

遺伝子発現解析受託サービス

(2020年6月版)

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◆

	GeneChipアレイ解析		SMART-Seq/RNA-Seq解析		nCounter®解析		Iso-Seq解析	
特徴	<ul style="list-style-type: none"> 最も実績がある網羅的解析ツール 解析ソフトTACによる多面的な解析 		<ul style="list-style-type: none"> イルミナ社シーケンサーを使用した網羅的発現解析 Transcriptごとの発現解析 微量RNAや分解RNAの解析にも対応 		<ul style="list-style-type: none"> NanoString社 nCounter システムを使用した解析 ~800遺伝子の半網羅的解析 FFPE等の分解サンプルでも、高精度な発現解析が可能 		<ul style="list-style-type: none"> PacBio社シーケンサーによるcDNA全長配列取得 複雑なIsoformパターンを識別 	
納期	サンプル受領後約1か月 ※最短5営業日の短納期対応あり		サンプル受領後約1~1.5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)		サンプル受領後約2か月	
受入サンプル	total RNA量	濃度	total RNA量	濃度	total RNA量	濃度	total RNA量	濃度
	500 ng以上	50~300 ng/μl	50 ng以上 ※1	10 ng/μl以上	500 ng以上 ※2	50~500 ng/μl	1 μg以上	100 ng/μl以上

- RNA量が上記の規定量に満たない場合にはご相談ください。微量増幅オプション等をご相談させていただきます。
 - 臨床サンプル等からの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添加しないでください。
- ※1: TruSeq Stranded mRNA Sample Prep Kit(イルミナ社)での解析を希望の場合、哺乳類の場合は4 μg以上、それ以外の生物種の場合は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。

nCounter®解析

◆基本サービス◆

NanoString Technologies社のnCounterは、デジタル分子バーコード技術に基づいた分子をダイレクトにカウントするシステムです。このnCounterシステムを使用して、最大800種類の遺伝子を高精度に解析いたします。

◆主なパネル◆

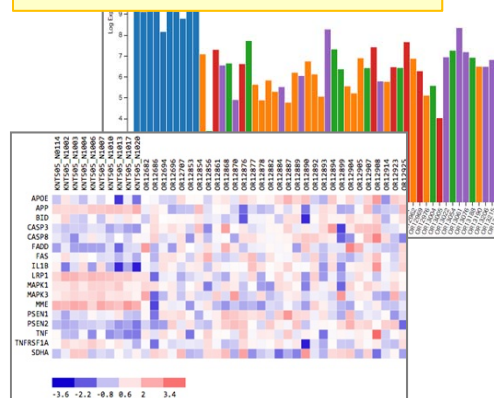
製品名	コンテンツ
PanCancer Immune Profiling Panel	各種がんにおけるヒト免疫応答に関する770遺伝子
PanCancer Pathways Panel	主要なヒトがん関連経路の770遺伝子
PanCancer Progression Panel	ヒトにおけるがんの進行度に関する770遺伝子

その他多数。マウスパネルもあります。お問い合わせください。

◆納品物例◆

遺伝子情報					htmlヘリンク	正規化後のカウント値		
Gene Name	Accession #	Class Name	EntrezID	Description	Link	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		25tyrosine-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

html形式のデータで、解析結果を俯瞰的に閲覧できます。



【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

◆ 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
ヒト	ClariomS 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
マウス	ClariomS Array, Mouse	22,100のマウス遺伝子

ヒト、マウスのほか、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。

◆ 基本サービス ◆

サーモフィッシャーサイエンティフィック社認定サービスプロバイダとして、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。

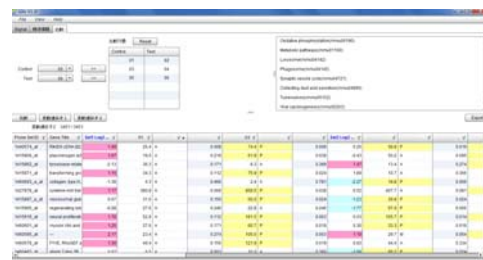
◆ 納品物例 ◆

【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

オリジナルビューワ「Glis」
※3' IVT Array解析のみ対応

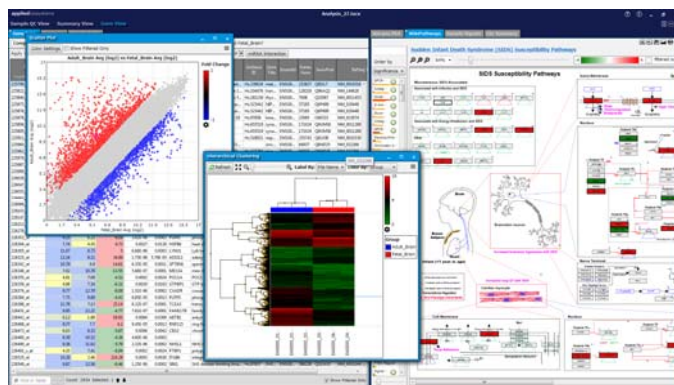
オリジナルビューワ「Glis」は、検体間の組み合わせを自由に選択でき、比較データを計算します。Excelよりも操作性が向上し、シグナルデータや発現比率、変動遺伝子などを快適に閲覧できます。データをエクスポートし、Excelで解析も可能です。



★ GeneChipアレイ解析結果は、Transcriptome Analysis Console (TAC)での解析が便利！

Transcriptome Analysis Console (TAC)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 (Rawデータ) 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 (Anova)
- ✓ 解析結果のsummary
- ✓ Scatter plotやHeatmapの作成
- ✓ 公共DBへのLink



短納期解析

対応アレイ

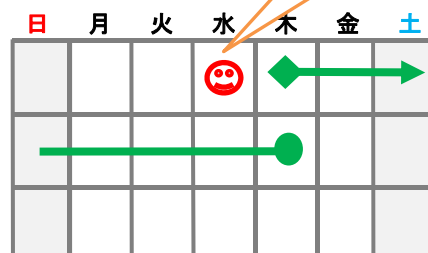
- Human Genome U133 Plus 2.0 Array
- Mouse Genome 430 2.0 Array

➡ 最短5営業日

短納期解析について ※必ず確認の上、ご依頼ください。
オンライン注文にてご依頼いただけます。

前日の12時まで
にオンライン注文

- ・対応サンプルはtotal RNAのみとなります。必ず事前に濃度、純度を測定して、正確な値を入力ください。微量増幅のオプションも対応しておりません。
- ・入力するサンプル名称とチューブ記載名称を一致させてください。
- ・納品形態はWEB納品のみとなります。CD納品別途有償となります。
- ・本サービスは毎週木曜日に解析開始するサービスとなります。
- ・オンライン注文はその週の水曜日の12時までに必要な情報を入力ください。木曜日が祝日の場合には、前日の水曜日がサンプル到着期限日、その前日の火曜日がオンライン注文入力期限となります。
- ・解析期間中に祝日を挟む場合には+2営業日となります。
- ・RNA品質検定結果の報告は行いません。またQCデータの納品も行いません。
- ・品質検定で問題があった場合には、解析の進め方を相談いたします。その場合、納期は変わります。
- ・混雑時は納期が延びる場合がございます。サンプル到着順の対応となります。



GeneChip 3' IVT Array解析スケジュール例

- ◆: サンプル到着期限日 (午前中必着)
- : データ報告予定日

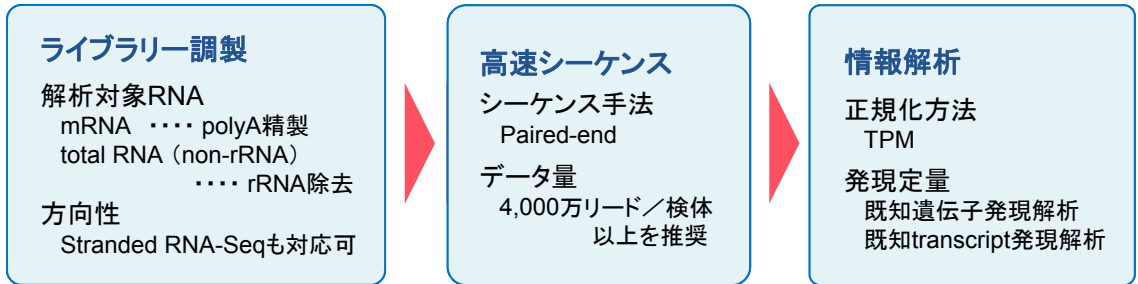
SMART-Seq / RNA-Seq解析

◆ 基本サービス ◆

イルミナ社シーケンサー(NovaSeq)による遺伝子発現解析を行います。mRNAまたはtotal RNAからライブラリーを作製後、シーケンスにより塩基配列データを取得します。得られたデータは参照配列にマッピングし、遺伝子発現量を算出します。遺伝子ごとの発現量解析に加えて、transcriptごとの発現量解析も行います。

シーケンスデータ、遺伝子、transcript毎の発現量とリード数をまとめたExcelファイル等を納品いたします。

◆ 解析の流れ ◆



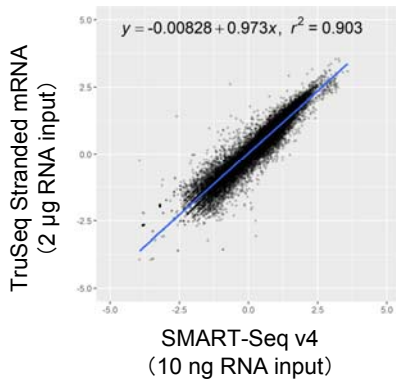
◆ 解析プラン ◆

タカラバイオのSMART-Seq v4 Ultra Low Input RNA KitまたはSMART-Seq Stranded Kitを使用することで、従来では解析の難しかったRNA検体からでもRNA-Seq解析を実施することが可能です。微量サンプルからの解析にも対応しています。

TruSeq Stranded mRNA Sample Prep Kit(イルミナ社)を使用した解析も可能です。

短納期、低価格の解析に

★ SMART-Seq v4 Ultra Low Input RNA Kit 使用
 mRNAを対象とし、**最短2週間**の短納期プランでの解析が可能
 タカラバイオRNA-Seqの新スタンダード！

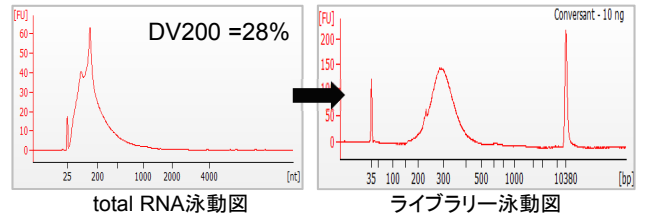


◀ 微量RNA (10 ng) をSMART-Seq v4 Kitで解析した例。TruSeq Stranded mRNA Kit (2 µg) と高い発現相関を示すことが分かる。

FFPEなど分解の進んだサンプルの解析に

★ SMART-Seq Stranded Kit 使用
 Total RNAが対象、non coding RNAも解析可能
 ※対象生物種は、ヒト、マウス、ラットです。

SMART-Seq stranded Kitにより、分解が進行したRNA検体でもライブラリー作製が可能



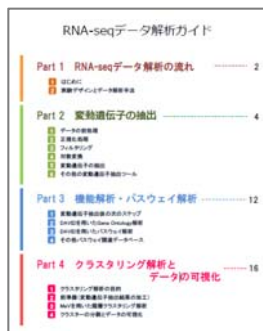
◆ 納品物例 ◆ 遺伝子ごとの発現解析結果例

※ ヒト、マウスのSMART-Seq解析 短納期プランでは、発現解析結果を無償で納品します！

ID	発現量 (TPM値)		ゲノム位置情報				Gene ID 遺伝子名		遺伝子アノテーション情報			
	sampleA	sampleB	Chromosome	Position	Width	Strand	Entrez GeneID	Gene Name	Description	GO Accession	GO Name	KEGG Pathway
ENS00000162576	1.2046	15.0094	chr1	1288069	10853	-	54587	MXRA8	matrix remodeling associate8	GO:0016021 // ...	integral component of membrane // ...	-
ENSG00000223972	0.16427	3.6923	chr1	37204236	6453	+	6753	SSTR3	somatostatin receptor 3	GO:0016021 // ...	integral component of membrane // ...	Neuroactive ligand-receptor interaction // ...

【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)
- <情報解析依頼時>
- 発現解析結果 (Excel形式ファイル) (遺伝子ごと, Transcriptごと)
- データ解析ガイド



解析に便利な「データ解析ガイド」をお付けしています。

初めてRNA-Seqデータをご覧になる方でも、Excelやフリーツールで以下の解析を実施いただけます。

- ✓ フィルタリング
- ✓ 比較解析
- ✓ 統計検定
- ✓ 階層クラスタリング
- ✓ GeneOntology解析
- ✓ パスウェイ解析

Iso-Seq解析

◆ 基本サービス ◆

PacBio社Sequel IIを使用し、cDNAを断片化せずに直接全長の配列情報を取得します。複雑なスプライシングパターンを持つ遺伝子の発現解析や、新規アイソフォームの探索にご利用いただけます。

◆ 納品物例 ◆

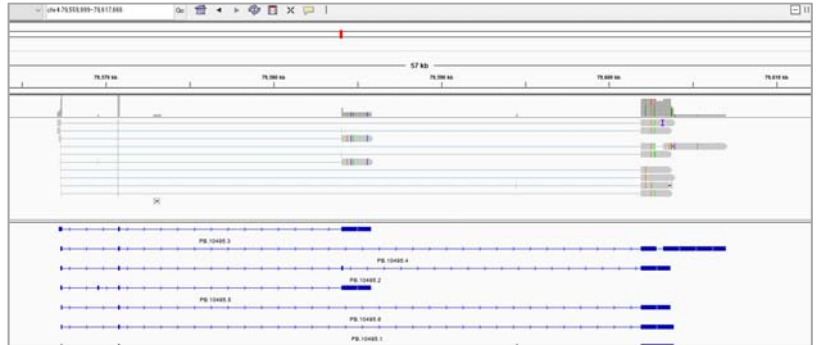
【納品物】

- ・作業報告書
- ・HiFiリード(BAMファイル)
- ・Full-length-transcriptリード(fastqファイル)
- ・マッピング結果(BAMファイル)
- ・アイソフォームの遺伝子構造(GFFファイル)
- ・アイソフォームの発現値(エクセルファイル)

アイソフォームごとの発現値情報。オプションでアノテーション情報付与も可能

	chr	start	end	gene_id	transcript_id	count	normalized_count
1	chr1	14359	20847	PB.1	PB.1.1	2	0.0000005
3	chr1	14361	29356	PB.1	PB.1.2	3	0.0000007
4	chr1	14363	29353	PB.1	PB.1.3	3	0.0000007
5	chr1	14363	29341	PB.1	PB.1.4	2	0.0000007
58	chr1	95020	244587	アイソフォーム情報	発現値	2	0.0000002
59	chr1	103633	252496	PB.2	PB.2.2	2	0.0000005
60	chr1	134918	137839	PB.2	PB.2.3	2	0.0000005

BAMファイルをIGVで読み込み、既知アイソフォームとマッピングリードを比較可能



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。

アレインシグナル値
シーケンスカウント値

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

アレインシグナル値
シーケンスカウント値

n ≥ 3

2群比較
フィルタリング
統計検定
(+Fold-change)

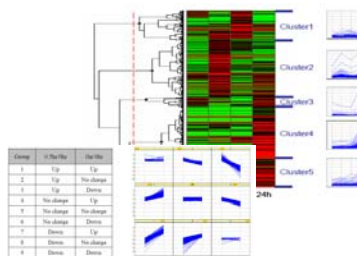
変動遺伝子抽出

多群比較
フィルタリング
多群比較
(+Fold-change)

変動遺伝子抽出

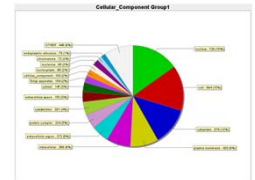
階層クラスタリング
テンプレートマッチング
パターン解析

グループ作成



GO Slim 機能比率解析

機能解析 (挙動解析)

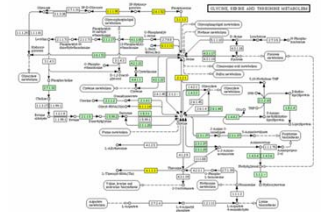


KEGG Pathway 挙動解析

機能解析 (挙動解析)

KEGG 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)

・ライセンスなどに関する最新の情報は弊社ウェブサイトをご覧ください。

・本パンフレット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。

2020年9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 <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店