

次世代シーケンサーによる トランスクリプトーム解析・エピジェネティクス解析

タカラバイオ(株)バイオメディカルセンターでは、長年培ってきた確かな遺伝子工学技術を基に、2006年から次世代シーケンサーを用いた先端的な解析サービスをご提供しています。日本国内でトップクラスの次世代シーケンサー装置の保有台数および種類、解析システムを活かし、お客様の解析目的に適した解析手法をご提案いたします。解析工程は適切な品質管理体制がとられた国内施設で行い、基礎研究から医療支援まで、幅広いニーズに対して万全の態勢で実施いたします。

トランスクリプトーム 解析

遺伝子発現解析
(RNA-seq)

遺伝子発現解析
(*de novo* RNA-seq)

cDNA配列解析

エピジェネティクス 解析

クロマチン免疫沈降
解析(ChIP-seq)

メチル化DNA解析

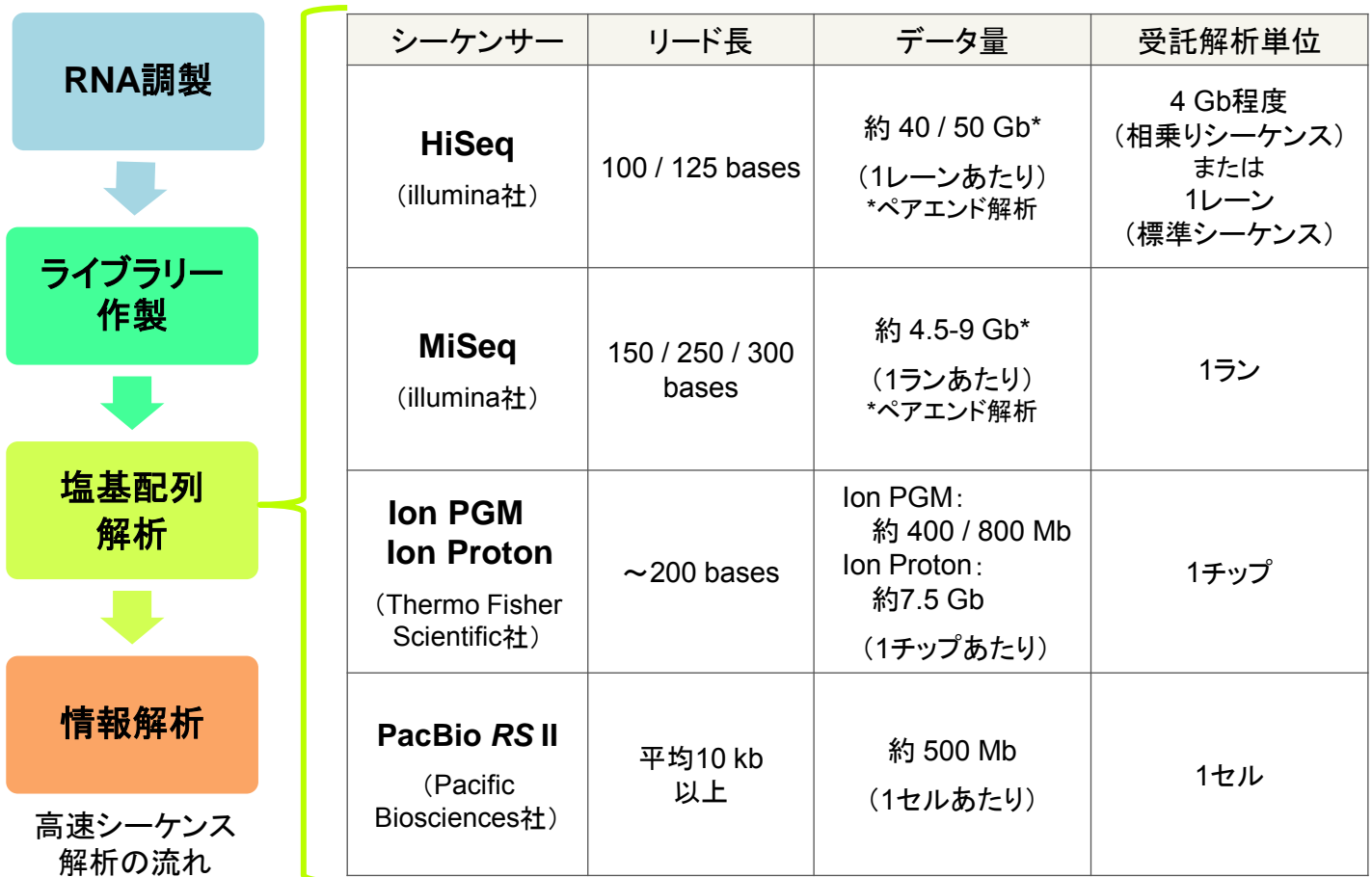
バイサルファイト解析

様々な解析手法を
揃えています！



- ★ 国内受託実績 No.1のタカラバイオにお任せください！
- ★ サンプル処理から情報解析までトータルにサポートします。
- ★ 国内設備と安心のセキュリティ体制

次世代シーケンサー



解析サービス例 (トランスクリプトーム解析)

■ 遺伝子発現解析 (RNA-seq)

total RNAやmRNAからライブラリーを作製し、塩基配列解析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、遺伝子発現量を推定します。従来のマイクロアレイ法と比較して、未知の発現領域を解析対象とできるほか、シーケンス量を増やすことで解像度を上げることも期待されています。

タカラバイオでは、解析目的やサンプル量に応じて、種々のライブラリー作製方法を用意しています。

解析対象RNAの種別	RNA量	
	通常	微量
polyA RNA	【polyA精製ライブラリー】 供与total RNA量 6 µg ★塩基配列はイントロン含有率が最も低い。	【SMART法を用いたライブラリー】 供与total RNA量 50 ng~ ★超微量のRNA-seqが可能に！ 10 ng以上を推奨
total RNA (non rRNA) ※non-coding RNAを含む	【rRNA除去処理ライブラリー】 供与total RNA量 2.5 µg~ ★polyA精製の結果と相関が高い。 ★一部の生物種のみ対応	【Ovation® Systemを用いたライブラリー】 供与total RNA量 50 ng~ ★定量性は他の手法に比べて劣る。 ★独自の手法でrRNAを増やさない。

発現解析(情報解析)

次世代シーケンサーによる発現解析では、遺伝子長により生じるバイアスを補正し、FPKM値として算出します。また、遺伝子毎の発現量解析に加えて、transcript毎の発現量解析にも対応しています。(FPKM : Fragments per kilo base of exon model per million mapped reads)

ゲノム位置情報		発現量 (FPKM値)		遺伝子名	ゲノム位置情報			遺伝子アノテーション情報		RefSeq ID
Name	Sample A	Sample B	ID	Chromosome	Position	Width	Strand	Annotation Type	Annotation Source	Transcript ID
chr1:1187414409	0.1642	0.1134	DDX11L1	chr1	11874	2536	+	non-coding Gene	RefFlat-Genes-hg19-2013-09-23	NR_046018
chr1:1288069129892	1.2046	1.0585	MXRA8	chr1	1288069	10853	-	Protein Gene	RefFlat-Genes-hg19-2013-09-23	NM_001282585 : NM_001282584 : NM_032348 : NM_001282583 : NM_001282582

納品データ例 :

↑ 遺伝子毎の発現量推定結果 (エクセル形式)

※ transcript毎の発現量推定結果や新規転写産物の発現量推定結果にも対応可能です。

→ マッピング結果

※ Mapping結果 (BAMファイル) をフリーソフトで閲覧いただけます。



アプリケーション例

◆ Fusion Gene解析(融合遺伝子解析)

がん細胞の分子標的治療のターゲットとして注目されている融合遺伝子を、次世代シーケンサーで網羅的に検出・探索します。次世代シーケンサーによる配列取得後、fusion gene解析ソフトウェアにより、融合遺伝子の検出と偽陽性の判別を行い、候補遺伝子のリスト化を行います。情報解析だけのご依頼も可能です。

■ 遺伝子発現解析 (de novo RNA-seq)

ゲノム情報が未知の生物種から、HiSeqなどを用いてcDNA配列を取得し、発現解析を行います。得られたショートリードはアセンブルを行い、遺伝子配列を構築します。遺伝子配列をリファレンスにサンプル毎の遺伝子発現量を求め、相同検索によるアノテーションおよびGene Ontologyの情報を付与します。GO Termを用いることで、遺伝子機能別に獲得した遺伝子の抽出と閲覧を行うことが可能です。解析結果は、コンティグ名称、サンプルごとの発現量、予測ORFの位置、blastnやblastpの詳細、Gene Ontology等をまとめてリスト化します。

解析サービス例（エピジェネティクス解析）

■クロマチン免疫沈降解析（ChIP-seq）

ChIP(Chromatine Immunoprecipitation)は、目的タンパク質が結合している染色体領域を濃縮する技術です。次世代シーケンサーを用いて濃縮した領域の塩基配列を取得し、網羅的に結合領域を同定します。

～以下の解析を希望される方にお勧めです～

- 転写調節因子のゲノム結合領域推定
- RNA polymerase結合ゲノム領域推定
- 修飾ヒストンのゲノム領域推定
- DNAメチル化領域推定

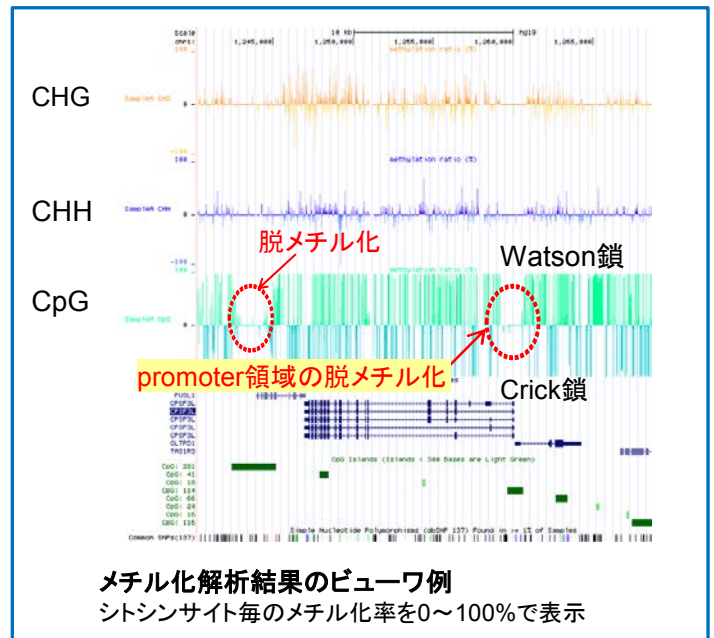
■メチル化DNA解析

◆メチル化DNA領域濃縮シーケンス解析

メチル化DNA領域をEpiXplore™ Methylated DNA Enrichment Kit(製品コード 631963)を用いて濃縮したライブラリーを解析します。バイサルファイト解析と比較して、シトシン単位の解析はできませんが、メチル化されたDNAが集中する領域を効率よく解析できます。

◆Whole Genome Bisulfite Sequencing解析

PBAT法(Post Bisulfite-Conversion Adaptor Tagging)により、ゲノムDNAを直接バイサルファイト処理して解析を行います。微量核酸からのPCR増幅を行わないため、バイアスが生じにくい解析です。シトシン単位でメチル化率を算出します。



受託サービスの流れ

お問い合わせ

受託内容、価格等、まずはお気軽にご相談ください。担当者が直接お伺いしてご相談も可能です。

- 受託窓口 TEL. 077-565-6999
- WEBからのお問い合わせフォーム <https://www.takara-bio.co.jp/support/jutaku/>

参考見積、
作業内容確認

ご相談いただいた内容に基づき、参考見積を提示いたします。作業内容や仕様等をご確認、ご検討ください。正式見積は、ご指定の代理店を通じて提出させていただきます。

依頼書送付

WEBより**高速シーケンス解析依頼書**をダウンロードし、必要事項をご記入の上、送付してください。ヒト生体試料を用いた解析の場合、インフォームドコンセント等対応済みであることを依頼書にて確認いたします。サンプルが遺伝子組換え体または臨床検体の場合、事前に情報提供をお願いします。

検体送付

タカラバイオ株式会社 バイオメディカルセンター 四日市事業所
〒512-1211 三重県四日市市桜町7870番地15 TEL. 059-329-8550

作業実施

2015年9月より送付先が変更になります。
ウェブサイト等でご案内いたしますので、ご確認ください。

納品、受領確認など

納品物をお客様直送または代理店を通じて送付いたします。ご請求・お支払等は代理店が承ります。

※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。 2015年5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合せ先

滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058

TEL 077-565-6999

ウェブサイト <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店