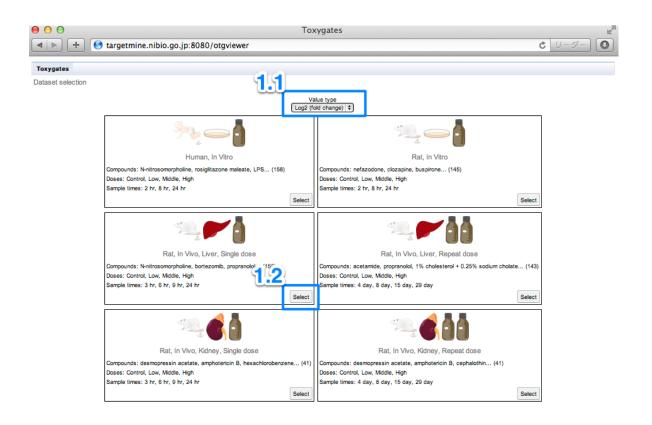
# ToxyGATEs (β版) チュートリアルと実習

統合データベース講習会: AJACS 駿河 2013 年 1 月 13 日

ToxyGATEs ( $\beta$  版) (http://targetmine.nibio.go.jp:8080/otgviewer) はトキシコゲノ ミクスデータを閲覧,解析するためのオンラインシステムです.トキシコゲノミクスデータとは薬剤をラットや細胞に投与し、その後の遺伝子発現を網羅的に取得したものです.もともとのデータはすでにOpen TG-GATEs(http://toxico.nibio.go.jp) で公開されていますが,生データのままなので,オンラインで遺伝子発現データを閲覧することはできません.そこで,データの前処理を行い,web上で解析を行なえるようにしたシステムが,ToxyGATEs ( $\beta$  版)です.

# 1. データセットの選択

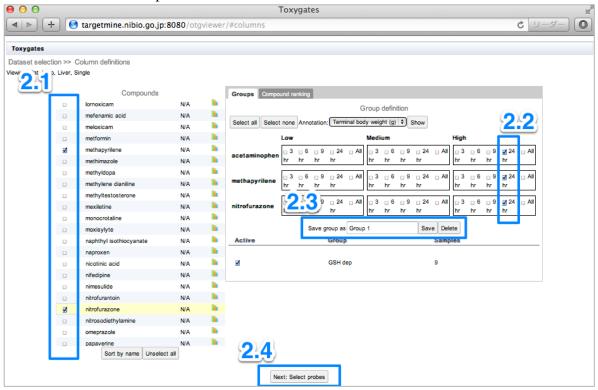
- 1.1 トキシコゲノミクスのデータの遺伝子発現量は数値で表されますが、絶対値と、コントロール群に対して投与群の遺伝子発現量が何倍になったかを示す Log2ratio値の2種類があります。今回はLog2ratio値を選びます。
- 1.2 データは実験条件により、大きく6つのデータ・セットにわかれます。今回はラット(Rat)、*in vivo*、肝臓(Liver)、単回投与(Single dose)のデータを選びます。"Select" をクリックします。



## 2. グループの作成

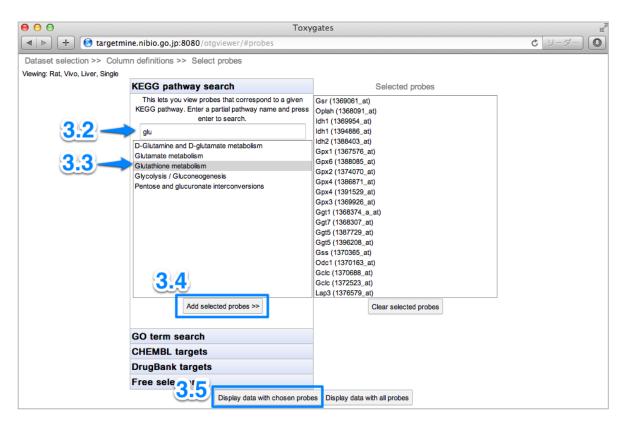
見たいデータをまとめるためにグループを作ります. 今回はacetaminophen, methapyrilene, nitrofurazoneの24時間の高用量群(各化合物の高用量を投与後, 24時間の時点での遺伝子発現データ)を選びます.

- 2.1 左の化合物名一覧から上記3化合物にチェックを入れます.
- 2.2 右上に現れた化合物の実験条件のHighの24hrにチェックを入れます.
- 2.3 グループの名前を"GSH dep"と入力して保存します.
- 2.4 "Next: Select probes"をクリックします.



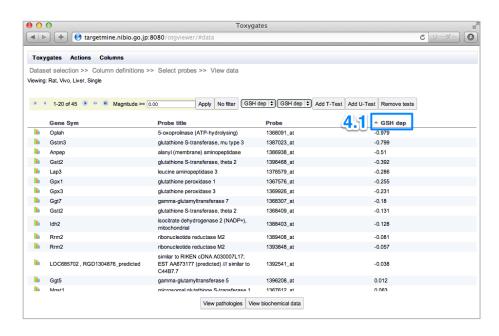
#### 3. 解析対象遺伝子を選択

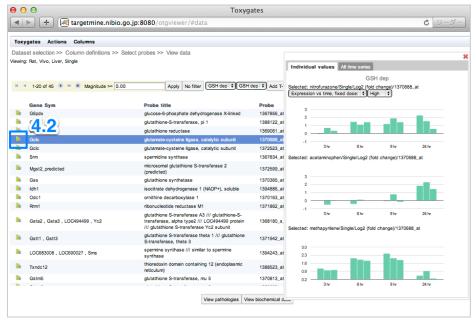
- 3.1 いくつかの外部データベースを検索して、見たい遺伝子を絞り込むことができます.
- 3.2 今回はKEGG pathwayを選択し、"glut"と打ち込みリターンキーを押します.
- 3.3 "glut"のスペルが名前にあるパスウェイが列挙されたので、その中から "Glutathione metabolism"をクリックします.
- 3.4 "Add selected probes"をクリックします.
- 3.5 "Display data with chosen probes"をクリックします.



### 4. 遺伝子の発現変動を観察

- **4.1** 選択した遺伝子とその発現値が表示されました. 発現値順に並び替えるために"GSH dep"をクリックします.
- **4.2** 左端カラムのグラフアイコンをクリックすることで、選択した遺伝子の発現変動が表示されます.





# 5. 演習

- **5.1** 別グループをもう一つ作りましょう. 観察する時点は**24hr**を選択してください.
- **5.2 2**つのグループを作成し、"Add T-test" ボタンをクリックすることで、 t検定を行うことができます. グループ間で最も発現差の大きい遺伝子は何だったで しょうか.

ヒント: 化合物として, erythromycin ethylsuccinate, gentamicin, glibenclamide を選んでみましょう.