

nCounter® Analysis Systemを用いた高感度発現解析 デジタルカウント遺伝子発現解析受託サービス

タカラバイオ(株)は、NanoString Technologies社のnCounter®を用いた高精度な遺伝子発現解析をご提供します。nCounter®は配列特異的な分子コードにより標的配列のデジタルカウントが可能であり、ホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)切片など様々な細胞・組織中のRNAから定量的かつ再現性の高い発現解析結果を導きます。

FFPE検体の解析

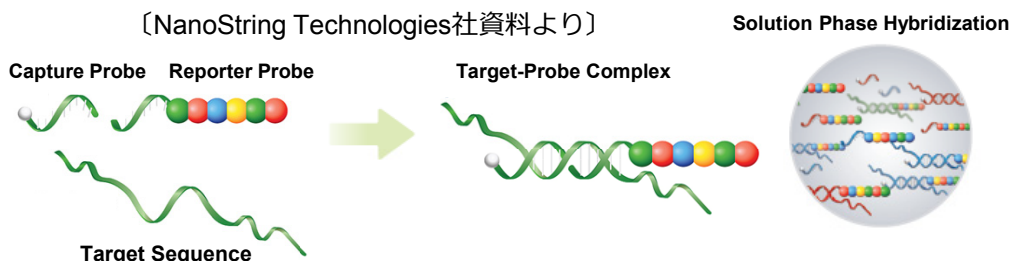
がん遺伝子の定量解析

僅かな遺伝子発現変化の検出

nCounter 解析の流れ

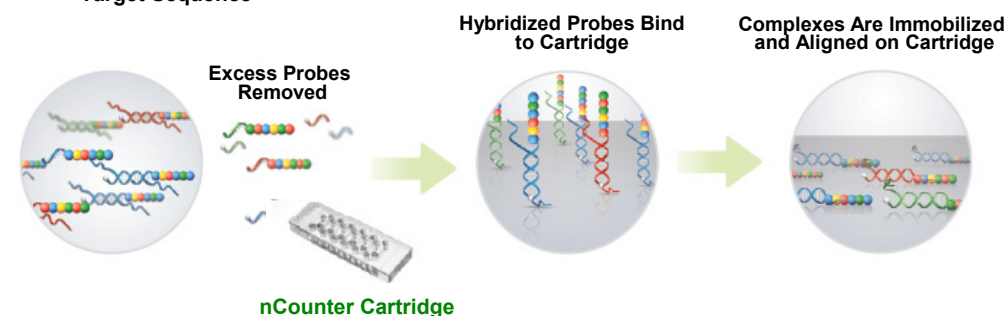
1. Hybridize

溶液中でCapture ProbeとReporter Probeが標的の核酸とハイブリダイズする。Reporter Probeは5'末端に6連続&4種類の蛍光バーコードを有し、Capture Probeは3'末端に固定化のためのビオチンを含む。



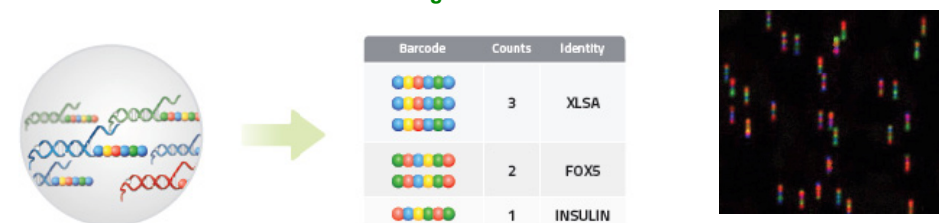
2. Purify + Immobilize

ハイブリダイゼーション後、装置内で余剰プローブが取り除かれ、精製される。Target-Probeの複合体は、nCounter解析用カートリッジの表面に固定化された後、一定の向きに整列する。



3. Count

解析用カートリッジは蛍光スキャナーで読み取られ、各標的配列のカラーバーコードの並びがカウントされる。カウントデータをnSolverにより解析する。



遺伝子発現解析用パネル

パネル名	遺伝子数
PanCancer Immune Profiling for Human	770
PanCancer Progression Profiling for Human	770
PanCancer Pathways for Human	770
Human Immunology v2	594
Human Inflammation v2	255
Human Breast Cancer ER	202
Human Kinase	536
Human Cancer Reference	236
Stem Cell	199
PanCancer Immune Profiling for Mouse	770
Mouse Immunology	561
Mouse Inflammation v2	254

PanCancer Immune Profiling Panel

各種がんにおけるヒト免疫応答をプロファイルするパネル

- ・ 24種類の免疫細胞の細胞表面マーカー 109遺伝子
- ・ CT(がん精巣) antigen 30遺伝子
- ・ 免疫応答モニタリング >500遺伝子

PanCancer Progression Profiling Panel

がんの進行度を評価するためのパネル

- ・ 血管形成 227遺伝子
- ・ 皮間葉転換 269遺伝子
- ・ 転移 173遺伝子
- ・ 細胞外マトリックス 254遺伝子

PanCancer Pathways Panel

主要ながん関連経路を網羅したパネル

- ・ がん関連パスウェイ 606遺伝子
- ・ がんドライバー遺伝子 124遺伝子

that's
GOOD
science!

デジタルカウント遺伝子発現解析受託サービス

nCounter 納品物例

Gene Name	Accession #	Class Name	Entre ID	Description	Link	NR0000_01	NR0000_02	NR0000_03	NR0000_04
A2M	NM_000014.4	Endogenous	2	alpha-2-macroglobulin precursor	A2M	12.810	12.946	12.433	12.485
ABCB1	NM_000927.3	Endogenous	5243	multidrug resistance protein 1	ABCB1	7.365	8.440	7.736	8.199
ABL1	NM_005157.3	Endogenous	25	tyrosine-protein kinase ABL1 isoform a	ABL1	9.005	9.242	9.121	8.985
ADA	NM_000022.2	Endogenous	100	adenosine deaminase	ADA	6.830	7.199	6.662	6.394
ADORA2A	NM_000675.3	Endogenous	135	adenosine receptor A2a	ADORA2A	4.593	5.195	4.688	5.479
AICDA	NM_020661.1	Endogenous	57379	single-stranded DNA cytosine deaminase	AICDA	2.272	2.930	0.604	3.065
AIRE	NM_000383.2	Endogenous	326	autoimmune regulator	AIRE	2.635	4.559	3.621	2.345

遺伝子情報

正規化後のバーコードカウント値

AIRE

Expression Data

全解析検体における発現パターンを確認するには、BarPlotボタンをクリックください。また、公共発現データベース (BioGPS) における対象遺伝子の発現パターンを確認する場合は、BioGPSをクリックください。

① BarPlot BioGPS ②

KEGG_List

対象遺伝子が登録されている全KEGGパスウェイの一覧となります。

- ・SITE列: KEGGのサイトのリンク
- ・Heatmap列: 指定パスウェイにおいて、プローブが設計された遺伝子群のヒートマップ

KEGG_ID	SITE	Heatmap	Description
hsa04120	KEGG	Heatmap	Ubiquitin mediated proteolysis
hsa05340	KEGG	Heatmap	Primary immunodeficiency

③ ④

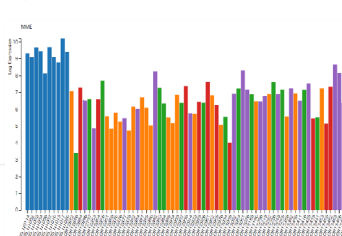
PathView

nCounterのプローブが設計されている箇所を赤色で表記しています。

納品物のリストの遺伝子のLinkより、webブラウザを用いて遺伝子のアノテーション情報を入手できます。タカラバイオオリジナルの納品物です。

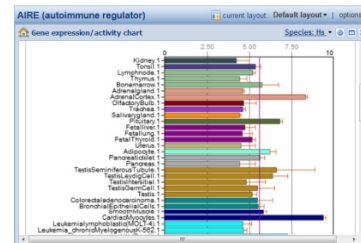
① BarPlot

全解析検体における遺伝子発現パターンを確認



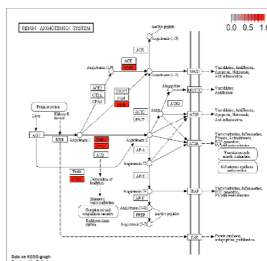
② BioGPS

発現データベース (BioGPS) より対象遺伝子の発現パターンを確認



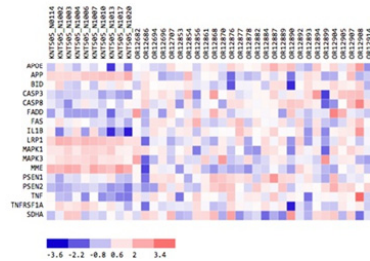
③ PathView (KEGG)

KEGGパスウェイで、対象遺伝子を確認



④ Heatmap

KEGGパスウェイの全遺伝子群の発現パターンをヒートマップで確認



■ 受入サンプル

total RNA		total RNA以外			
total RNA 量	500 ng 以上	細胞	組織	FFPE	血液
total RNA 濃度	50~500 ng/μl	1 × 10 ⁶ cells ~	3~5 mm角片で 100 mg程度	厚さ 5 μm程度に 薄切した切片6枚以上	2.5 ml ~
OD260 / OD280 比	1.6 以上				

- ・ FFPE切片由来のRNAなど分解が進行しているRNAサンプルは、1 μg以上のtotal RNA (100~500 ng/μl) を送付してください。
- ・ 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。
- ・ ヒト臨床検体からのRNA抽出の場合は、事前に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。
- ・ 全ての解析は国内の弊社施設にて実施いたします。

※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。

2016年7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