

タカラバイオの次世代シーケンス解析受託サービス

ヒトゲノムの配列解析や遺伝子発現解析、腸内細菌叢の解析など、次世代シーケンサーを活用した先進的な遺伝子工学研究支援サービスを提供しています。

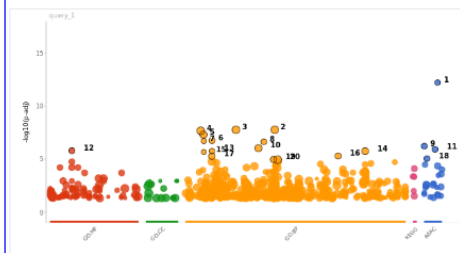
弊社試薬を使用した微量検体からの解析も充実しており、豊富な実績でお客様の研究をサポートします。

遺伝子発現解析 (トランスクリプトーム解析)

RNA-Seq解析	SMART-Seq v4 Ultra Low Input RNA Kit for Sequencing使用で 極微量検体にも対応! 最短 約2週間の 短納期プラン 、ncRNAや FFPE/分解サンプルの解析 に対応したプランも!!
空間トランスクリプトーム解析 (Spatial Transcriptomics)	Visium FFPE (10x Genomics社)を用いた解析。FFPEブロックまたはスライドを送付するだけで、組織中の形態学的位置情報と紐づいた遺伝子発現データの取得が可能です。
ロングリードRNA-Seq解析 (Iso-Seq)	ロングリードシーケンサーPacBio Sequel IIを使用し、ショートリードのシーケンスでは難しかったアイソフォームの配列決定、新規アイソフォームの同定、アイソフォームごとの遺伝子発現解析が可能です。
シングルセル解析	Chromium シングルセル遺伝子発現Flexを用いた解析。固定化組織または細胞からシングルセルレベルの遺伝子発現データを取得します。ロングリードシーケンスにも対応可能です。
ターゲット融合遺伝子解析	SMART技術を用いたタカラバイオオリジナルの融合遺伝子検出サービス! Semi-nested PCRで 未知の融合パートナー遺伝子 の検出、 FFPEや微量核酸からの解析 も可能です。

▼クラウドデータマイニング解析 (Expression Miner 2.0)

RNA-Seq解析の発現解析結果を用いたデータマイニングツール!
クラウド上にアップロードされた遺伝子発現解析結果から、フィルタリング、群間比較、変動遺伝子抽出、エンリッチメント解析を実施

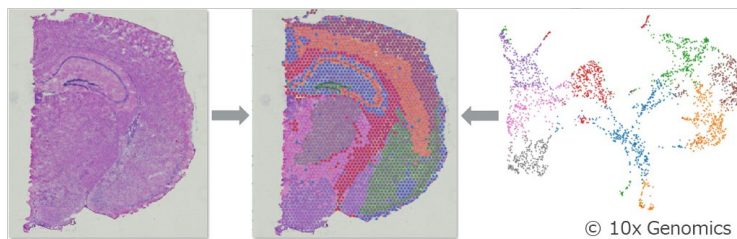


クラウドデータマイニング解析操作例をご覧ください。↓



▼空間トランスクリプトーム解析 (Spatial Transcriptomics)

組織学的イメージ (H&E染色画像) → 組織学的イメージ上に遺伝子発現結果を可視化 → 遺伝子発現解析



エピジェネティクス関連

DNAメチル化解析 (NGS)	<ul style="list-style-type: none"> ● 全ゲノムメチル化シーケンス解析 次世代シーケンサーを用いてゲノムワイドに精度高くシトシンごとのメチル化レベルを定量できる手法です。 ● RRBS (Reduced Representation Bisulfite Sequencing) 解析 DNAエンドヌクレアーゼを用いてゲノムDNAを切断し、CpGを含む断片をバイサルファイトシーケンスします。単価を抑えた解析が可能です。
ChIP-Seq解析	転写調節因子やヒストン修飾研究に利用されるクロマチン免疫沈降サンプルの網羅的解析。バリデーショ済み抗体も多数ご用意しています。
ATAC-Seq解析	Transposomeによる網羅的オープンクロマチン領域解析。抗体は不要で、エピジェネティクス研究のスクリーニングに最適
miRNA-Seq解析	total RNAや血清・血漿検体など、様々なサンプルから網羅的なmiRNA発現解析を行います。各種疾患や生命現象のバイオマーカー探索にご利用ください。

プロテオーム解析

高感度プロテオーム解析 (Olink®)	次世代シーケンサー(NGS)を用い、 微量の血清・血漿、CSF、培養上清 などからタンパク質を定量します。サイトカインなどの低濃度タンパク質から高濃度タンパク質まで、最大約3,000種を同時解析可能です。
-----------------------------	---

ゲノム変異、ゲノム配列決定解析

ヒト全ゲノムシーケンス解析	<ul style="list-style-type: none"> ● NovaSeqシステム(イルミナ社)を用いたショートリードシーケンス ヒトゲノムのSNV・Short Indel検出に！ Structure VariantやCNV解析も可能です。 ● PacBio Sequel II / Revioシステム(パシフィックバイオサイエンス社)を用いたロングリードシーケンス 大きなIndelなどのStructure Variantや繰り返し配列をより高精度に検出可能です。
ヒトエクソーム解析	Twist Comprehensive Exome Panelなどを使用し、ヒトエクソン領域を濃縮、NovaSeqシステム(イルミナ社)を用いてシーケンスを行います。
cfDNA変異解析	cfDNAを材料とし、 ThruPLEX技術 によりライブラリーを作製した後に、キャプチャー濃縮技術により 消化器がん関連遺伝子(28遺伝子)の変異を超高感度で検出 します。

★ 全ゲノムシーケンスまたはエクソームシーケンスデータを使用した以下の**情報解析オプション**も充実しています ★

ゲノムワイド関連解析 (GWAS)	日本人特異的変異解析	体細胞変異解析
ネオアンチゲン予測解析	ゲノム編集オフターゲット領域解析	

★ 医薬品開発向け遺伝子解析サービス・遺伝子検査サービスにも対応しています ★

● **次世代シーケンス解析 (信頼性基準)**

試験に適した解析手法をご提案(系構築、他手法との比較など)、分析性能評価の過程を経て本試験を実施します。また、要求される環境(GCP、信頼性保証など)で解析を実施、研究用途とは異なる体制のもとバイオマーカー探索・測定など各種臨床試験、治験試験に適したサービスを提供します。

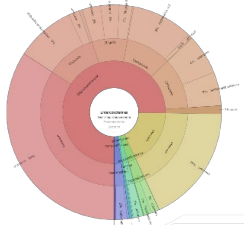
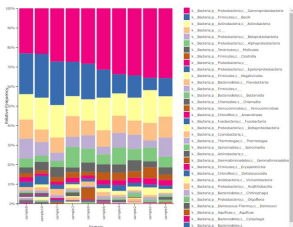
● **遺伝子検査サービス**

衛生検査所およびCAP-LAP認証ラボで、次世代シーケンサーを用いた全ゲノム解析、各種遺伝子検査を提供します。

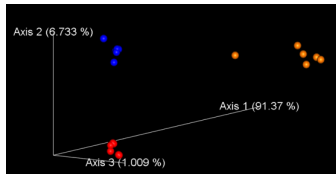
メタゲノミクス関連

Virome(ウイルス叢)の網羅的解析	ヒト全ゲノムシーケンス・RNA-Seqデータから宿主ゲノムの除去・フィルタリングを行い、 網羅的なウイルス種の検出 を行います。プロウイルスの挿入位置も確認可能です。
16S rRNA解析(細菌叢解析)	16S rRNA領域(V3-V4領域)を増幅したPCR産物などを対象に次世代シーケンサーを用いて塩基配列を取得、16S rRNAデータベースに対する相同性検索および系統分類解析を実施します。 ヒト・マウス糞便のDNA抽出から対応可能 です。
ショットガンメタゲノム解析	臨床、糞便、環境サンプルなどから抽出したゲノムDNAを次世代シーケンサーにて解析します。全ゲノム配列を対象とするため、 より精度の高い菌種組成の解明 が可能であり、また16S rRNA解析(細菌叢解析)では難しかった、菌叢の持つ 機能を解明 することも可能です。

菌種組成チャート



PCoA解析結果



α 多様性解析結果



・本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。
・ライセンス情報については弊社ウェブサイトにてご確認ください。

2024年4月作成N

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



取扱店