

遺伝子発現解析受託サービス

タカラバイオ(株)CDMセンターでは、研究目的に応じた解析サービスをご提供しています。DNAマイクロアレイ解析や高速シーケンス解析、遺伝子工学の技術を活用し、経験豊富なスタッフの作業により、国内受託実績No.1の高品質なサービスをお届けいたします。



◆遺伝子発現解析受託プラットフォーム◆

	マイクロアレイ解析	RNA-seq解析	nCounter解析	リアルタイムPCR解析
用途	・網羅的解析	・網羅的解析 ・スプライシングバリエーションの解析 ・新規転写産物の発見	・最大770種類の標的遺伝子解析 ・がん、免疫、炎症など疾患関連遺伝子に絞った解析	・高感度、高精度な解析 ・アレイやシーケンス結果の検証
特徴	・広く普及した解析法 ・少数検体から低価格対応可能	・small RNA以外の全ての転写産物が解析可能 ・シーケンス量に応じた解像度を取得	・FFPE等の分解サンプルに対応 ・PCR増幅バイアスが無い、デジタルカウント遺伝子発現解析 ・充実した解析データ	・様々な定量方法を持つ ・プライマー/プローブの設計が重要
納期	サンプル受領後約1か月 ※一部アレイで最短5~7営業日の短納期対応あり	サンプル受領後約2~2.5か月 ※最短2週間の短納期対応あり	サンプル受領後約1~2か月 (別途パネル取り寄せ期間が必要)	—
受入れサンプル	total RNA 500 ng以上 濃度 50~350 ng/μl OD260 / OD280 1.6以上	total RNA 4 μg以上 ※1 濃度 200ng/μl以上 OD260 / OD280 1.6以上	total RNA 500 ng以上 ※2 濃度 50~500 ng/μl OD260 / OD280 1.6以上	—

- ・ RNA量が上記の規定量に満たない場合はお問い合わせください。微量増幅オプション等をご相談させていただきます。
- ・ RNA抽出オプションも対応しております。ご相談ください。
- ・ RNAサンプルは RNase free水に溶解してください。また、サンプル調製時にエタノール沈殿を行う場合、共沈剤としてグリコーゲンを追加しないでください。
- ※1 植物由来total RNAなどのようにmRNA含量が少ないことが予想される検体については、8 μg以上のtotal RNAをご提供ください。
- ※2 分解サンプル(RIN<7)の場合は、1,000 ng以上のtotal RNAをご提供ください。

Agilent Expression Array 安価で広い発現レンジの解析に便利

◆ 主要なアレイ ◆

生物種	製品名	コンテンツ
ヒト	SurePrint G3 Human Gene Expression 8x60K v3	26,083 Entrez gene RNAs, 30,606 lncRNAs
マウス	SurePrint G3 Mouse Gene Expression 8x60K v2	27,122 Entrez gene RNAs, 4,578 lncRNAs
ラット	SurePrint G3 Rat Gene Expression 8x60K v2	30,584 Entrez gene RNAs

ヒト、マウス、ラットのほか、モデル生物や微生物などのアレイをご利用いただけます。

◆ サービスの特長 ◆

アジレント社認定サービスプロバイダーとして、マイクロアレイを用いた網羅的遺伝子発現解析を行います。アジレントマイクロアレイは、広いダイナミックレンジと特異性の高い60 mer のプローブにより、低発現遺伝子の変動も検出が可能です。



◆ 納品物例 ◆

オリジナルビューワ「Aqua」

オリジナルビューワ「Aqua」はExcelよりも操作性が向上し、シグナルデータや発現比率、変動遺伝子などを快適に閲覧できます。データをエクスポートし、Excelで解析も可能です。t検定やクラスタリングを実行するツールも併せて納品いたします。

【納品物】

- ・ 作業報告書、解析補足資料
- ・ Rawデータ(txtファイル)
- ・ 解析データ(シグナルデータ)
- ・ 有意差検定ツール「Aqua t-test」
- ・ クラスタ分析ツール「Aqua Clustering」など

◆ 主要なアレイ ◆



生物種	製品名	コンテンツ
ヒト	Human Genome U133 Plus 2.0 Array	約47,000の転写産物／約54,000のプローブセット
	Clariom S Array, Human	20,800 のヒト遺伝子
マウス	Mouse Genome 430 2.0 Array	約34,000の確認されたマウス遺伝子を含む
	Clariom S Array, Mouse	22,100のマウス遺伝子

ヒト、マウスのほか、モデル生物のアレイを多数ご利用いただけます。

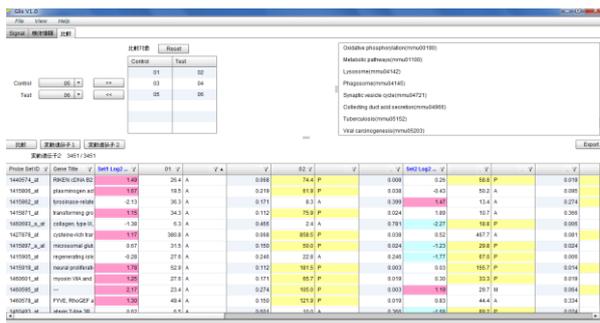
◆ サービスの特長 ◆

アフィメトリクス認定サービスプロバイダーとして、マイクロアレイを用いた網羅的な遺伝子発現解析を行います。GeneChipは1遺伝子の検出に10~20種のprobeが設計されており、ハイブリダイゼーション、洗浄・染色の工程が自動化されているため高精度で再現性の高いデータを取得可能です。

◆ 納品物例 ◆

オリジナルビュー「Glis」
※3' IVT Array解析のみ対応

「Glis」は、検体間の組み合わせを自由に選択でき、比較データを計算します。Excelよりも操作性が向上し、シグナルデータや発現比率、変動遺伝子などを快適に閲覧できます。データをエクスポートし、Excelで解析も可能です。

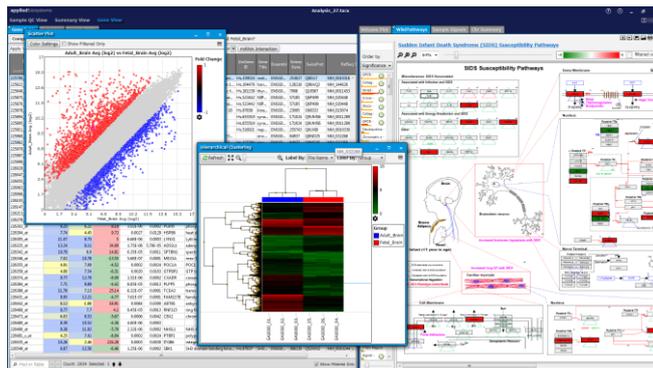


【納品物】

- ・ 作業報告書、解析補足資料
 - ・ Rawデータ (ARR、CEL、CHPファイル)
 - ・ 解析データ (シグナルデータ) など
- ※Clariomアレイでは、シグナルデータは納品物に含まれません。

★ Transcriptome Analysis Console (TAC)での解析が便利！

Transcriptome Analysis Console (TAC) version 4.0は、サーモフィッシャーサイエンティフィック社サイトより無償でダウンロードが可能です。納品物のファイル(CEL、CHPファイル)を用いて、各種GeneChipアレイの結果を解析できます。



- ◆ 正規化処理やデータQC
- ◆ 発現変動の統計的検定 (t-test、Anova)
- ◆ 解析結果のsummary
- ◆ Scatter plotやHeatmapの作成
- ◆ 公共DBへのLink

短納期サービス対応アレイ

※短納期サービスの詳細は、弊社ウェブサイトをご確認ください。

- GeneChip 3' IVT Array
(Human Genome U133 Plus 2.0 Array、Mouse Genome 430 2.0 Array)
- Clariom S Array (Clariom S、Human、Clariom S、Mouse)

➔ 最短5営業日

➔ 最短7営業日

リアルタイムPCR用プライマー・プローブ合成

TB Green™ 検出系

- ・ リアルタイムPCR用プライマー合成 (Perfect Real Time サポートシステム)
- ・ RefSeqに登録されたヒト、マウス、ラット、ウシ、イヌ、ニワトリ、Ensembl Plantsに登録されたイネ、シロイヌナズナの対象遺伝子に対して高精度な特異的プライマーを設計
- ・ 対象遺伝子のAccession No.やキーワード情報などからオンラインで検索後、簡単に注文可能

Perfect Real Time サポートシステム

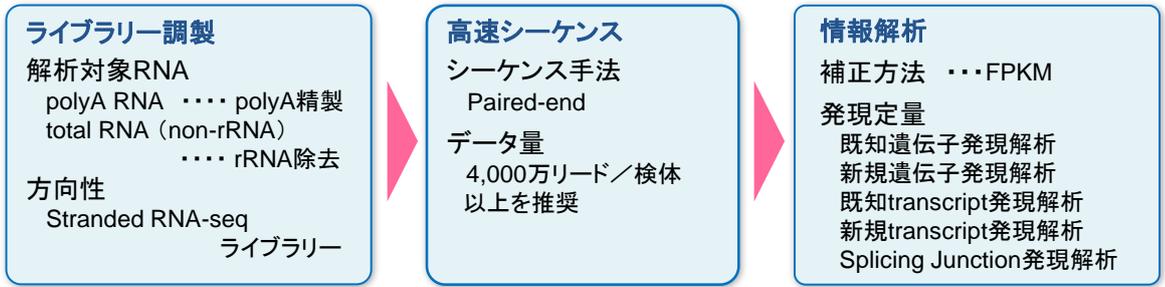
TaKaRa qPCR Probe 検出系

- ・ リアルタイムPCR用プライマー／蛍光標識プローブ合成
- ・ 対象遺伝子のAccession No.、キーワード、配列情報、生物種情報などから、プライマーとプローブをカスタム設計。配列情報を確認した上で注文可能
- ・ リアルタイムPCR装置の機種や使用目的に応じて、レポーター色素(5'修飾)とクエンチャー色素(3'修飾)の最適な組み合わせを選択可能



RNA-seq解析

◆ 解析の流れ ◆



◆ 基本サービス ◆

イルミナシーケンス (HiSeqまたはNovaSeq)による転写物遺伝子発現解析を行います。total RNAやmRNAからライブラリーを作製、シーケンスにより塩基配列解析データを取得します。得られたデータは参照ゲノム配列にマッピングし、遺伝子発現量を推定します。遺伝子毎の発現量解析に加えて、transcript毎の発現量解析も行います。

解析結果は、遺伝子および新規遺伝子領域毎の発現量とリード数をまとめたExcelファイル、マッピング結果閲覧用ファイル、UCSCゲノムブラウザ上での表示用ファイル等を納品いたします。

◆ 納品物例 ◆

遺伝子毎の発現量推定結果 (エクセル形式)

transcript毎の発現量推定結果や新規転写産物の発現量推定結果にも対応しています。

Name	発現量 (FPKM値)		ID	ゲノム位置情報				遺伝子アノテーション情報		RefSeq ID
	Sample A	Sample B		Chromosome	Position	Width	Strand	Annotation Type	Annotation Source	
chr1:11874-14409	0.1642	0.1134	DX11L1	chr1	11874	2536	+	non-coding Transcript	Transcript Consolidation	NR_046018
chr1:1288069-129891	1.2046	1.0585	MXRA8	chr1	1288069	10853	-	Protein Transcript	Transcript Consolidation	NM_001282582

【納品物】

- ・ 作業報告書、解析補足資料
- ・ シーケンスデータ (fastqファイル)
- ・ 発現定量結果 (Excel形式ファイル) (Gene毎、Transcript毎)
- ・ マッピング結果 (BAM形式)
- ・ ビューデータ (Bedgraph形式)
- ・ 新規Transcriptの位置情報 (GTF形式)

目的に合わせて選べるRNA-seq解析プラン

・HiSeq相乗りプラン

納期重視の方にお勧め！！ 納期2~4週間、解析スケジュールはウェブサイトのカレンダーで確認できます。

・NovaSeq相乗りプラン

複数検体を単価を抑えて解析したい場合にご利用ください。

・SMART-seq相乗りプラン

微量サンプルの解析にお勧めです。納期も4~6週間です。

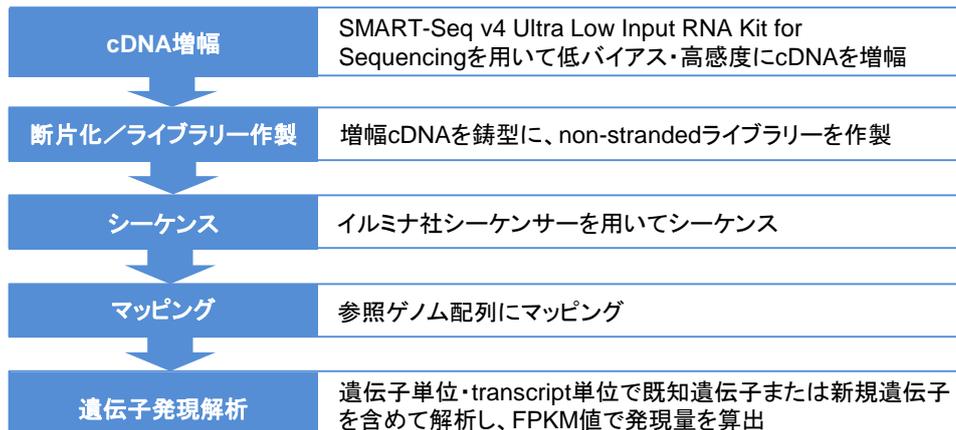
※相乗りプランの詳細は、弊社ウェブサイトをご確認ください。

SMART-seq解析

微量サンプルの解析

◆ 基本サービス ◆

1~1,000細胞またはpgオーダーのtotal RNAなどの微量検体からもcDNA調製が可能なSMART-Seq v4 Ultra Low Input RNA Kit for Sequencing (製品コード 634888)を用いた遺伝子発現解析です。微量組織、ソーティング細胞、LCM検体などから調製されたtotal RNAをバイアス少なく増幅し、遺伝子発現解析を実施します。微量total RNAからRNA-seq解析が可能です。



【納品物】

- ・ 作業報告書、解析補足資料
- ・ シーケンスデータ (fastqファイル)
- ・ 発現情報、マッピング結果ファイル

デジタルカウント遺伝子発現解析 (nCounter)

◆ サービスの特長 ◆

NanoString Technologies社のnCounterは、配列特異的な分子バーコードにより標的配列をデジタルカウントして、再現性の高い発現解析が可能です。FFPE検体など分解の進んだサンプルにも対応しています。がん、免疫、炎症など、重要なパスウェイや疾患に関する遺伝子パネルにより、ターゲットを絞った高精度な解析が可能です。

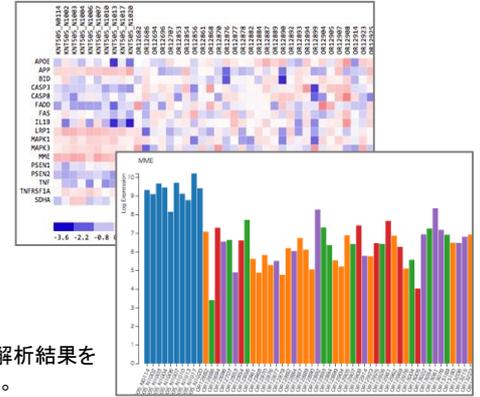
◆ 主なパネル ◆

その他多数。
マウスパネルもあります。

パネル名	コンテンツ
PanCancer Immune Profiling Panel	各種がんにおけるヒト免疫応答に関する770遺伝子
PanCancer Pathways Panel	主要なヒト癌関連経路の770遺伝子
PanCancer Progression Panel	ヒトにおける癌の進行度に関する770遺伝子

◆ 納品物例 ◆

Gene Name	Accession #	Class Name	EntrezID	Description	htmlヘリンク Link	正規化後のカウント値		
						KNT505 N0114	KNT505 N1002	KNT505 N1003
A2M	NM_000014.4	Endogenous	2alpha-2-macroglobulin precursor		A2M	12.810	12.946	12.433
ABCB1	NM_000927.3	Endogenous	5243 multidrug resistance protein 1		ABCB1	7.365	8.440	7.736
ABL1	NM_005157.3	Endogenous	25 tyrosine-protein kinase ABL1 isoform a		ABL1	9.005	9.242	9.121
ADA	NM_000022.2	Endogenous	100 adenosine deaminase		ADA	6.830	7.199	6.662
ADORA2A	NM_000675.3	Endogenous	135 adenosine receptor A2a		ADORA2A	4.593	5.195	4.688
AICDA	NM_020661.1	Endogenous	57379 single-stranded DNA cytosine deaminase		AICDA	2.272	2.930	0.604



【納品物】

- ・ 作業報告書
- ・ Rawデータ
- ・ Analysisデータ (アノテーションを行った解析データ) など

html形式のデータで、解析結果を俯瞰的に閲覧できます。

データマイニング解析

- ・ マイクロアレイ解析やRNA-seq等で得られた数値データの前処理やフィルタリングを行い、有意差検定やパターン解析、クラスタリングなどによる遺伝子の抽出および分類を行います。
- ・ 抽出や分類を行った遺伝子に対して、有意に多く含まれるGO (Gene Ontology) termやパスウェイを解析することにより、生物学的な意味づけを行います。詳細はご相談ください。

アレイシグナル値
シーケンスFPKM値

n = 1

2検体比較 (1 vs 1)
Fold-change
変動遺伝子抽出

複数検体間比較
Fold-change
変動遺伝子抽出

アレイシグナル値
シーケンスFPKM値

n ≥ 3

群間比較
フィルタリング
t-検定
(+Fold-change)
変動遺伝子抽出

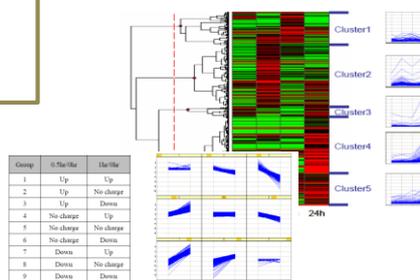
多重比較
フィルタリング
ANOVA
(+Fold-change)
変動遺伝子抽出

キーワード遺伝子検索

遺伝子抽出

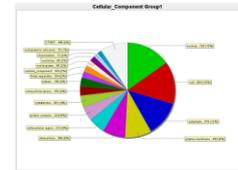
階層クラスタリング
テンプレートマッチング
パターン解析

グループ作成



GO Slim機能比率解析

機能解析 (挙動解析)



Pathway挙動解析

機能解析 (挙動解析)

Pathway頻度解析

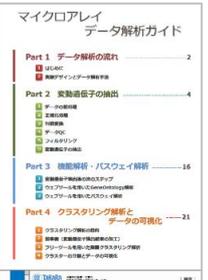
機能予測 (頻度解析)

Gene Ontology頻度解析

機能予測 (頻度解析)

■ データ解析ガイド

アレイ解析、RNA-seq情報解析の納品物です。Excelでの統計検定、フリーツールを使用したpathway解析、クラスタリング解析手法などをご紹介します。



※本パンフレットに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。

2018年6月作成G

タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ
滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
TEL 077-565-6999

Website <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店