

SMART Fusion-Seq解析



がんに関連する主要な融合遺伝子を網羅的に検出できるキットを使用することで、従来の融合遺伝子検出メニューよりも微量な核酸量から安価で検出することが可能になりました。

- 微量核酸(20~50 ng)から解析可能
- FFPEなど分解が進んだサンプルからも解析対応
- 未知の融合パートナー遺伝子を検出
- 遺伝子追加など柔軟な対応(カスタム対応)

■ 解析の流れ



5'RACE

がんに関連する主要な融合遺伝子が対象

Fusion
 ALK exon19, 20
 BRAF exon9,10
 FGFR1 exon9, 10
 NTRK1 exon9, 10
 NTRK2 exon13, 16
 NTRK3 exon14, 15
 PHF1 exon2
 RET exon12
 ROS1 exon32, 34

Exon skipping
 MET exon13, 15

3'側の対象遺伝子領域をキャプチャーし、5'側で未知の融合パートナー遺伝子を検出できます。

3'RACE

Fusion
 FGFR1 exon17
 FGFR2 exon17
 FGFR3 exon17
 JAZF1 exon3
 YWHAE exon5

3'UTR Deletion
 PD-L1 exon5, 6

5'側の対象遺伝子領域をキャプチャーし、3'側で未知の融合パートナー遺伝子を検出できます。

☆ 上記記載以外のご希望の融合遺伝子の検出も可能です。

■ 受入サンプル

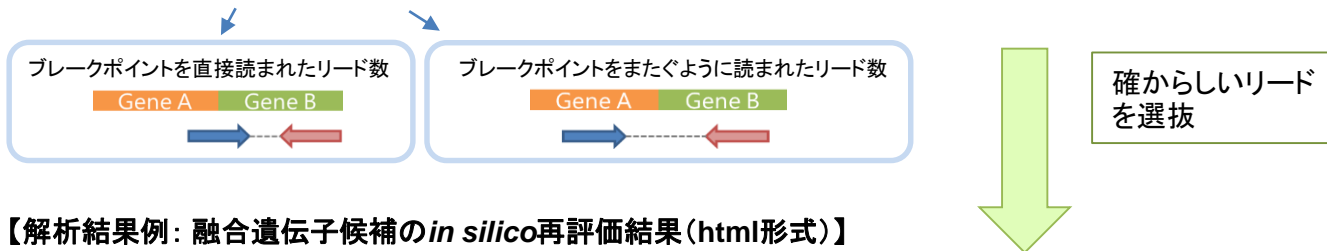
サンプルの種類	サンプル量	保管・送付温度
total RNA	130 ng以上 (2.5 ng/μl 以上)	冷凍
血液	2 ml	冷凍
FFPE	10 μm厚、7枚程度(もしくは相当量)	冷蔵
組織	25 mg 程度	冷凍
培養細胞	1 × 10 ⁶ 個以上	

SMART Fusion-Seq解析

- 納品物 ・作業報告書 ・シーケンスデータ ・融合遺伝子の検出結果、マッピング結果 等

【解析結果例：融合遺伝子候補の一覧(excel形式)】

融合遺伝子ペア情報			両遺伝子の遺伝子ID(Ensemble database)とブレイクポイントポジション			
#FusionName	JunctionRead Count	SpanningFrag Count	LeftGene	LeftBreakpoint	RightGene	RightBreakpoint
EML4--ALK	341	0	EML4^ENSG00000143924.19	chr2:42295516:+	ALK^ENSG00000171094.18	chr2:29223528:-
CCDC6--RET	171	0	CCDC6^ENSG00000108091.11	chr10:59906122:-	RET^ENSG00000165731.19	chr10:43116584:+
SLC34A2--ROS1	116	0	SLC34A2^ENSG00000157765.13	chr4:25664330:+	ROS1^ENSG00000047936.10	chr6:117329446:-
SLC34A2--ROS1	102	0	SLC34A2^ENSG00000157765.13	chr4:25664330:+	ROS1^ENSG00000047936.10	chr6:117324415:-



【解析結果例：融合遺伝子候補のin silico再評価結果(html形式)】

IGV形式で融合遺伝子検出に
関与するリードを確認することが可能

■ ご依頼について



ご興味をお持ちの方は、弊社ウェブサイトのオンラインお問い合わせページからご連絡ください。

<https://www.takara-bio.co.jp/research/support/jutaku/>

※お問い合わせ内容欄に「SMART Fusion-Seq解析」と記載してください。

・本チラシ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。

2024年3月作成

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