

IPA パスウェイ解析受託サービス 受け入れデータに関するご説明

(1) 群比較データ受入プラン

ID 列および LOG 変換した変動値をカラムとした Excel ファイルまたは CSV ファイルをご送付ください。

受け入れデータ例 (RNA-seq データ, マイクロアレイデータの場合)

ID 列	変動値
GeneSymbol	LOG2FC
AKL1	5.508781082
BRCA1	0.777907232
BRCA2	-1.492586033
...	...

※ 量的データが log2FC と異なる場合、解析可能か当社にて判断する必要がありますので、事前にお問い合わせください。

受け入れ可能 ID 一覧表

対応 ID	記載例
Affymetrix	D26439_at
Affymetrix SNP ID ^(*1)	SNP_A-1507322
Affymetrix Transcript Cluster ID (Exon Arrays) ^(*2)	3758318
Agilent	A_68_P33008885
Applied Biosystems	124112
CAS Registry Number	50-28-2
Codelink	GE102183
db SNP ^(*3)	rs12345678
Ensemble	11287
Entrez Gene (Locus Link)	ENSG00000169710
Expr Fold Change	-

Expr Log Ratio	-
Genbank	AK025375
Gene symbol - Mouse (Entrez Gene)	BRCA1
Gene symbol - Rat (Entrez Gene)	BRCA1
Gene symbol - Human (Hugo/HGNC, Entrez Gene)	CYP3A5
Genpept	BAC36826
GI Number	6225801
Human Metabolome Database (HMDB)	HMDB10075
Illumina ^(*4)	GI_31543715 or NM_010603
International Protein Index	IP100123456
Kegg	C11476
miRBase ID-Sanger ^(*5)	MIMAT0003214
Phospho Fold Change	-
Phospho Log Ratio	-
PubChem CID	5757
RefSeq	NM_010603
UCSC (hg18)	uc001mng
UCSC (hg19)	uc010fth
Unigene	Hs.111680
UniProt/Swiss-Prot	P08908

(*1) Affymetrix SNP ID は Affymetrix によって供給されたデータに基づき IPA ソフト内で Entrez Gene ID および Ingenuity Gene のアノテーションが付与されます。Affymetrix SNP ID の多くは複数の Ingenuity Gene のアノテーションが付与されます。IPA の解析で使用されるのは単一 Ingenuity Gene が付与された Affymetrix SNP ID のみです。

(*2) Affymetrix Exon、Gene 1.0ST Array の Transcript Cluster ID レベルの情報に対応しています。
ただし、Core Transcript Cluster ID レベルのみに対応します。IPA は Gene と完全一致したデータの解析のみ サポートしているため Extended、Full Transcript Cluster ID には対応しません。

(*3) SNP は IPA ソフト内で遺伝子をコードする、もしくはコード領域の上流 2 kb /下流 0.5 kb 以内にある遺伝子がアノテーションされ、解析に使用されます。

(*4) Illumina Probe ID の整数フォーマット(例 12345)をもつものは、複数の生物間で同じ数値を用いているものがあるため、IPA ではサポートしていません。GI Number、RefSeq ID を使用することをおすすめします。Illumina のアレイのうち、2006年 12 月以前の古いものが整数のフォーマットとなっていますが、新しいアレイは ILMN_で始まる ID を使用しているため、問題ございません。

(*5) microRNA ID として mature form(MIMAT###のフォーマット)が安定した ID であるため、こちらを使用することをおすすめします。miRNA 名(mmu-miR-483、hsa-miR-483)も ID として使用可能ですが、これらの名称は変更 されることがあるため 使用をおすすめしません。いくつかの miRNA アレイは miRNA 名のみがアノテーションとして提供されているため、その場合 には miRNA 名を IDとして使用してください。

(2) 定量値データ受入プラン

ID 列および定量値をカラムとした Excel ファイルまたは CSV ファイルをご送付ください。

受入れデータ例 (RNA-seq データ, マイクロアレイデータの場合)

ID 列	定量値 (ex. カウント値)
GeneSymbol	カウント値
AKL1	45
BRCA1	3
BRCA2	10
...	...

受入れデータ例

種別	受入可能な値
RNA-seq データ	カウント値
マイクロアレイデータ	お問い合わせ
ATAC-seq / ChIP-seq データ	お問い合わせ
DNA メチル化アレイデータ (Infinium® Methylation Array)	お問い合わせ
WGBS / RRBS データ	お問い合わせ
プロテオームデータ	お問い合わせ
メタボロームデータ	お問い合わせ

(3) 生データ受入プラン

マイクロアレイ、次世代シーケンサー、質量分析器から得られた以下の生データをご送付ください。

受入れデータ例

種別	受け入れ可能な拡張子
RNA-seq データ	fastq, bam
マイクロアレイデータ	お問い合わせ
ATAC-seq / CHIP-seq データ	fastq, bam
DNA メチル化アレイデータ (Infinium® Methylation Array)	ldat
WGBS / RRBS データ	fastq, bam
プロテオームデータ	お問い合わせ
メタボロームデータ	お問い合わせ

その他にご不明点がございましたら、以下宛先までお問い合わせください。

株式会社Rhelixa

customer-service@rhelixa.com

TEL : 03-6240-9330

多様なバイオインフォマティクスニーズに応える

次世代
シークエンス・データ解析
受託サービス

スピーディな
図版付き
基本解析

オーダーメイドの
高次比較解析

シークエンス
のみの
ご依頼も格安で