

アレイ解析受託サービス

タカラバイオ(株)バイオメディカルセンターでは、研究目的に応じて選択可能な豊富なアレイ解析サービスをご提供しています。

長年培ってきたアレイ解析や遺伝子工学の技術を活かし、経験豊富なスタッフの作業により、国内受託実績No.1の高品質のサービスをお届けいたします。



遺伝子発現解析アレイ

3' Expression Array

ヒト、マウス、ラット、シロイヌナズナ、イネ、酵母、大腸菌など複数の生物種のアレイをご利用いただけます。

Agilent Expression Array

GeneChip®

中面で詳しくご紹介

Exonレベルでの発現比較やSplice variantの解析も行いたい場合におススメ

Agilent Exon Array (ヒト、マウス、ラット)

GeneChip® Transcriptome Array (ヒト、マウス、ラット)

miRNA発現解析に

Agilent miRNA Array

メチル化解析アレイ

ヒト検体のメチル解析に！
85万以上のメチル化サイトの網羅的解析が可能

Infinium MethylationEPIC BeadChip

CGH / CNV解析

コピー数解析のファーストチョイスに！
ゲノム全体をカバーする高解像度解析

Agilent CGH Array

CNV領域に高密度にプローブを配置

Agilent CNV Array

CGH解析とSNP解析を同時に行いたい場合に

Agilent CGH + SNP Array

SNP解析

ヒトゲノムワイドなジェノタイピングとCNV解析に

Illumina SNP BeadChip

96アレイ単位のハイスループットのジェノタイピングが可能。
カスタムアレイ作製も可能

Axiom® Genotyping Array

Agilent Expression Array発現解析

- ・ 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。
- ・ 広いダイナミックレンジと高い再現性により、低発現遺伝子の変動も逃さずキャッチ
- ・ ヒト、マウスでは、lincRNAなどのnon-coding RNAのプローブも搭載



基本サービス

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。

細胞や組織、total RNAを送付いただき、比較する組み合わせをご指定ください。

RNA抽出(オプション)、RNA品質検定、cDNA合成、ラベル化cDNA合成、アレイへのハイブリダイゼーションおよびスキャニングを行います。データの数値化、正規化処理を行い、指定の比較組み合わせ(1対1)で発現比を算出したファイルをお返しします。

納品データ

タカラバイオ独自のビューワファイルで解析をサポート

- ・ 作業報告書、解析補足資料
- ・ RNA QCデータ、ハイブリダイゼーション QCLレポート
- ・ 解析データ(シグナルデータ、発現比率データ、変動遺伝子データ)
- ・ クラスタ分析ツール「Aqua Clustering」
- ・ Supplemental データ(CSVファイル)
- ・ Rawデータ(txtファイル)
- ・ 有意差検定ツール「Aqua t-test」
- ・ ヒートマップ

ヒト、マウス、ラットのG3フォーマットのアレイ納品物例です。

その他の生物種、アレイについては納品形態が異なる場合がありますので、お問い合わせください。

▼ 解析データ(シグナル、発現比率、変動遺伝子)

Adobe AIR上で動く弊社オリジナルビューワ「Aqua」での結果閲覧や、各種ツールにて解析が可能です。パソコンのOSによらずお使いいただけます。

Excelよりも操作性が向上し、膨大なデータをスピーディーに閲覧いただけます。

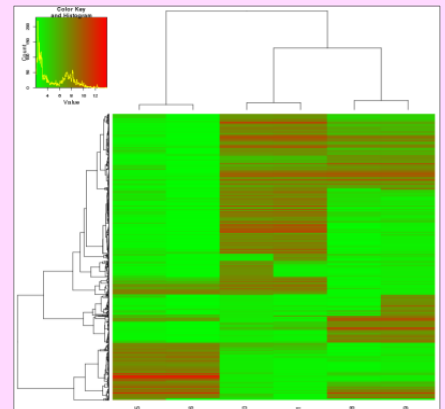
データをエクスポートし、Excelで解析していただくことも可能です。

FeatureNum	Description	Set01_Log2Raw	Set01_sScaleSs	Set01_Log2Eva	Set01_sScaleSs	Set01_Log2Eva	Set02_sScaleSs	Set02_Log2Eva	Set02_sScaleSs	Set02_Log2Eva	Set03_Log2Raw	
355	Mus musculus T	0.53	74.8	2	107.9	2	-3.94	1.023	1	66.5	2	0.57
357	Mus musculus n	1.34	3,342.5	2	8,464.8	2	0.92	3,454.8	2	6,521.9	2	1.32
358	lincRNA.chr13.9	4.25	10.1	0	191.8	2	-5.70	532.2	2	103.3	0	3.63
359	Mus musculus a	-9.16	43,282.0	2	75.9	1	-11.85	37,852.0	2	102.2	0	-7.13
360	Mus musculus h	-2.61	2,700.1	2	442.5	2	-3.89	2,581.4	2	174.5	2	-4.08
361	lincRNA.chr6.7	3.54	17.0	1	197.1	2	0.78	30.4	1	52.2	2	2.21
363	Mus musculus F	1.98	159.5	2	629.5	2	1.87	189.4	2	604.4	2	0.61
364	Mus musculus o	0.91	9.9	0	18.6	0	0.63	12.3	0	19.0	1	-0.29
365	RANKL cDNA 17	0.91	9.9	0	18.5	0	0.21	25.5	1	29.5	1	1.30
367	lincRNA.chr13.9	0.91	9.8	0	18.4	0	-0.29	12.2	0	10.0	0	0.09
368	Mus musculus s	0.91	9.8	0	18.4	0	-0.39	13.0	1	9.9	0	-0.29
369	lincRNA.chr12.1	-1.28	44.4	1	18.3	0	-2.78	87.7	2	9.9	0	-2.54
370	Mus musculus S	1.27	2,009.6	2	4,858.6	2	1.31	1,652.0	2	4,102.0	2	1.15

▼ ヒートマップ

ご依頼の全サンプルから変動差のあった遺伝子を上位1,000遺伝子抽出し、ヒートマップを作成した結果図を納品いたします。

各クラスターの遺伝子リストや、より詳細な条件を設定して解析をご希望の場合はオプションデータマイニング解析をご依頼ください。



▼ 有意差検定ツール(Student T-test)

繰り返し実験やグループ間の有意差検定を簡単な操作で何度でも自由に行うことができます。

Control群とtest群を指定すると群平均値、群間の変動倍率、p-value、q-valueを算出します。

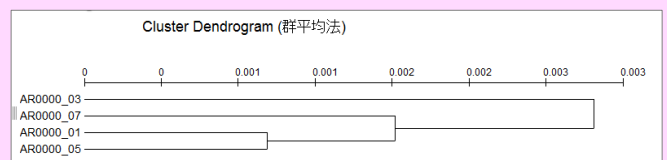
また、1検体同士の比較解析にも対応しています。

お好きなペアでの比較解析を自由に行っていただけます。

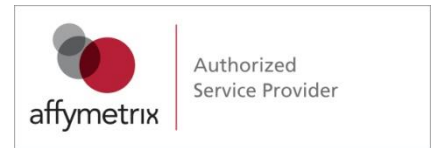
▼ クラスタ分析ツール(階層的クラスタリング)

解析サンプルを選択いただき、ボタン1つでピアソン相関によるクラスタリング解析を行うことができます。

サンプル間に存在するグループ構造を、視覚的に理解しやすくなります。計算方法には一般的な群平均法のほか、ワード法、最近隣法、最遠隣法、McQuitty法、メディアン法、重心法を選択可能です。



- Affymetrix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。
- 豊富な論文数、自動化装置による再現性の高いプラットフォームのアレイ



基本サービス

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。細胞や組織、total RNAを送付いただき、比較する組み合わせをご指定ください。

RNA抽出(オプション)、RNA品質検定、cDNA合成、ラベル化cDNA合成、アレイへのハイブリダイゼーションおよびスキャニングを行います。データの数値化、正規化処理を行い、指定の比較組み合わせ(1対1)で発現比を算出したファイルをお返しします。

納品データ

- ・ 作業報告書、解析補足資料
- ・ RNA QCデータ、ハイブリダイゼーション QCレポート
- ・ 解析データ(シグナルデータ、発現比率データ、変動遺伝子データ)
- ・ Rawデータ(CELファイル)
- ・ Supplemental データ(CSVファイル)

包括的トランスクリプトーム解析(Human Transcriptome Array 2.0、Mouse Transcriptome Array 1.0、Rat Transcriptome Array 1.0)も好評受付中!

- ・ 全転写産物アイソフォームの遺伝子レベルおよびエクソンレベルでの発現解析が可能
- ・ coding、non-coding、さらにスプライス接合部にもプローブが設計されており、選択的スプライシングの検出が可能

発現解析 オプションサービス

▼組織・細胞からのRNA抽出・精製

血液・組織などの臨床検体サンプルからのRNA抽出にも対応しています。

【ご注意】

HIV、HCVなどの感染が明らかなサンプルについては受け入れができません。事前にウイルス不活化処理を行ってからサンプル送付をお願いいたします。

★必要細胞数、組織量についてはお問い合わせください。

▼微量サンプル増幅オプション

NuGEN社Ovation® システムを用いた微量増幅を行います。

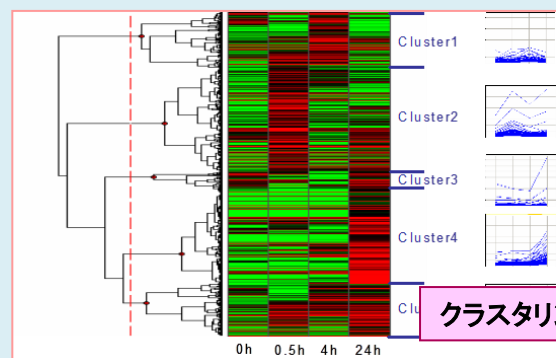
※ NuGEN社独自のRibo-SPIA(Single Primer Isothermal Amplification)技術を用いた迅速で簡便かつ高感度なcDNA増幅システム

【必要 total RNA量】

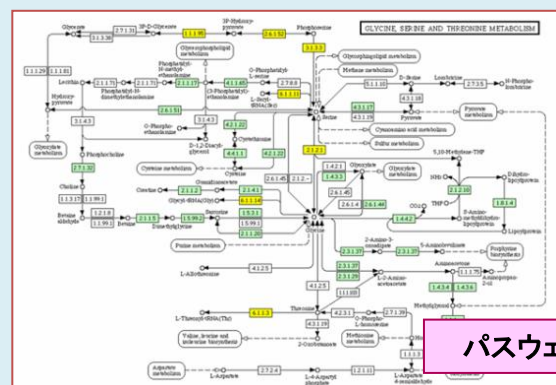
総量: 0.5~50 ng (推奨は20 ng)

▼データマイニングサービス

ご要望に合わせて、専門スタッフが解析します。



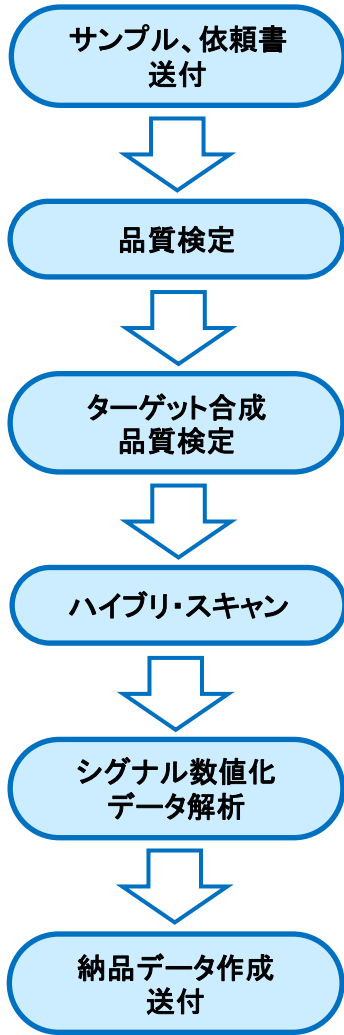
クラスタリング解析



パスウェイ解析

ご依頼方法、解析の流れ

= 解析の流れ =



▼ サンプル送付方法

- ① WEBから「解析依頼書」をダウンロードし、必要事項をご記載の上、FAXまたはメールにて送付してください。サンプル送付の際にも、「解析依頼書」を同梱してください。
- ② サンプルは破損・漏れのないように梱包いただき、十分量のドライアイスと同梱の上、平日午前着指定、冷凍便にて送付してください。

【送付先】 タカラバイオ株式会社 バイオメディカルセンター 受託受付担当 宛
〒525-0058 滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 TEL. 077-565-6981

▼ total RNAサンプルの送付時の注意点

- 電気泳動にてrRNAの明瞭なバンドが検出され、分解していないことをご確認ください。
- RNAサンプルはRNase free水に溶解してください。
- 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。

【miRNAアレイ解析をご依頼の場合】

- **microRNA、small RNAの分離、濃縮は不要です。**

※ 短鎖を含むtotal RNAの調製方法につきましては、別途お問い合わせください。抽出方法が変わるとプロファイルに影響しますので、一つのプロジェクトには同一の抽出方法を使用してください。

▼ DNAサンプルの送付時の注意点

- DNAサンプルは、標準的なDNA調製キットを用いて調製されたものが使用できます。Reduced EDTA TE buffer (10 mM Tris-HCl, 0.1 mM EDTA pH8.0) などに溶解の上、規定濃度以上に調製してください。
- DNAサンプルは、電気泳動(1%ゲル)にて10~20 kbに明瞭なバンドが検出され、分解がないことをご確認ください。電気泳動写真を依頼書に添付してください。

▼ 組織、細胞送付時の注意点

- 組織・細胞の必要量を事前にご確認いただき、規定量のサンプルを送付してください。
- 組織・細胞の状態によっては、解析可能なサンプルが得られない場合もございますので、あらかじめご了承ください。
- **ヒト臨床検体を送付いただく場合は、サンプル感染性について情報提供用紙をご提出いただき、施設受入の可否をご連絡いたします。必ず事前にお問い合わせください。**

▼ 送付サンプル量

解析に使用するアレイ	total RNA	濃度	OD ₂₆₀ / OD ₂₈₀	OD ₂₆₀ / OD ₂₃₀
Agilent Expression Array	1 µg 以上	100 ~ 500 ng/µl	1.6 以上	
GeneChip®	1 µg 以上	100 ~ 500 ng/µl	1.6 以上	
Agilent miRNA Array	500 ng 以上	100 ~ 500 ng/µl	1.6 以上	
解析に使用するアレイ	DNA	濃度	OD ₂₆₀ / OD ₂₈₀	OD ₂₆₀ / OD ₂₃₀
Infinium MethylationEPIC BeadChip	2 µg 以上	50 ng/µl 以上	1.6 以上	
Agilent CGH / CNV Array	2 µg 以上	100 ng/µl 以上	1.8~2.0	1.0 以上
Illumina SNP BeadChip	2 µg 以上	100 ng/µl 以上	1.6 以上	
Axiom® Genotyping Array	1 µg 以上	50 ng/µl 以上	1.8 以上	1.5 以上

※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。

2016年1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://www.takara-bio.co.jp>

取扱店