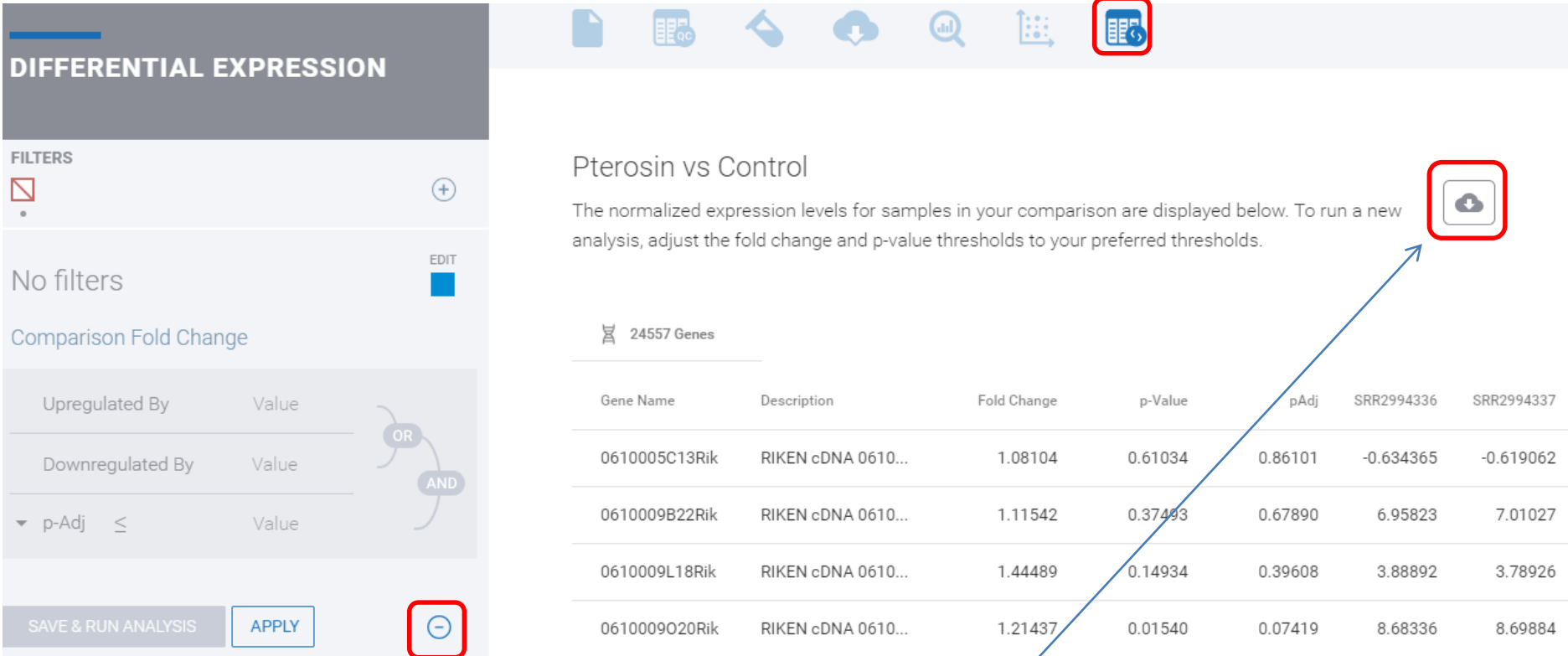
現在適用されている遺伝子のフィルタ条件

Enrichment解析による有意変動遺伝子のKegg pathway, Disease, GO, miRNA, miRNA target geneとの重複観測。
P-valueが低いほど変動遺伝子との重複遺伝子割合が高いことを示す。
これらのアノテーション情報はiPathwayGuideを参照利用

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

Pathway解析 – 発現情報を反映したPathwayの閲覧はiPathGuideで行います。iPathGuideへ持ち込む発現解析結果をダウンロードしておきます。

1,表アイコンをクリックして発現解析結果のスプレッドシートを表示



DIFFERENTIAL EXPRESSION

FILTERS +

No filters EDIT

Comparison Fold Change

Upregulated By Value OR

Downregulated By Value AND

p-Adj ≤ Value

SAVE & RUN ANALYSIS **APPLY** ⊖

Pterosis vs Control

The normalized expression levels for samples in your comparison are displayed below. To run a new analysis, adjust the fold change and p-value thresholds to your preferred thresholds.

24557 Genes

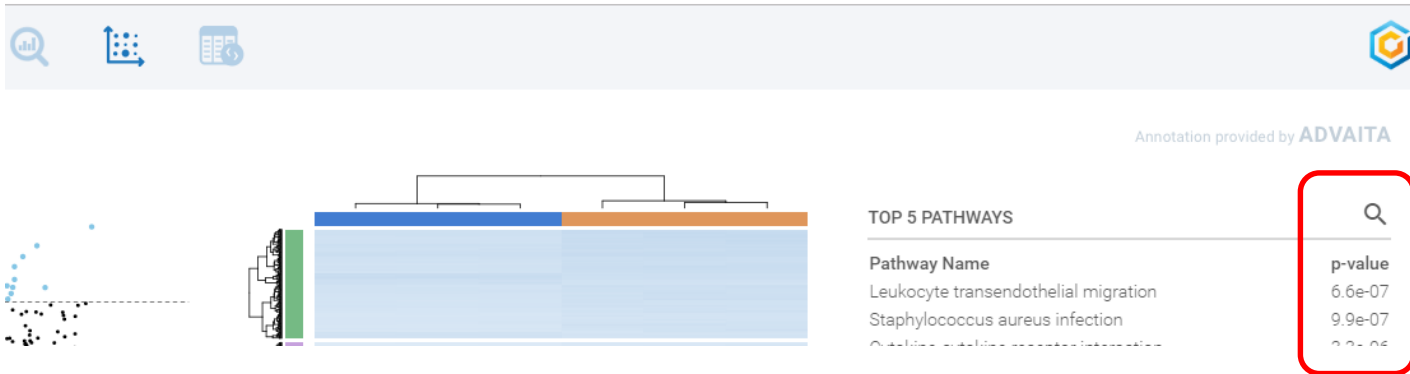
Gene Name	Description	Fold Change	p-Value	pAdj	SRR2994336	SRR2994337
0610005C13Rik	RIKEN cDNA 0610...	1.08104	0.61034	0.86101	-0.634365	-0.619062
0610009B22Rik	RIKEN cDNA 0610...	1.11542	0.37493	0.67890	6.95823	7.01027
0610009L18Rik	RIKEN cDNA 0610...	1.44489	0.14934	0.39608	3.88892	3.78926
0610009O20Rik	RIKEN cDNA 0610...	1.21437	0.01540	0.07419	8.68336	8.69884

2, Filterを設定していた場合、“-”ボタンをクリックしてすべて削除しNo filterとする

3,ダウンロードボタンをクリックしてCSV形式でファイルを取得
4,ダウンロードしたCSVファイルをエクセルで開き、タブ区切りテキスト形式で再度保存します

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

Top5 Pathwayに表示されている虫眼鏡マークをクリックすることでiPathwayGuideへジャンプします



Annotation provided by ADVAITA

Pathway Name	p-value
Leukocyte transendothelial migration	6.6e-07
Staphylococcus aureus infection	9.9e-07
...	...

ログインもしくはユーザーを新規に作成

“Analyze a new experiment”をクリックして事前にダウンロードしておいたtab区切りテキストファイルをアップロードする

Account Login

Username / Email Address *
Username is required

Password
Please input your password

New user?

Creation Time	Status
04/01/2015 11:15 AM	purchased

10 | 25 | 50 | 100

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

Intake form

Organism:

Homo sapiens

File format:

Custom tab-delimited *.txt

File:

Pterosisin-B-Treatment-of-Osteoarthritis_Pterosisin-vs-Control_allGenes.txt

Gene Symbol Protein ID

Gene symbol

Gene Name

Fold change

Log Fold Change

p-value (adjusted p-value recommended)

pAdj

File content preview

Gene Name	Description	Fold Change	Log Fold Change	p-Value	pAdj	SRR2994336	SRR2994337
SRR2994338	SRR2994339	SRR2994341	SRR2994340	Gene ID	Alias		
0610005C13Rik	RIKEN cDNA 0610005C13 gene	1.08104	0.112426	0.610342633	0.861011731		
-0.634365	-0.619062	-0.63437	-0.634397	-0.592349	-0.634557	71661	AI182092
0610009B22Rik	RIKEN cDNA 0610009B22 gene	1.11542	0.157587	0.374932298	0.678898927		
6.95823	7.01027	7.12421	7.16203	7.10624	7.06327	66050	-

File formatは"Custom tab-delimited.txt"を選択します

iPathwayGuideにアップロードするタブ区切り形式の発現解析テーブルを選択します

"Gene Name", "Fold change", "p-value"の記載されたカラムタイトルを選択します

[back to Dashboard](#)

[Upload](#)

Uploadをクリックします

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

Report intake form (file: Pterisin-B-Treatment-of-Osteoarthritis_Pterisin-vs-Control_allGenes.txt)

Report title

Test_2

Report description

Test_2

Analyze Contrast	Contrast		All genes	DE threshold		Selected DE genes
	Condition	Control		Fold change (log)	Adjusted p-value	
<input checked="" type="checkbox"/>	Condition	Control	16727	0.6	0.05	1788

フィルタなしの場合の遺伝子数、およびDifferential expressionのフィルタ設定を通過した遺伝子数が表示されます。
適切なDE Thresholdを設定し、“View/Apply”をクリックしてフィルタ通過遺伝子を確認します。
iPathwayGuideのPathway解析はDE thresholdを通過した発現変動遺伝子についてのみ行われます。

Cancel Analyze data



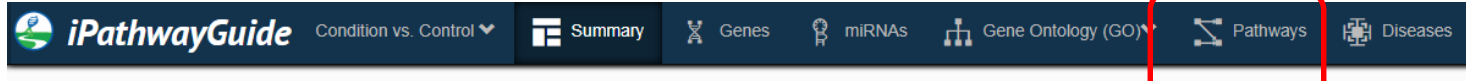
Creation Time	Status
09/27/2018 04:20 PM	pending

“Analyze data”をクリックするとPathway解析が開始され、解析終了後にStatusがPendingから“Trial”もしくは“Purchased”に変化します。
Report titleをクリックすることで結果を閲覧できます

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

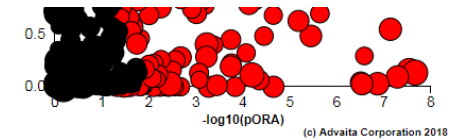
+ Test_2	09/27/2018 04:20 PM	trial	Share	
+ Demo: GSE34053 - Meta Analysis of CD133 activity vs CAF	04/01/2015 11:15 AM	purchased	Share	

Pathway解析終了後、Report titleがクリック可能になる(要ページ更新)



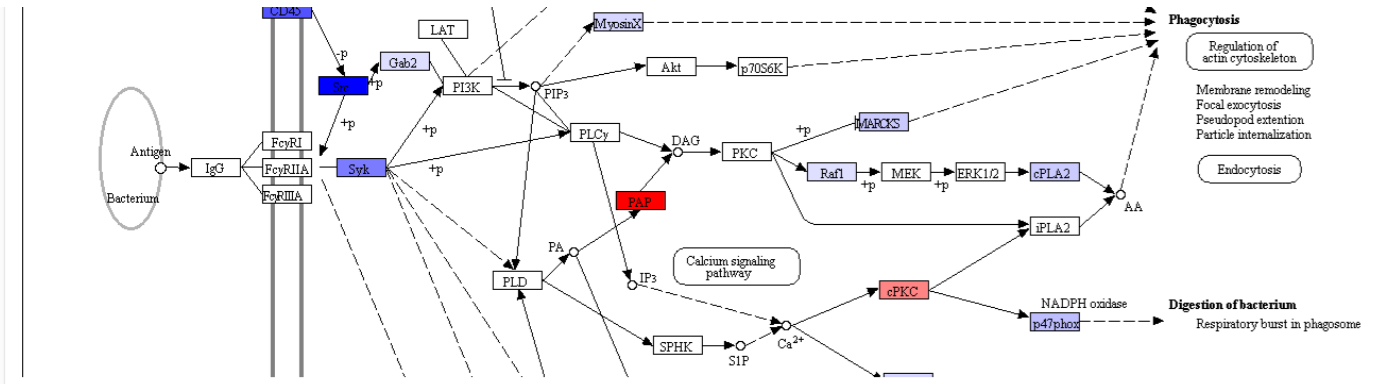
+ Test_2 (report id: 34105) - 09/27/2018 04:20 PM

“Pathways”をクリック

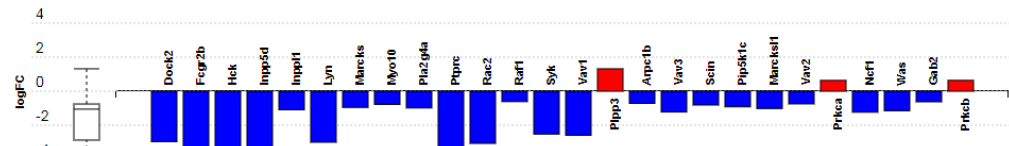


P-value correction: No correction

Pathway name	p-value
Fc gamma R-mediated phagocytosis	3.196e-8
Leukocyte transendothelial migration	3.196e-8
Chemokine signaling pathway	7.378e-7
Staphylococcus aureus infection	7.524e-7
Natural killer cell mediated cytotoxicity	3.468e-6
Focal adhesion	4.608e-6
ECM-receptor interaction	7.327e-6
Basal cell carcinoma	7.932e-6
PI3K-Akt signaling pathway	1.071e-5
Pathways in cancer	1.112e-5



Differentially expressed pathway genes



発現変動遺伝子がパスウェイ上にマッピングされる、表示するパスウェイは画面左のPathway nameから選択する。

iPathGuide マニュアル・FAQ

<https://www.advaitabio.com/support-ipathwayguide-faq.html>

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

統計解析の結果画面説明

統計解析結果を含む遺伝子リスト表示



FILTERS +

Default EDIT

Comparison Fold Change

Upregulated By OR

Downregulated By AND

p-Adj ≤

SAVE & RUN ANALYSIS -

Pterosis vs Control

The normalized expression levels for samples in your comparison are displayed below. To run a new analysis, adjust the fold change and p-value thresholds to your preferred thresholds.

2018 Genes

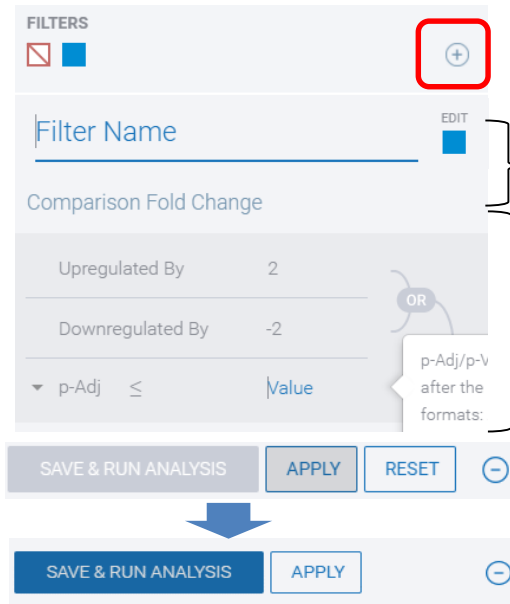
Gene Name	Description	pAdj	p-Value	Fold Change	SRR2994336	SRR2994337	SRR2994338	SRR2994339	SRR2994341	SRR2994340
0610040J01Rik	RIKEN cDNA 0610...	0.00836	0.00112	2.04222	4.63954	4.67071	4.56229	4.88189	4.8393	4.89678
1190002N15Rik	RIKEN cDNA 1190...	4.66e-5	3.38e-6	1.61111	8.97675	9.28799	9.45123	9.63442	9.68504	9.82037
1500011K16Rik	RIKEN cDNA 1500...	0.00224	0.00025	1.50656	7.6811	7.67849	7.43682	7.97669	7.84293	7.98455
1700007K13Rik	RIKEN cDNA 1700...	0.00034	3.00e-5	3.05758	3.47084	3.47316	3.44061	3.71321	3.7362	3.63838
1700025G04Rik	RIKEN cDNA 1700...	8.88e-9	3.59e-10	-1.57276	9.50453	9.48881	9.45459	9.01544	9.07673	9.08729



結果をCSVファイル形式でダウンロード

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

統計値のフィルタ条件変更方法



1,画面左の+ボタンをクリック

2,Filterの名前を入力。EDITをクリックして別カラーのマーカを設定します、作成後のフィルタ条件が新たにFILTERSに追加され、切り替え可能になる

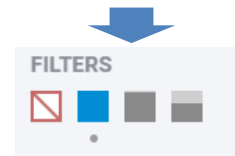
3,Upreg~,Down~, p-adjの各項目にフィルタ設定となる数値を入力

4,APPLYボタンをクリック

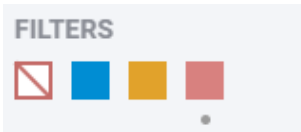
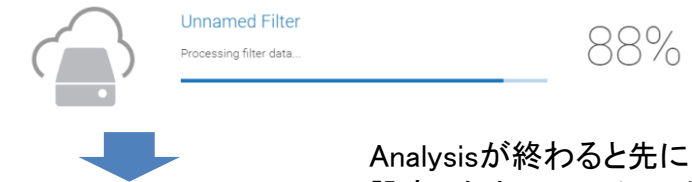
5,SAVE&RUNをクリック
新しいフィルタ条件が反映される



フィルタ条件を追加すると図のようにフィルタごとにアイコンが表示される



SAVE&RUN直後にアイコンをクリックしても解析途中で結果は表示されない



Analysisが終わると先に設定したカラーアイコンが表示され、フィルタが結果に反映される



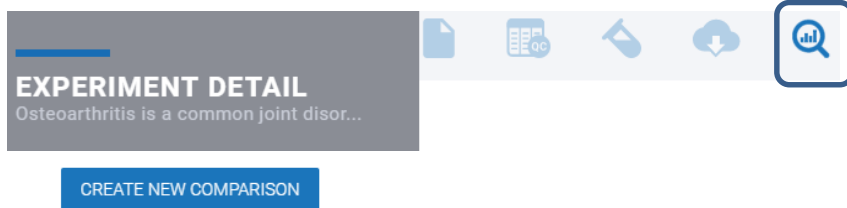
散布図アイコンをクリックして表示される
Enrichment解析にもフィルタを通過した遺伝子による結果へ更新される

RNAseq Interactive Analyses – (DE)

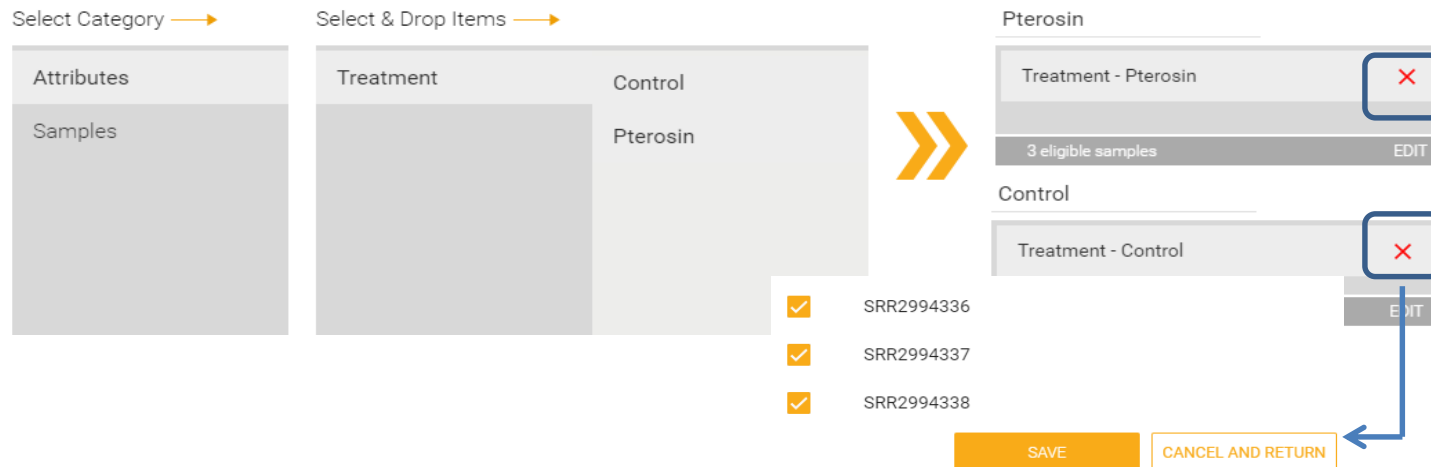
統計解析時に比較する群およびサンプル構成の変更方法

統計解析時に設定するサンプルごとのControlとTreatmentの分類設定を変更して再解析する場合

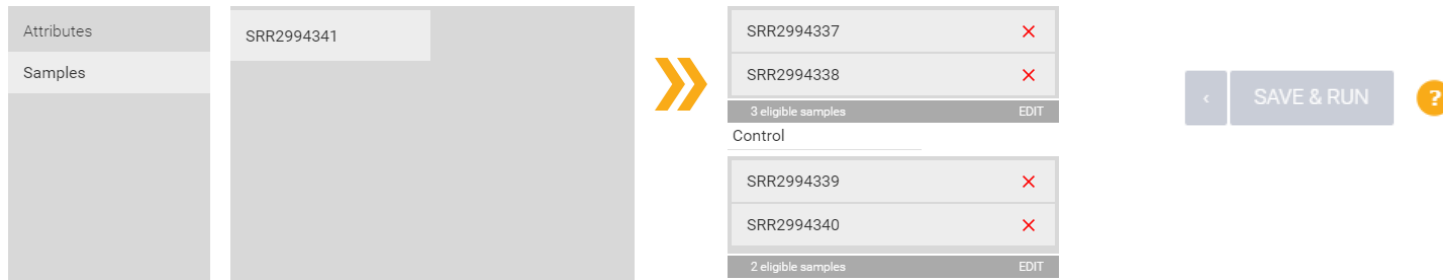
- 1、虫眼鏡アイコンのメニューにある”CREATE NEW COMP~”をクリックする



2. **Attributes:** サンプルごとに設定していた群情報を元に比較の組み合わせを変更する場合に使用
比較したい群を画面右のカラムヘドラッグアンドドロップ
ドロップ後、”EDIT”をクリックし、群に含まれるサンプルを確認後”SAVE”



2、 Samples: 群情報に依存せずサンプルを直接2群に分割する場合に使用
比較したいサンプルを画面右のカラムヘドラッグアンドドロップ
ドロップ後、“EDIT”をクリックし、サンプルを確認後”SAVE”



The screenshot illustrates the workflow for adding samples to a comparison group. On the left, a panel with 'Attributes' and 'Samples' tabs shows a sample ID 'SRR2994341'. A large orange arrow points to the right, where a list of samples is displayed. The first group contains three samples: SRR2994337, SRR2994338, and SRR2994339, with an 'EDIT' button below them. The second group contains two samples: SRR2994340 and SRR2994341, also with an 'EDIT' button below them. To the right of the sample lists is a 'SAVE & RUN' button with a question mark icon.


3、SAVE & RUNをクリックして解析を開始


RNAseq Meta Analyses

Meta Analysisは、ある実験に由来する複数の比較データ（Comparison data）を並べて表示する機能です。
MetaAnalysisの機能を使用するには、少なくとも2つ以上の”Comparison”をRNAseqのExperimentに設定しておきます。

->比較設定時のFilter条件を通過した遺伝子のみを複数の比較の組み合わせから集めて表示する機能です。

PROJECT
Demonstration Project





Inhibition of inflammatory gene transcription by IL-10 is asso...

IL-10 limits the magnitude of inflammatory gene expression following microbial stimuli and is essential to prevent inflammatory disease, however, the molecular basis for IL-10 mediated inhibition remains elusive. Using a genome-wide appr...

8
5
1
Jul 13, 2018

Comparisonの数

RNAseq Meta Analyses

1. All Project から All Meta-Analysesを選択する



All Meta-Analyses

All Meta-Analyses available to you are stored in this project. Meta-Analyses can also be found within their related Experiments and Comparisons.



2. ADD META-ANALYSISをクリック

Created by Me

Shared with Me

ADD META-ANALYSIS

3. MetaAnalysisを実施するProjectを選択



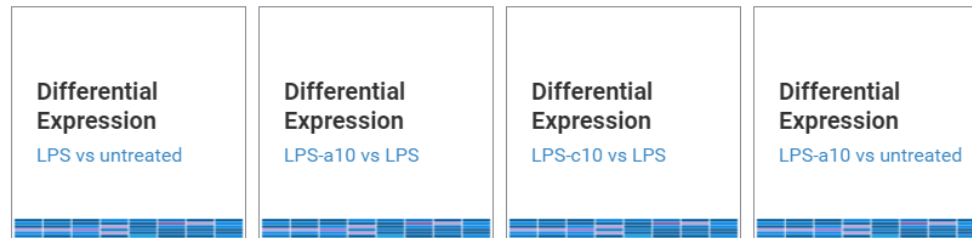
Inhibition of inflammatory gene transcription by IL-10 is asso...

RNA

IL-10 limits the magnitude of inflammatory gene expression following microbial stimuli and is essential to prevent inflammatory disease, however, the molecular basis for IL-10 mediated inhibition remains elusive. Using a genome-wide appr...

4. 使用する”Comparison”を選択

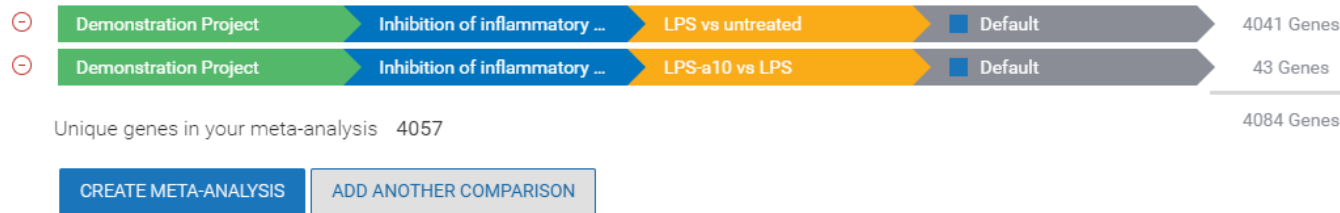
Comparisons



RNAseq Meta Analyses

- NextもしくはADD ANOTHER COMPARISONをクリックしてさらに使用する“Comparison“を追加（2個以上）持ち込みたいComparisonを選択し終わったらCREATE META-ANALYSISをクリック

ONMETA



進行度合いを示す%が100になった後に、各Projectのフォルダ内の“Included in Meta-Analysis”に MetaAnalysisの結果が追加され参照可能になる。

RNAseq Meta Analyses — 解析結果

META-ANALYSIS
Meta_Trial

GENES ▾
4244

Search for gene or a list of genes

DETAILS OPTIONS

画面左の表示される比較(Comparison)ごとの HeatMap
何れかの比較のFilter設定を通過した遺伝子が表示される

Meta_Trial



MetaAnalysisで表示されている 遺伝子テーブルをダウンロード



C1 LPS vs untreated
Default

C2 LPS-a10 vs LPS
Default

C3 LPS-c10 vs LPS
Default

PATHWAYS

Pathway Name	p-value
Peroxisome	1.8e-06
Metabolic pathways	3.5e-06
Mismatch repair	2.4e-05
Phosphatidylinositol signal...	7.5e-05
Autophagy - animal	9.1e-05
Proteasome	4.3e-19
Pathways in cancer	3.3e-13
Spliceosome	1.3e-10
Ribosome biogenesis in euka...	1.5e-09
Ubiquitin mediated proteolysis	2.6e-09

DIFFERENTIAL EXPRESSION
LPS vs untreated

IL12B	IL1A	SHISA3
CXCL3	CCL5	NOS2
CXCL14	CH2SH	ACOD1
MIR155HG	PTGS2	PLET1
IL18	CXCL1	LAD1
IL12A	PTX3	HCAR2
CSF2	GBP5	CCL4
BCL2A1A	CXCL2	CISH
IFT1	ADORA2A	RSAD2
CCL2	SERPINE2	TNFSF15
TIR	MX2	MX1
GF11	CXCL9	HAS1
IL27	HDC	SOC3S
BCL2A1D	CD40	EDN1
OLR1	IL23A	FPR2
MYCL	GASL1	SH2D4A
FPR1	LIF	CCL7
CMPK2	CCL3	CCL27A1
ISG15	IL6	SAA3



TOP 5 PATHWAYS

Proteasome
Cytosine-cytidine receptor interaction
NF-kappa B signaling pathway
Tuberculosis
Herpes simplex infection

TOP 5 DISEASES

Non-syndromic X-linked mental retardation
Postaxial polydactyly
Transient neonatal diabetes mellitus (TNDM)
Grub-venus-host disease
Hodgkin lymphoma

GENE ONTOLOGY: MOLECULAR FUNCTIONS

transcription factor binding
GTPase activity
double-stranded RNA binding

比較のFilter設定を通過した遺伝子による Pathway, Disease, Gene Ontology のFisher検定結果表示

DETAILSの比較組み合わせをクリックすると比較解析結果ページへ移行