

次世代シーケンス 特集カタログ

受託解析サービス

バイオインフォマティクス・ソフトウェア

試薬・消耗品

科学機器

INDEX

受託解析サービス

ゲノム解析	<ul style="list-style-type: none"> ヒト全ゲノムシーケンス受託解析サービス P.3 動植物ゲノムシーケンス受託解析サービス P.4 PacBio Sequel II 受託解析サービス (ロングリードシーケンス) P.5 ナノポアシーケンス受託解析サービス (ロングリードシーケンス) P.6 Hi-Cゲノムスキャフォールディング受託解析サービス P.7
メタゲノム解析	<ul style="list-style-type: none"> メタゲノムシーケンス受託解析サービス P.8 微生物ゲノムアンプリコン受託解析サービス P.9 Hi-Cメタゲノムデコンボリューション受託解析サービス P.10
エピゲノム解析	<ul style="list-style-type: none"> ChIP-Seq受託解析サービス P.11 全ゲノムメチル化受託解析サービス (全ゲノムパイサルファイトシーケンス) P.12 (h)MeDIP-Seq with lncRNA Promoter受託解析サービス P.13-14 DRIP-Seq受託解析サービス P.15-16
トランスクリプトーム解析	<ul style="list-style-type: none"> RNA-Seq受託解析サービス P.17
エピトランスクリプトーム解析	<ul style="list-style-type: none"> small RNA-Seq受託解析サービス P.18 lncRNA-Seq受託解析サービス P.19 MeRIP-Seq受託解析サービス P.20 tRNA-Seq受託解析サービス P.21-22 tRF&tiRNA-Seq受託解析サービス P.23-24
遺伝子パネル解析	<ul style="list-style-type: none"> リキッドバイオプシー用OptiSeq™がんパネル解析サービス P.25 全エクソームシーケンス受託解析サービス P.26
レパトア解析	<ul style="list-style-type: none"> Reptor™免疫レパートリーシーケンス受託解析サービス P.27-28

バイオインフォマティクス・ソフトウェア

次世代シーケンス解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> CLC Genomics Workbench / CLC Genomics Workbench Premium P.29
機能ゲノミクス解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> OmicsBox P.30
遺伝統計解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> SNP & Variation Suite P.31
臨床シーケンス解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> VarSeq® P.32
パスウェイ解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> iPathwayGuide P.33
シングルセルおよび空間トランスクリプトーム解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> BBrowserX / BioTuring Lens / Talk2Data P.34
オミックスデータ解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> Omics Playground P.35
微生物ゲノム解析ソフトウェア	<ul style="list-style-type: none"> Ridom SeqSphere+ P.36

試薬・消耗品

cfDNA・がんパネル ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • ATOMSeq® テクノロジー P.37 • XCeloSeq Targeted cfDNA Enrichment Kit P.38
融合遺伝子パネル ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • XCeloSeq Targeted RNA Enrichment Kits P.39
cfDNA・全ゲノム ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • XCeloSeq cfDNA Library Prep Kit / XCeloSeq UDI Set for Illumina P.40
遺伝子疾患パネル ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • CleanPlex® Mitochondrial Disease Panel P.41 • CleanPlex® CFTR Panel P.41
がんパネル ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • CleanPlex® OncoZoom Cancer Hotspot Panel P.42 • CleanPlex® TP53 Panel P.42 • CleanPlex® Hereditary Cancer Panel v2 P.43 • CleanPlex® TMB 500 Panel P.43
新型コロナウイルス ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • 新型コロナウイルスパネル / 新型コロナウイルス全ゲノムコントロール P.44
miRNA ライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • RealSeq®-AC miRNA Library Kit P.45 • RealSeq®-Biofluids Plasma/Serum miRNA Library Kit P.46
rRNA除去、poly(A)mRNA分離試薬	<ul style="list-style-type: none"> • Seq-Star™ rRNA Removal Kit P.47 • Seq-Star™ poly(A) mRNA Isolation Kit P.47
NGSライブラリー調製キット	<ul style="list-style-type: none"> • 各種次世代シーケンス用ライブラリー調製キット P.48
NGSターゲットシーケンスキット	<ul style="list-style-type: none"> • MHC Library Prep&Capture Kit / LRC/KIR Library Prep&Capture Kit P.49 • Breast Cancer Panel Library Prep / DNA/RNA精製用磁気ビーズ P.50

科学機器

ターゲット・シングルセルDNA/ マルチオミックス解析プラットフォーム	<ul style="list-style-type: none"> • Tapestri Platform P.51-52
マイクロフルイデックス型セルソーター & シングルセルディスペンサー	<ul style="list-style-type: none"> • WOLF/WOLF G2 Cell Sorter & N2 Single Cell Dispenser P.53-54

【ご注意】

- ◆ 本誌掲載のサービス、製品は医療用ではなく、研究用に限定して販売しています。医療品の製造、品質管理、各種診断、治療には使用しないでください。
- ◆ 本誌掲載の価格、サービスや製品の名称、仕様、プロトコルなどは改良などの理由から予告なしに変更される場合がありますので、予めご了承ください。
- ◆ 本誌掲載の商品名などは、各社の商標または、登録商標です。また、各サービス・製品における情報は提携先企業のホームページより引用しています。
- ◆ お知らせいただいたお客様の個人情報は、弊社事業における商品発送、関連サービスおよび製品の情報提供などに利用させていただきます。

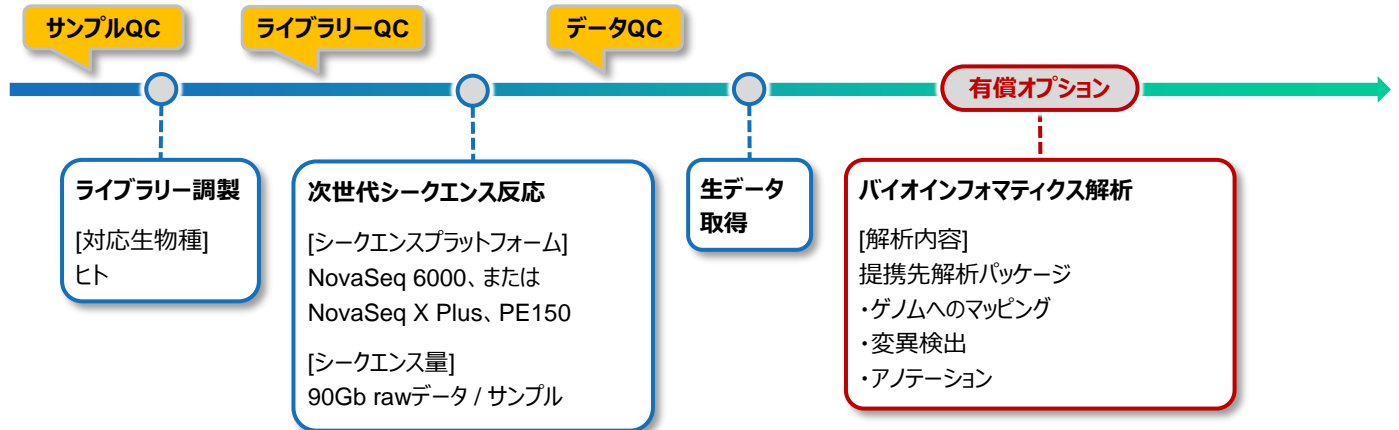


概要

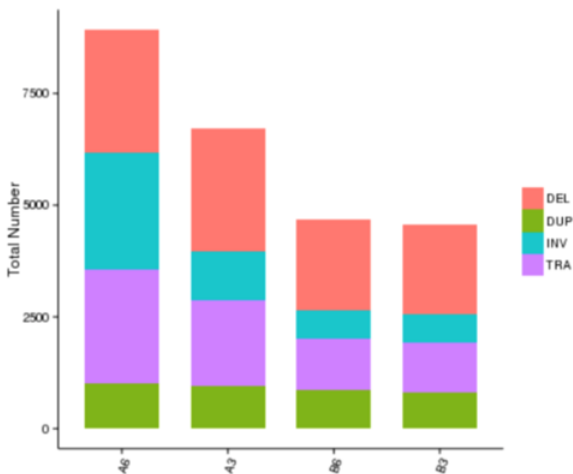
全ゲノムシーケンス(WGS)は、一度の解析で個人の有する変異を網羅的に検出することが可能であり、がんを含む様々な疾患研究、ゲノム薬理学、集団遺伝学など幅広い分野で利用されています。NovaSeq 6000システムにより、ヒトゲノムの解析をより低価格で提供しています。

サービス内容

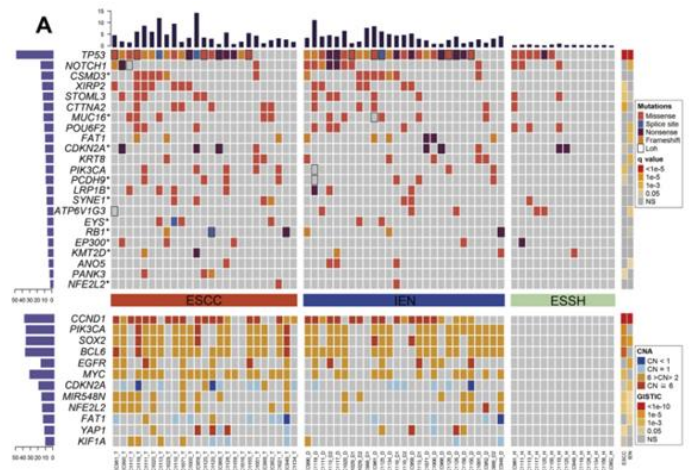
ご送付頂いたゲノムDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)、次世代シーケンス、およびバイオフィーマティクス解析を実施いたします。



解析データ例



検出された構造変異(SV)の円グラフ。



全ゲノムと全エクソームシーケンスからのESCC、IEN、および単純過形成(ESSH)の変異変動の展望。

Gastroenterology 153:166-177 (2017)

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	純度
ゲノムDNA	≥2μg	≥1μg	≥20μL	≥20ng/μL	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0 DNA分解、RNAのコンタミがないこと

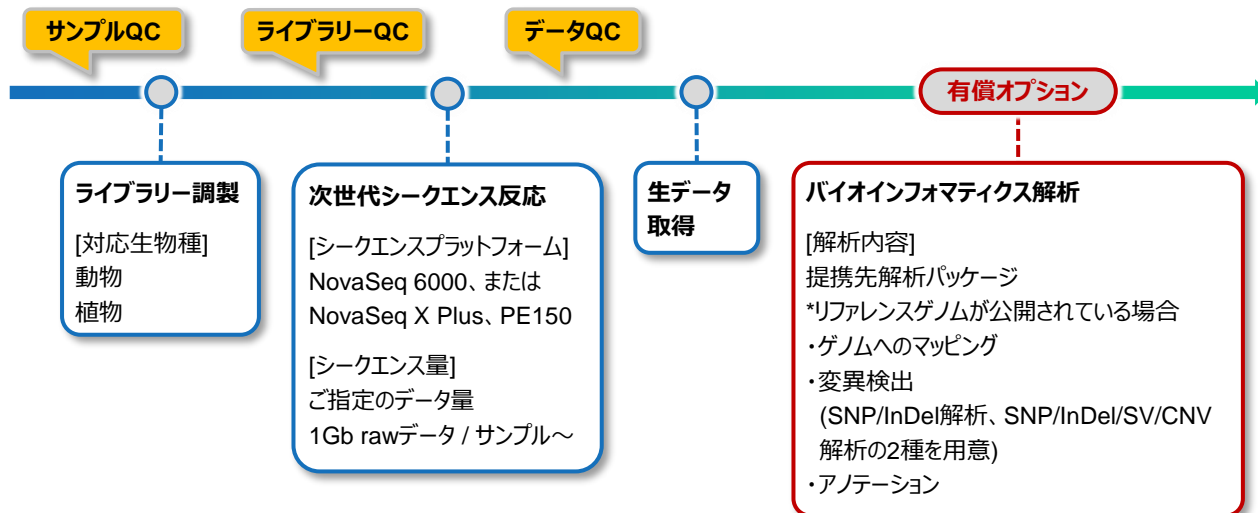


概要

本サービスでは、NovaSeq 6000により、ゲノムDNAをシーケンスします。シーケンス量は、1Gb単位でご指定いただくことが可能であり、有償オプションとして、バイオインフォマティクス解析も用意しています。

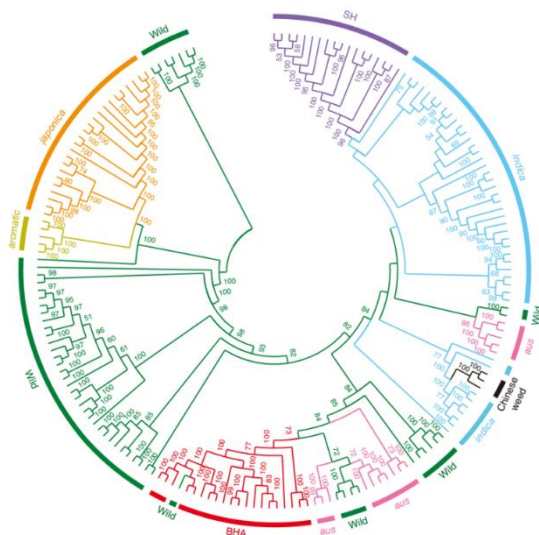
サービス内容

ご送付いただいたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



解析データ例

183の野生型、栽培系統、雑草イネの近隣結合法による系統樹(左図)。
Nature Genetics 49(5): 811-814 (2017)



多種多様な生物種の経験あり！
論文実績も多数！



サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	純度
ゲノムDNA	≥2μg	≥1μg	≥20μL	≥50ng/μL	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0 DNA分解、RNAのコンタミがないこと



概要

本サービスは、PacBio Sequel IIを用いたロングリード受託解析サービスです。Pacific Biosciences of California (PacBio)社の基盤技術SMRT®(一分子リアルタイム)シーケンスは、PCR増幅工程が不要で、GC含有量に関わらず幅広いゲノム領域で均一なシーケンス結果を得ることができます。微生物などの新規ゲノム解析やコンティグ配列の整列などの解析に対応可能です。

サービス内容

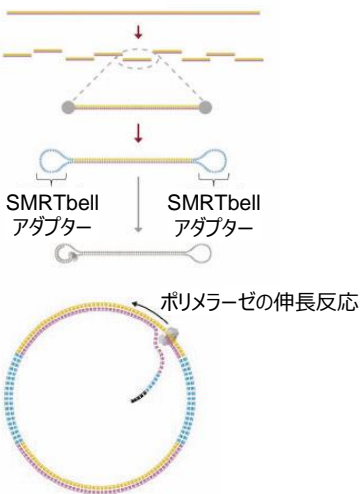
ご送付頂いたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)を行い、PacBio Sequel IIに対応したライブラリー作製、および次世代シーケンスを提供しています。

有償オプション

PacBio Sequel IIのライブラリー作製手順

1. サンプルとして2本鎖DNAを準備。
2. DNAを断片化。
3. SMRTbellアダプター(ヘアピン状のアダプター)を2本鎖DNAの両端に付加。
4. アダプターの一つの末端には、DNA合成開始に必要なプライマーが付加されている。
5. 分子のDNAポリメラーゼは、ライブラリーのSMRTbellアダプターに結合し、DNA配列を順に合成。

SMRTbell構築



次世代シーケンス反応

シーケンスは下記2つのモードからご選択いただけます。

1. CLR (Continuous long read)モード

- 数十kbものロングリードを出力：非モデル生物の複雑なゲノムのアセンブリに有効
 - データ出力量：約80Gb data/1 SMRT cell
- ※データ量は、1SMRT cell 単位の他、1サンプルあたり1Gb単位でもご指定いただけます。

2. CCS (circular consensus sequencing)モード

- インサート領域を複数passシーケンスして高精度なリード取得
- データ出力量：約280Gb data/1 SMRT cell

バイオインフォマティクス解析

解析ご希望のお客様はお問い合わせください。

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量 (Qubit®)	液量	濃度	純度 (NanoDrop™ / Agarose Gel)
ゲノムDNA	≥20µg	≥50µL	≥100ng/µL	<ul style="list-style-type: none"> • フラグメントは20kbpより長くすること。 • コンタミネーションがないこと。 • 非粘性であること。 • DNA溶出バッファーにEDTAを含まないこと。 • $0 < O.D._{260/230} < 3$であること。 • 劣化がないこと。
PCR産物	≥10µg	≥50µL	≥100ng/µL	<ul style="list-style-type: none"> • 染色なし。 • コンタミネーションがないこと。
全長アンプリコン	≥400ng	≥20µL	≥100ng/µL	<ul style="list-style-type: none"> • 非粘性であること。 • ゲルに複数のバンドやスミアバンドがないこと。



概要

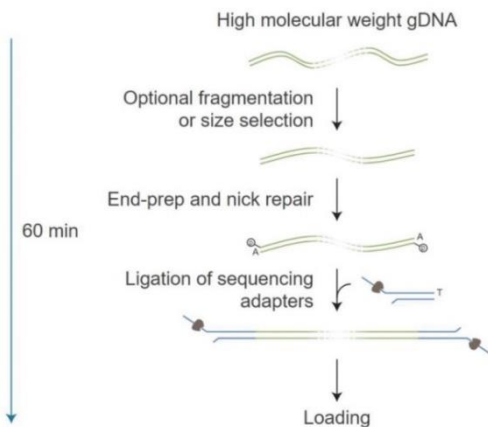
本サービスは、Oxford Nanopore社製のPromethIONを採用した次世代シーケンスサービスです。PromethIONは、同社製品であるMinIONやGridIONのようにリアルタイム、ロングリード、ダイレクトなDNAおよびRNAシーケンスを行う技術を採用し、それらをより大規模に行うことのできる、最も高出力な装置です。群集規模のシーケンスや植物ゲノミクスのような大規模なプロジェクトに最適です。

サービス内容

ご送付いただいたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。リードが少ない場合や、大きな構造異変の検出が困難な場合、ゲノムが複雑でアセンブリが難しい場合などにナノポアシーケンスが有用なツールとなります。統合計算により、リアルタイムのベースコール、およびそれ以降の解析が可能です。また、48個のフローセルを搭載しハイスループットな実験に対応するほか、最大1メガバイトまでの超ロングリードが可能です。

PromethIONのライブラリー作製手順

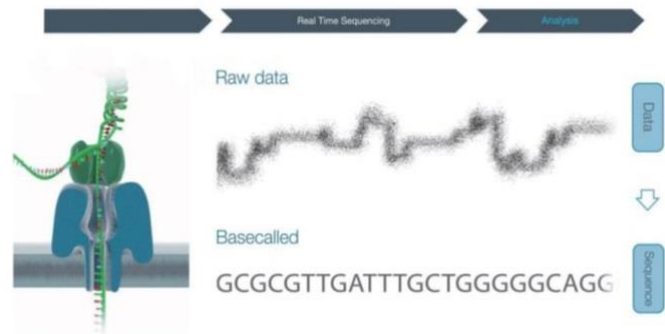
本サービスでは、1D Ligation Sequencing Kit (Oxford Nanopore Technologies)を使用しライブラリー調製を行います。この方法はバーコードの有無で2つのライブラリー構築方法に利用することができます。



次世代シーケンス反応

【ナノポアシーケンスについて】

PromethIONの採用するシーケンステクノロジーは、電気泳動により一分子ずつナノポアを通過させるシーケンス技術です。ナノポアは超微細なサイズのため、一度に1つの核酸重合体しか通過することができません。並んだ塩基がナノポアを通過する際、ポア内に置かれた2つのナノ電極対の間を通る電流が1塩基ずつ異なるため、その違いを測定しシーケンスを行います。



サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	濃度*	純度
ゲノムDNA (メインフラグメント>40K)	3~5µg	NC/QC : 1.5 QC : ≥80ng/µL	O.D. _{260/280} : 1.8 O.D. _{260/230} : 2.0~2.2

*NC=Nanodrop Concentration、QC= Qubit Concentration

*NC/QC=NC÷QCで算出された濃度比。Nanodropの測定値は、塩分など影響を受けやすくQC結果より大きくなるため、NanodropとQubit両方の測定結果を用いて、コンタミを予測しています。

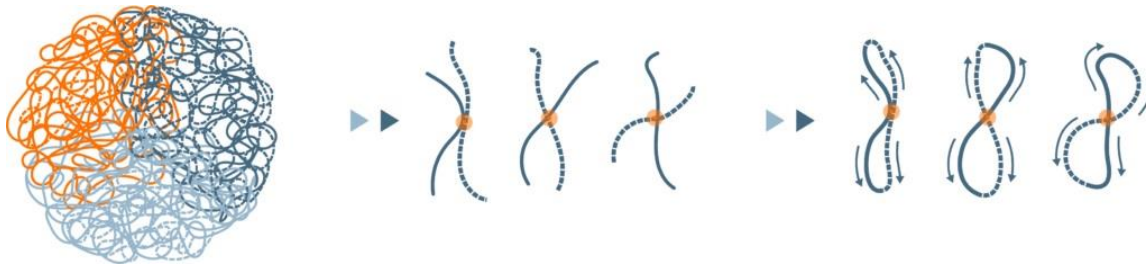


概要

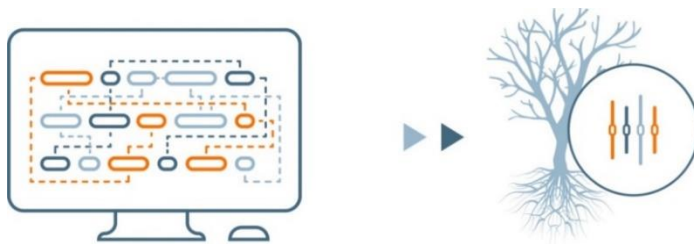
インタクトな細胞内では、クロマチンは複雑な3次元構造に包まれています。これらの構造の中で、物理的距離と遺伝的距離の関係が保存されています。2つの配列が染色体上で近接しているほど、それらは3次元空間でより近くなると考えられています。本サービスで採用するProximo™ Hi-Cは、全ゲノム近接情報を取得し、それを使ってゲノムスキャフォールディングや構造の変化を検出し、この関係を利用して解析を行います。

サービス内容

本サービスは、多様な動植物ゲノムにおいて、染色体スケールのスキャフォールディングを行います。Chromosome Conformation Capture法の応用により、ホルムアルデヒド固定をした細胞・組織を用いて、クロスリンクしたクロマチンからDNAライブラリーを作製・シークエンスすることで、各染色体の連続性の情報を取得し、断片化しているコンティグから、染色体スケールのスキャフォールドを導きます。



クロスリンクされたDNAは、エンドヌクラーゼにより断片化されます。次に、断片化された遺伝子座をビオチン化し、近接ライゲーション(Proximity Ligation)を行うことで、隣接する配列間にキメラ接合部位を作り出します。その後、ビオチン化接合部位を精製して、ペアエンドシークエンスを行います。



近接ライゲーションリードは任意の長さのゲノム染色体スケールのスキャフォールディングを可能にするためのドラフトアセンブリに対してマッピングされます。

解析データ例

<高分子DNA不要なデコンタミネーションアSEMBル>

インタクトな細胞を使用し、高分子DNA抽出が不要なため、アセンブリからDNAのコンタミネーションを除外することができます。左図では、174Mbのコンタミナントシークエンスが除外されています。

Contaminated Plant	illumina	+Proximo
Contigs/Scaffolds	12.787	11
Scaffold Length	471Mb	295Mb
Scaffold N50	3.8kb	26.3Mb
Assembly % Expected Size	158.6%	99.3%
Fungal contigs in assembly	1471	4
Bacterial contigs in assembly	1582	0

illuminaやPacBio、その他のコアシークエンスングテクノロジーと良く機能します。また、より良好な結果や既に比較的良好な状態のゲノムの改善のために、他のスキャフォールディングテクノロジーと組み合わせることが可能です。

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	その他用意するもの
固定済みサンプル	植物の葉 : 0.5g 動物組織 : 0.5g 培養細胞 : 1 x 10 ⁸ 個以上 血液 : 250μL	ドラフトアセンブリ(FASTA形式)

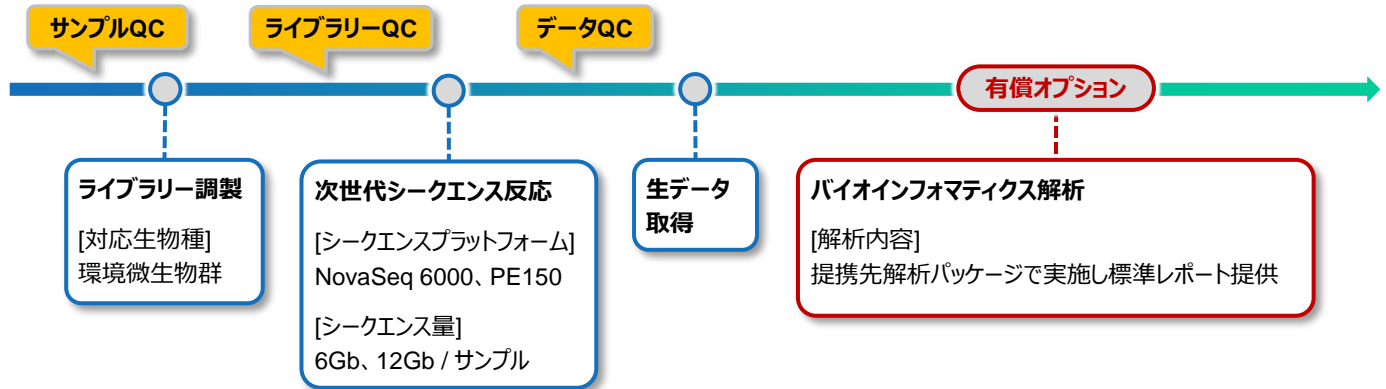


概要

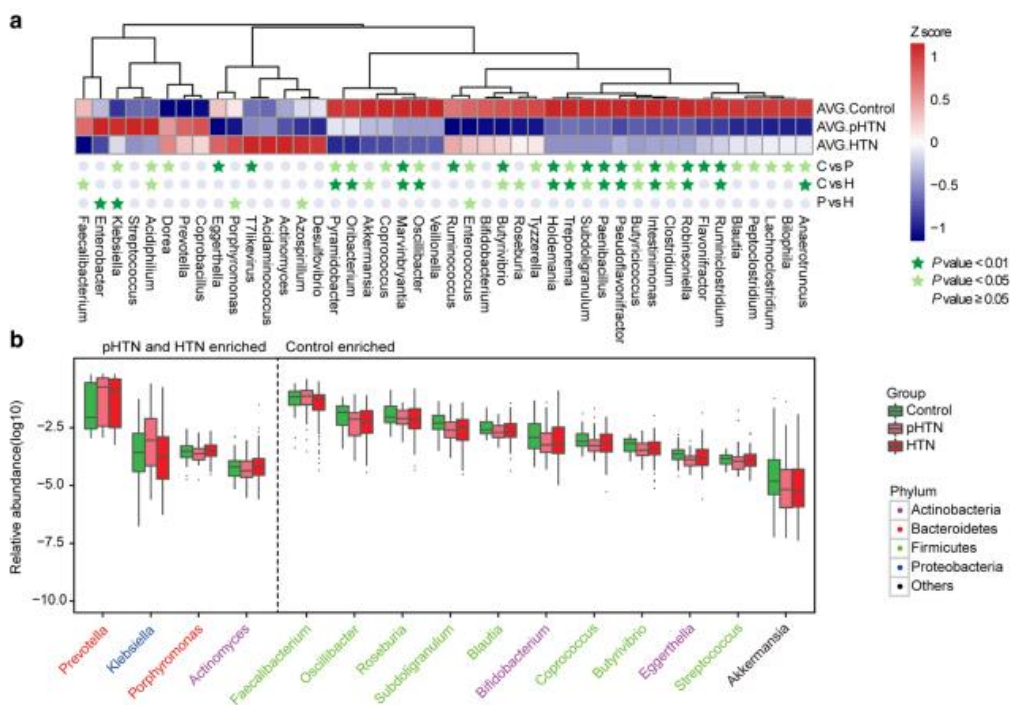
メタゲノム解析は、環境中の微生物のゲノムDNAをすべて抽出・収集し、これらの全ゲノムを網羅的にシーケンスします。得られた配列データをリファレンス配列と相同性検索をすることで、菌種の帰属や菌種組成、挿入、欠失などの情報が得られます。また、機能遺伝子のデータベースに対して、相同性検索を行うことで、その細菌叢がどのような機能遺伝子を持っているかの情報も得ることができます。

サービス内容

ご送付いただいたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



解析データ例



グループ間で著しく異なる腸内細菌叢
Microbiome 5:14 (2017)

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	容量	濃度	純度
ゲノムDNA	≥ 1.6μg	≥ 800ng	≥ 20μl	≥ 50ng/μl	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0
*2サンプル以上から受注受付					DNA分解、RNAのコンタミがないこと

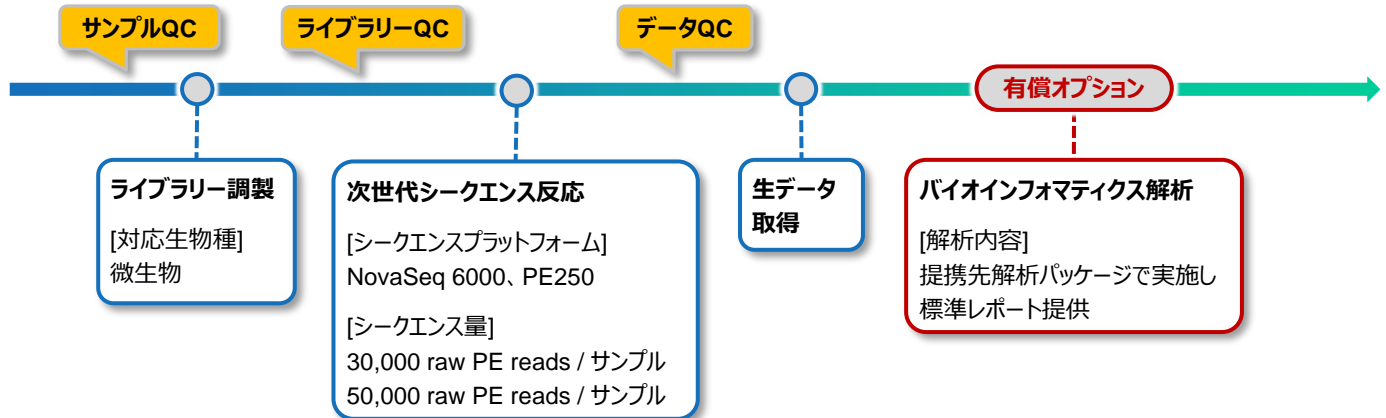


概要

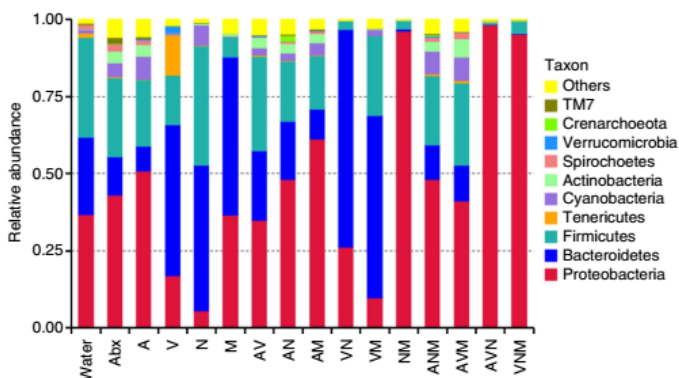
本サービスは、細菌の16S、真菌の18SおよびITS(internal transcribed spacer)を指標とした解析を行います。複数設計されたプライマーセットよりご希望のプライマーセットを選択して頂けます。

サービス内容

ご送付いただいたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



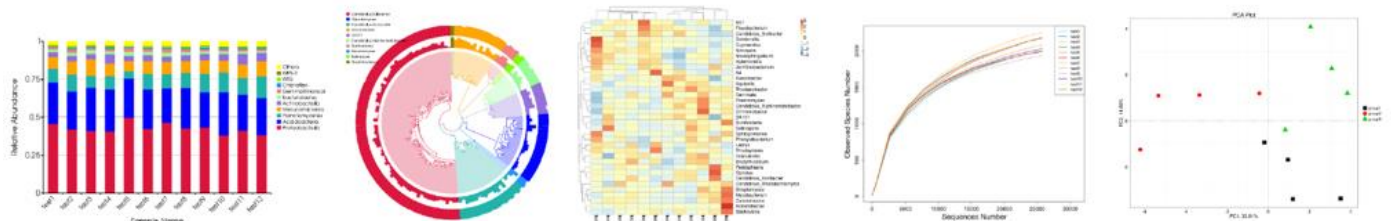
解析データ例



片利共生的な微生物負荷が肝臓の $\gamma\delta$ T-17細胞数と相関があることを示す16S rRNAシーケンス。
Nature Communication 8: 13839 (2017)

標準データ解析例

実験手順、シーケンスデータのクオリティ情報、菌種組成、系統図、 α 多様性、および β 多様性などについてまとめています。



サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	純度
ゲノムDNA	≥ 300ng	≥ 150ng	≥ 20 μ l	≥ 5ng/ μ l	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0
*10サンプル以上から受注受付					DNA分解、RNAのコンタミがないこと

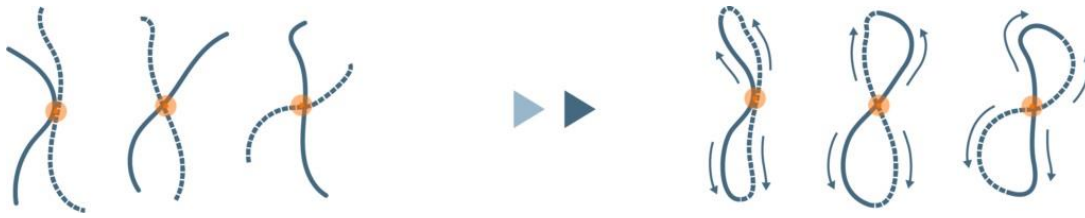


概要

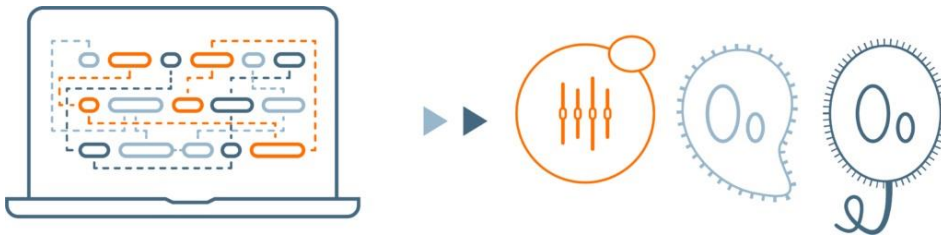
本サービスで採用されているProxiMeta™ Hi-Cは、微生物群集におけるインタクトな細胞内での近位のDNA相互作用を捉え、このデータを活用して、培養することなく複雑な群集から多数の別々のゲノムを構築に便利なツールです。新規ゲノムの捕捉、水平方向の遺伝子転移の検出、および抗菌薬耐性遺伝子の関連付けなどに利用することができます。

サービス内容

本サービスは、ショットガンおよびHi-Cシーケンスを組み合わせることで、多数の生物が含まれる混合サンプルから、同一細胞内に存在したDNAごとにアセンブルを行います。得られた完全、またはほぼ完全な配列をデータベースに照合し、種の同定を行います。新規生物ゲノムについてもアセンブルを行い、近縁種を特定し、新種として同定します。

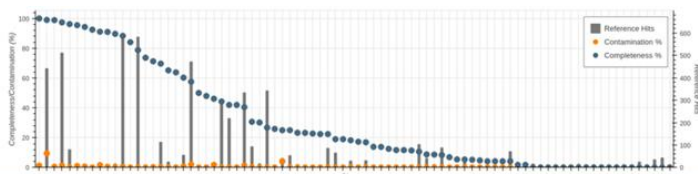


クロスリンクされたDNAは、エンドヌクレアーゼにより断片化されます。次に、断片化された遺伝子座をビオチン化し、近接ライゲーション(Proximity Ligation)を行うことで、隣接する配列間にキメラ接合部位を作り出します。この時、接合部位を形成する任意の2つの配列は、同じ細胞に由来している必要があります。その後、ビオチン化接合部位を精製し、ペアエンドシーケンスを行います。



近接ライゲーションリードは、クラスタリングおよびゲノムアセンブリを行うためのショットガンデータに対してマッピングされます。近接部位の配列は、細胞の起源によってゲノム、プラスミド、およびウイルスDNAをクラスター化するために使用されます。この算出プラットフォームは、ゲノムのアセンブル、株のデコンボリューション、および宿主へのプラスミド/ファージの割り当てを行います。

解析データ例



Cluster ID	Top hit	Reference Hits	Completeness (%)	Contaminator (%)	Abundance (%)	GC (%)	Genome Size	Coverage MB
clusters_48	Bordetella trematum	7	100.0	1.22	0.52	84.82	3896629	96072
clusters_14	Pseudomonas fluorescens subsp. 242	442	99.02	0.47	1.26	68.86	4258291	79635
clusters_9	Weissella vitrea DSM 18922	2	98.99	0.49	0.25	41.46	2962618	169127
clusters_41	Akkymobacter sp. CR21	512	97.37	1.31	1.29	69.33	3370196	157009
clusters_23	Castellanella detragans 65Phen	80	96.21	0.83	1.42	64.77	2890307	53648
clusters_24	Escherichia coli PMV 1	6	95.5	0.86	0.55	49.84	2672066	32251
clusters_2	Bradyrhizobium sp. OKSU 18	10	94.3	0.83	0.42	64.89	3767909	138004
clusters_8	Pediobacter salinarum DSM 12346	2	92.47	0.8	1.58	47.41	2034927	98586
clusters_15	Castellanella detragans 65Phen	13	91.09	1.57	1.52	64.53	2959056	33099
clusters_12	Sphingobacterium sp. 21	2	90.96	0.48	0.97	48.19	4850982	101383
clusters_50	Shewanella sp. DD12	16	89.87	0.19	0.52	63.23	4633935	31887
clusters_5	Achromobacter xylosoxidans	599	88.33	0.47	1.12	65.9	6119034	123383
clusters_11	Clostridium sporogenes	2	84.05	0.8	0.84	37.34	2020106	137099
clusters_10	Paracoccus pantotrophus 240	583	78.79	0.9	1.49	67.83	3180337	85611
clusters_17	Ramlibacter talocalanensis TTB310	12	73.64	0.9	1.5	67.86	2343750	95520

再構築(デコンボリュート)後、各ゲノムアセンブルの完全性、コンタミネーション/ミスクラスタリングのレベル、サンプル内の各微生物のアバンドランスを推定します。また、各アセンブルゲノムをグローバルデータベースと比較し、各ゲノムのアイデンティティ(新規ゲノムの場合はその近縁種)を見出します。

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	その他用意するもの
固定済みサンプル	微生物ペレット : 50µl	ドラフトアセンブリ(FASTA形式)

ドラフトアセンブリをお持ちでない場合には、オプションでショットガンシーケンスにも対応しています。

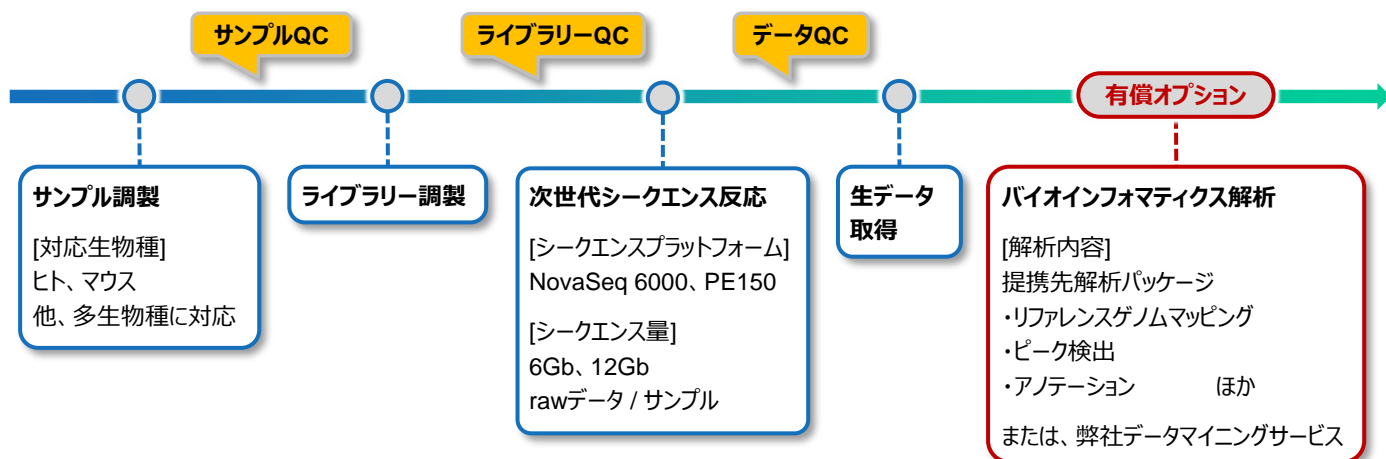


概要

ヒストン修飾、転写因子およびその他のDNA関連タンパク質のゲノムワイドなプロファイリングを行います。ChIP-Seqは、特定のタンパク質-DNA複合体を回収するクロマチン免疫沈降(ChIP)の選択制と、それにより回収されたDNAの次世代シーケンス技術によるハイスループットなシーケンシング能力を兼ね備えています。ChIP-Seqにおいて、エンリッチされたDNA領域(タンパク質結合部位)は、バックグラウンドリードよりも高いピークとして検出されます。これらの領域のバイオインフォマティクス解析により、結合モチーフを明らかにします。

サービス内容

ChIPサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。バイオインフォマティクス解析は、提携先が用意する解析パッケージまたは弊社の提供するデータマイニングサービスからご選択可能です。



解析データ例

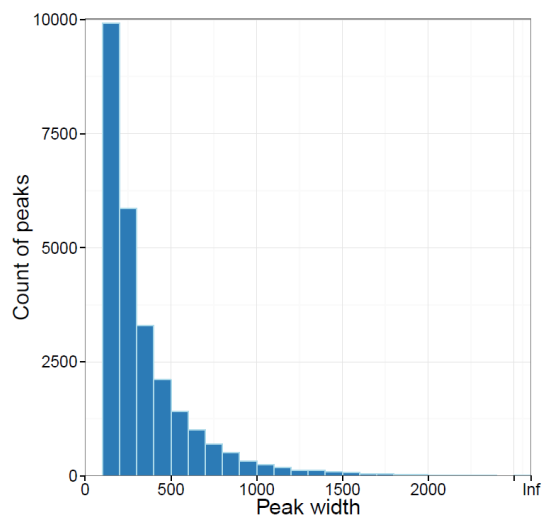


図1. ピーク幅の分布
X軸はピーク幅、Y軸はピーク数を示しています。

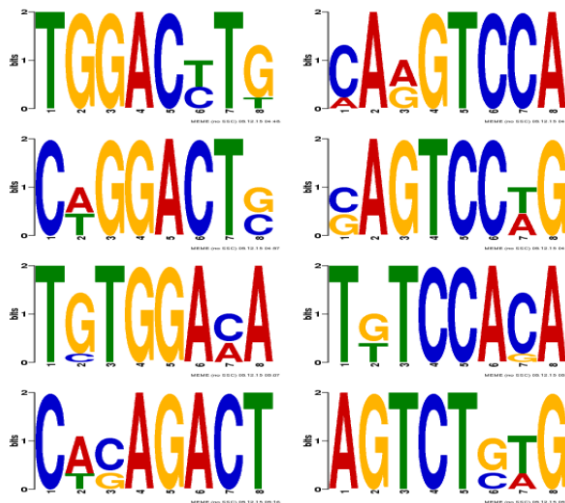


図2. モチーフ予測結果
モチーフ検索ソフトウェアによって予測通りにベースコールされます。右は逆相補鎖のベースコールを示しています。

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	純度
ChIP-Seq DNA *2サンプル以上から受注受付	≥100ng	≥50ng	≥10μL	≥5ng/μL	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0 100bp~500bpのメインピーク DNA分解、RNAのコンタミがないこと

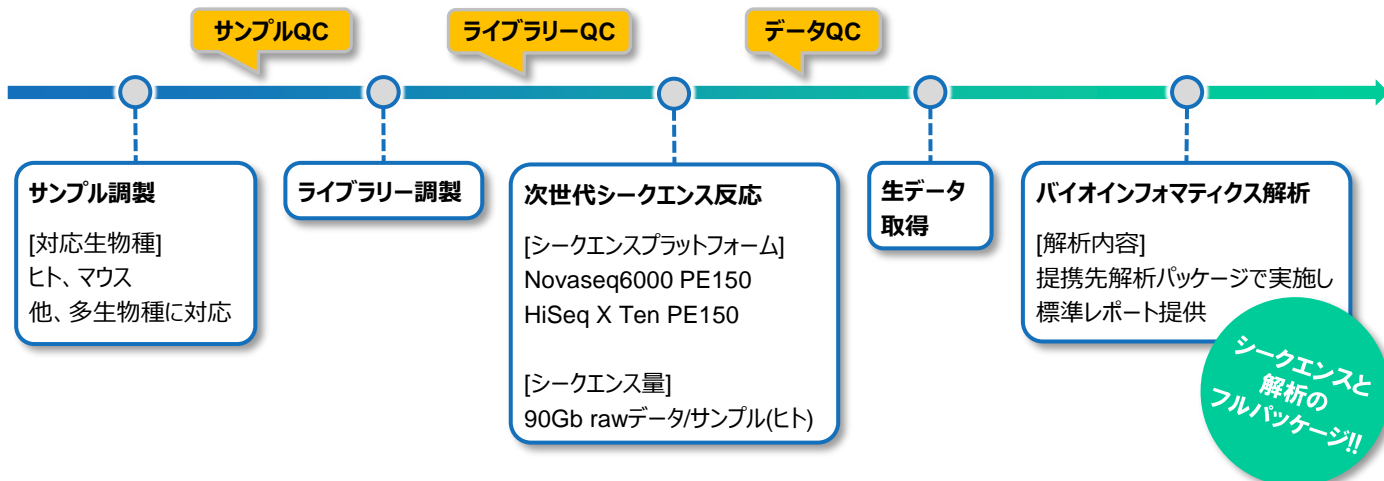


概要

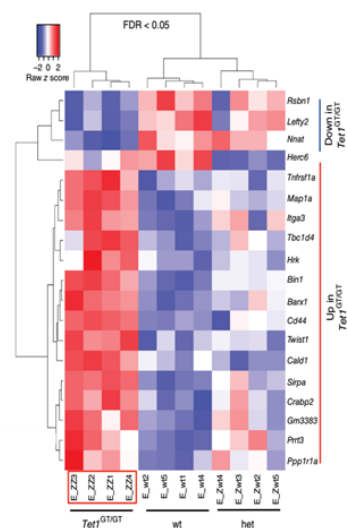
次世代シーケンスによる、全ゲノムメチル化(全ゲノムバイサルファイトシーケンス)をご提供しています。DNAのメチル化は、細胞の増殖および分化において、遺伝子発現の制御に重要な役割を果たし、がん、神経変性疾患および神経疾患など、多くの疾患の発症に関与しています。ヒト全ゲノムメチル化受託解析サービスでは、バイサルファイト処理したゲノムDNA全体を次世代シーケンスすることで、網羅的かつ詳細にメチル化を把握することができます。

サービス内容

ご送付頂いたDNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)、次世代シーケンス、およびバイオインフォマティクス解析を実施いたします。

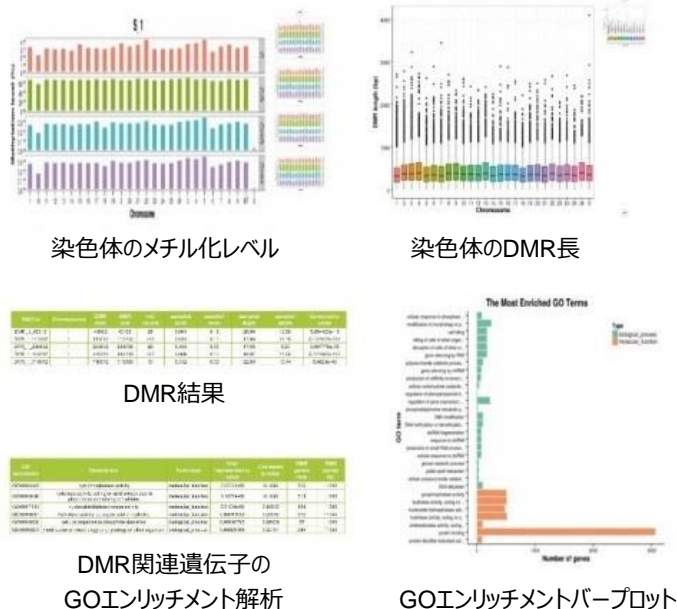


解析データ例



外胚葉においてTET1によって調節される差別的に発現される遺伝子のヒートマップクラスター
Nature Genetics, 49(7): 1061-1072(2017)

標準データ解析例



サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	必要量	容量	濃度	純度
ゲノムDNA	ゲノムサイズ ≤ 1.5Gb ⇒ ≥ 3μg (≥ 6μg推奨)	≥ 20μL	≥ 20ng/μL	0 < O.D. _{260/230} < 3 DNA分解、RNAのコンタミがないこと
	ゲノムサイズ > 1.5Gb ~ ≤ 3.5Gb ⇒ ≥ 6μg (≥ 12μg推奨)			



概要

lncRNAの転写は、タンパク質コード遺伝子の転写と比較して、細胞種、組織、疾患特異的に厳密に制御されています。lncRNAの発現異常の背後に何があるのか、上流の制御機構を理解することは、lncRNA研究の重要な部分です。lncRNAの転写制御に関するエピジェネティックな研究は、ゲノムの観点から重要な手段です。

転写に重要なプロモーター領域におけるDNAメチル化やヒドロキシメチル化は、遺伝子発現を制御する作用があります。例えば、lncRNA-MEG3プロモーター領域のメチル基修飾は、肝臓がんや統合失調症患者において異常な変化を示しています。食道がんでは、lncRNAプロモーターのメチル化シグネチャーが、mRNAプロモーターよりも高い腫瘍細胞・非腫瘍細胞間の分類能力を示しています。lncRNAプロモーターのメチル化調節異常は一般的で、乳がん検体では最大57%に見られます。lncRNAプロモーターのメチル化レベルとlncRNA遺伝子発現は、当然のことながら有意に関連しています。

(h)MeDIP-SeqとlncRNAプロモーター解析の組み合わせにより、mRNAおよびlncRNA遺伝子の両プロモーター上の5mCまたは5hmC修飾の詳細なデータ解析およびアノテーションを得ることができます(図1)。

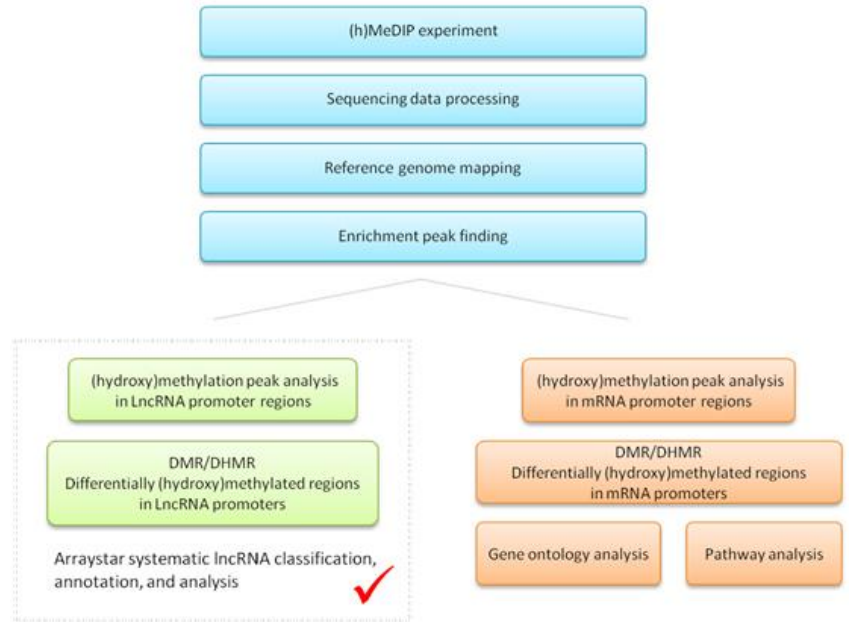
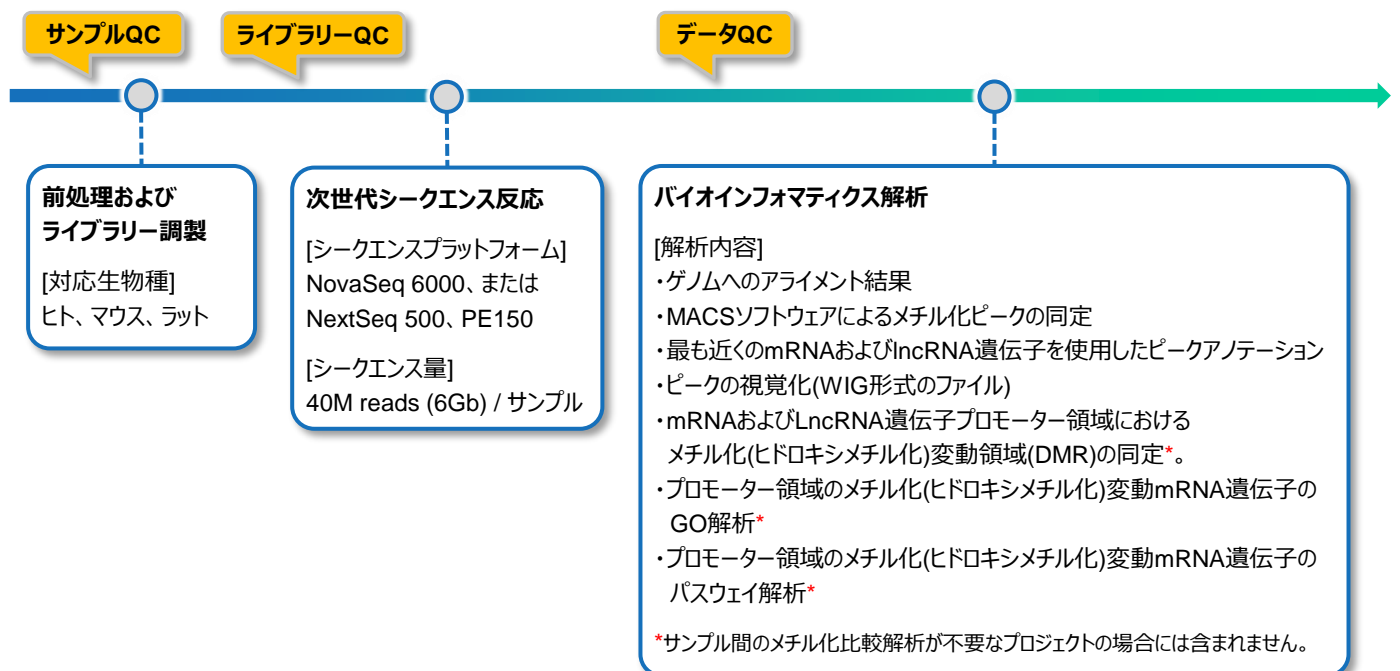


図1. tRF&tiRNAの機能および疾患との関連

サービス内容

本サービスは、gDNA～データ解析までのフルパッケージとなっています。厳格なQCプロセスによりパフォーマンスが最適化された(h)MeDIP法を採用しており、mRNAおよびlncRNAの遺伝子プロモーターにおけるメチル化またはヒドロキシメチル化解析が可能です。

また、データ解析ではtRFs&tiRNAsに特化したバイオインフォマティクスと統計学的解析の他、miRNAの発現差解析も追加されています。加えて論文投稿用に利用できる高品質な視覚化データ(画像)をご提供いたします。





解析データ例

<サンプル間またはグループ間のlncRNAプロモーター領域におけるメチル化/ヒドロキシメチル化変動>

lncRNAプロモーター領域(-2000bp of TSS)におけるメチル化(ヒドロキシメチル化)変動は、参照ゲノムにてアノテーション付けされます。

GeneName	DMR_To_TSS	DMR_Locus	DMR_Length	Group1_Count	Group2_Count	log2FC	p-value	q-value	Accession
ANKK1A	-705	chr15:65213261-65213580	319	3.35	22.71	-2.76	5.88E-05	0.000749	ENST00000487867
AK123891	-986	chr22:32899261-32899540	279	1.67	33.47	-4.32	2.89E-09	5.32E-07	uc003aav.1
LOC284412	82	chr19:37759681-37759980	299	53.79	17.57	1.61	1.14E-05	0.000274	NR_029390
RP11-616M22.3	1114	chr16:1255861-1256160	299	10.04	34.66	-1.79	0.000152	0.001803	ENST00000564700
RP11-354I13.2	-355	chr16:60393281-60393500	219	4.18	29.88	-2.84	2.95E-06	0.000111	ENST00000565506
FAM231D	1280	chr1:149288621-149288840	219	16.73	49	-1.55	4.74E-05	0.000675	NR_111934
MLL1	1579	chr19:6215121-6215680	559	83.67	11.71	2.84	5.22E-15	5.97E-12	ENST00000585588
AK055324	1653	chr19:47140581-47140940	359	19.24	54.98	-1.51	2.28E-05	0.000425	AK055324

図2. lncRNAプロモーター領域のメチル化変動領域は、fold change、統計的有意性のためのp値とq値、およびゲノムアノテーションとともに表にまとめられます。

<lncRNAプロモーターの(h)MeDIP-SeqとlncRNA発現の組み合わせ解析>

(h)MeDIP-Seqからのエピジェネティックな修飾データと遺伝子発現プロファイルを統合的に解析します。5mCまたは5hmCの特異的な修飾遺伝子と発現変動遺伝子は、ヒートマップ上で階層的にクラスター化され、変化の相関をとることができます(図3)。

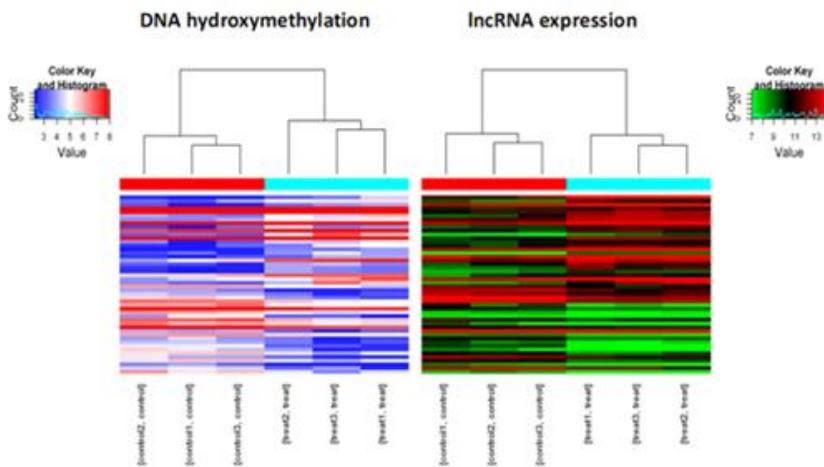


図3. hMeDIP-SeqとlncRNA発現アレイプロファイリングを統合解析し、クラスタリングヒートマップを示す様に、lncRNAプロモーターのヒドロキシメチル化とlncRNA遺伝子発現の関係を明らかにしたものです。

<lncRNAプロモーターメチル化(ヒドロキシメチル化)の視覚化>

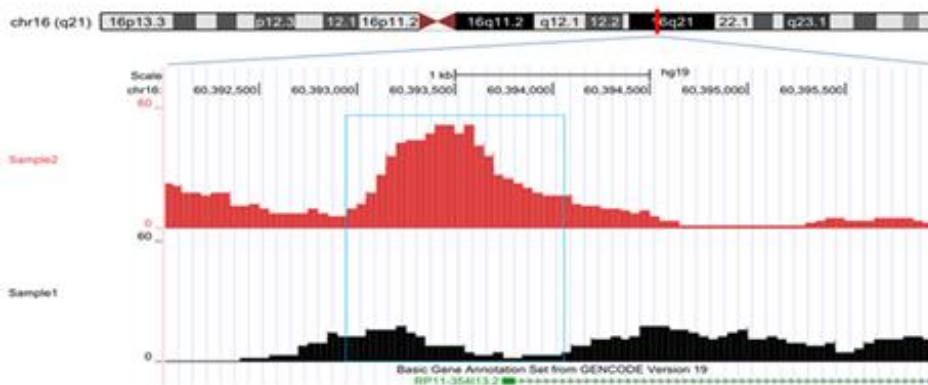


図4. hMeDIP-Seqデータから得られたヒドロキシメチル化ピークをGenome Browser上で視覚化します。

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	純度
gRNA	> 5µg	> 2µg	> 20ng/µL	O.D. _{260/280} : > 1.7 O.D. _{260/230} : > 1.8 アガロースゲル電気泳動：高分子DNAのバンドがはっきりと確認できること。



概要

DRIP-Seq(DNA・RNAハイブリッド免疫沈降シーケンス)では、ゲノム中のR-loop分布をプロファイルします。本解析では、S9.6抗体を用いてR-loopを高感度に免疫沈降させ、R-loopに含まれるDNA鎖の塩基配列を決定・解析することで、R-loopによるエピジェネティックおよび転写制御に関する貴重な機能的知見を提供します。

<R-loopによる制御>

R-loopは、転写されたRNA鎖と鋳型DNA鎖が塩基対を形成したRNA・DNAハイブリッドと、非鋳型一本鎖DNAから成る三本鎖構造です(図1)。R-loopは広く分布しており、哺乳類ゲノムの5%に存在しています。R-loopは多くの場合、プロモーターのCpGアイランドや転写停止部位に存在します。R-loopの形成には、高GCスキュー(TSS非テンプレート鎖の下流においてCよりもGが豊富)、グアニン4重鎖、DNAギャップ、DNA/RNA修飾が寄与しています。R-loopは、遺伝子制御、DNA複製、DNA/ヒストン修飾など、生物学的に重要な機能を持っています。

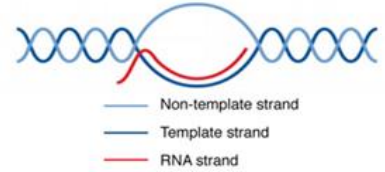


図1. R-loopの構造

<R-loopによるDNAメチル化とmRNAの転写の制御>

通常、BAMBI(TGFβのネガティブレギュレーター)遺伝子プロモーターのR-loopは転写を促進します。しかし、筋萎縮性側索硬化症(ALS4)では、セナタキシンの変異によりR-loopが減少し、BAMBIプロモーターでのDNAメチル化が増加し、BAMBI転写抑制、TGFβシグナル伝達上昇、ALS進行につながります(図2)。

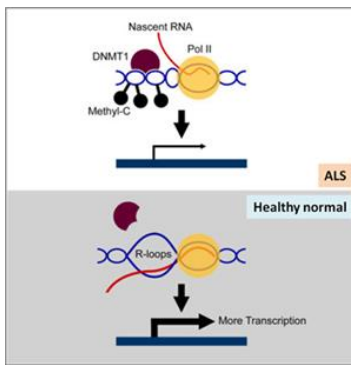


図2. 健康な正常細胞では、BAMBIプロモーターのR-loopが転写を促進します。ALS細胞では、セナタキシン変異がプロモーターのR-loop形成とBAMBI転写を抑制します。

<アンチセンス lncRNA R-loop は、mRNA 転写に影響を与える>

R-loopは、アンチセンスRNA鎖とループ内のDNAとの間に形成されます。TCF21は多くのがんの腫瘍抑制因子です。TARID(脱メチル化を誘導するTCF21アンチセンスRNA)は、TCF21遺伝子の一対一のアンチセンスlncRNAであり、プロモーター領域にR-loopを形成しています(図3)。このR-loopは、GADD45aによって認識され、脱メチル化酵素TET1をリクルートしてDNAメチル化を除去し、TCF21 mRNA転写を増加させ、細胞周期を制御します。

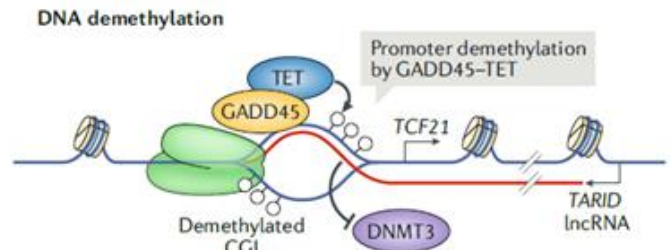
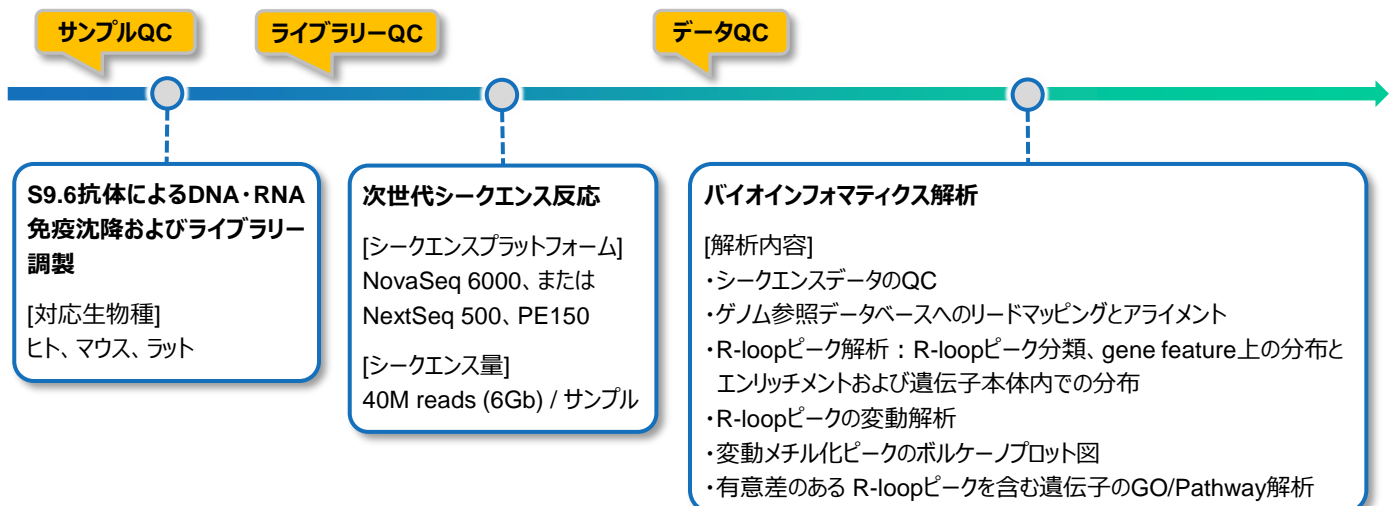


図3. アンチセンスlncRNA TARIDは、R-loopを形成しTCF21プロモーターの脱メチル化とTCF21 mRNAの転写を制御します。

サービス内容

本サービスは、gDNA~データ解析までのフルパッケージとなっています。確立された最適な実験手順による高い信頼性を保ち、ポジティブおよびネガティブコントロールによるDRIP-Seqライブラリーの品質を厳格に保証しています。ゲノム上の遺伝子制御における新たな担い手としてR-loop研究を利用するための強力なプロファイリングが可能です。また、豊富なアノテーション、ゲノムブラウザートラックに加えて、論文投稿用に利用できる高品質な視覚化データ(画像)をご提供いたします。





解析データ例

<ピークコールとアノテーション>

統計的に優位なDRIP濃縮領域(R-loopピーク)は、MACS2によりp値の閾値を0.001としてコールされます。

Peak_Locus	GeneID	Gene_Name	Gene_Type	Description
chr1:157872-158246	ENSG00000222623	RNU6-1100P	snRNA	RNA, U6 small nuclear 1100, pseudogene [Source:HGNC Symbol;Acc:HGNC:48063]
chr1:733830-737191	ENSG00000228327	AL669831.1	transcribed_unprocessed_pseudogene	general transcription factor Ili (GTF2I) pseudogene
chr1:1074881-1075295	ENSG00000237330	RNF223	protein_coding	ring finger protein 223 [Source:HGNC Symbol;Acc:HGNC:40020]
chr1:1088834-1089207	ENSG00000131591	C1orf159	protein_coding	chromosome 1 open reading frame 159 [Source:HGNC Symbol;Acc:HGNC:26062]
...

Peak_Locus	Peak_Classification	Peak_Width	Peak_Direction	Peak_GCSkew	Fold_enrichment	-10log(p)	-10log(q)	S1 count	S1-Input count
chr1:157872-158246	Promoter	375	-	0.1076	3.29	3.67857	1.13806	7	1
chr1:733830-737191	GeneBody	3362	-	0.0273	6.98	11.68692	7.83342	38	19
chr1:1074881-1075295	Promoter	415	-	-0.1037	3.29	3.76389	1.21093	18	1
chr1:1088834-1089207	GeneBody	374	-	-0.0708	2.85	3.10973	0.74523	23	2
...

<R-loopピークの種類>

R-loopピークは、UCSC RefSeqアノテーションに基づく直近の遺伝子特徴(プロモーター、遺伝子本体、ターミネーター、遺伝子間)により分類されます(図4)。R-loop の分類分布のサマリー統計が提供されます。



図1. 4種類の遺伝子特徴におけるR-loopピーク分類を示します。

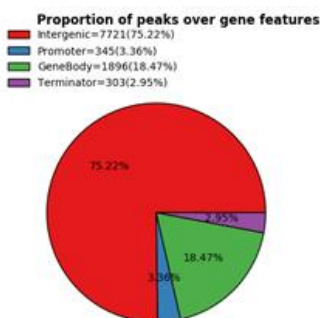


図2. 遺伝子特徴分類におけるR-loopピークの割合を示します。

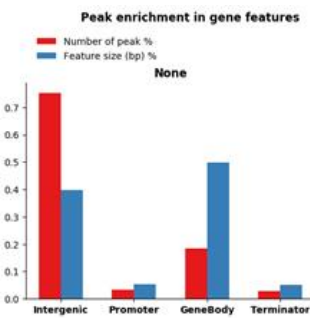


図3. 遺伝子特徴におけるR-loopピークの濃縮度と、機能サイズに対して正規化されたランダム偶数分布の比較を表します。

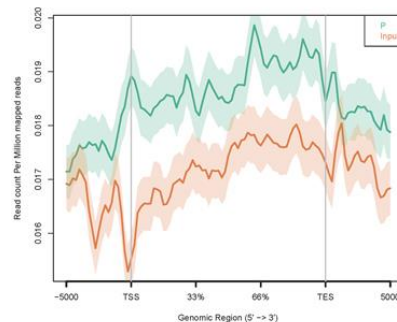


図4. 遺伝子本体上のR-loopピーク分布を示します。X軸は転写開始点(TSS)と転写終了点(TES)間の遺伝子本体(遺伝子本体の長さを100%に標準化)を表しています。Y軸はマッピングされた100万リードあたりのリードカウントを示します。

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	最小量	濃度	純度
gRNA	> 10µg	> 20ng/µL	O.D. _{260/280} : > 1.7 O.D. _{260/230} : > 1.8 アガロースゲル電気泳動 : 高分子DNAのバンドがはっきりと確認できること。

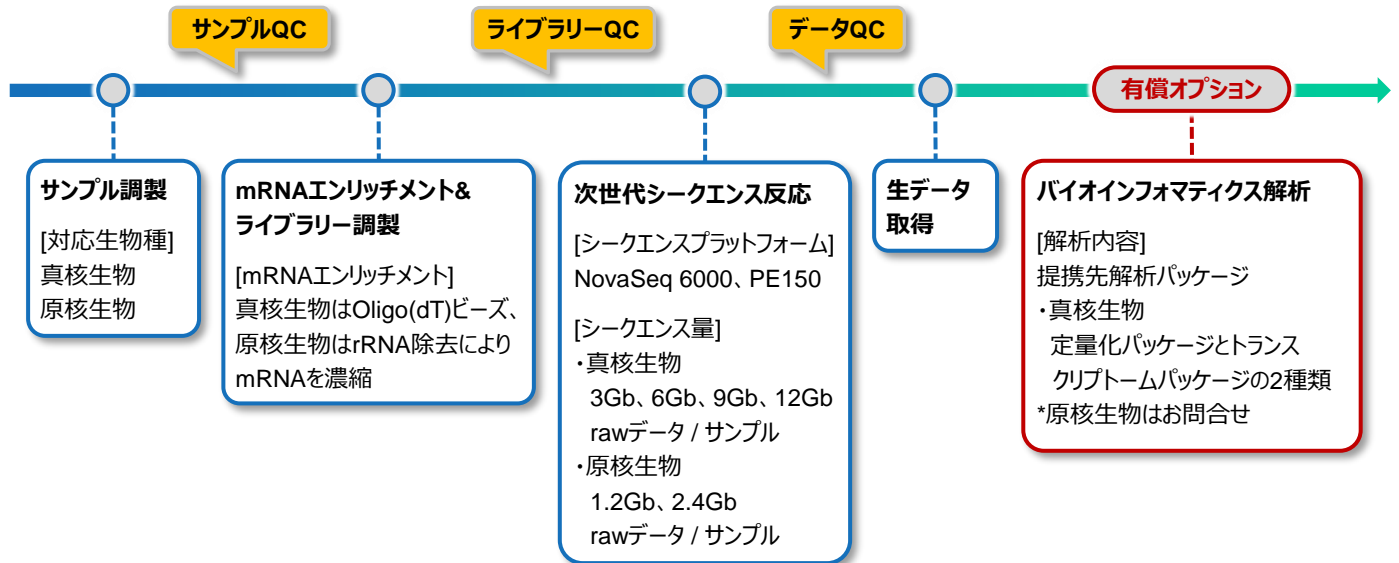


概要

細胞内に含まれるmRNA分子を網羅的かつ定量的に解析します。転写産物のリード数から遺伝子発現量を定量化し、同時にその配列情報から、選択的スプライシングや新規転写産物・融合遺伝子の検出を行う技術です。本サービスは、安価な価格と充実したバイオインフォマティクス解析が特長です。解析対象となる生物種からご希望のデータ量を選択することができます。

サービス内容

RNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまでを実施します。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。バイオインフォマティクス解析は、提携先が用意する解析パッケージ、または弊社の提供するデータマイニングサービスからご選択いただけます。



解析データ例

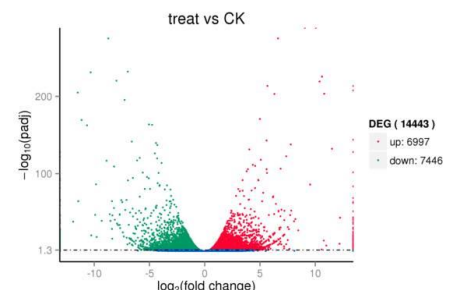
図1. 遺伝子発現レベル

Gene_id	CK1	CK2	CK3	treat1	treat2	treat3
FBgn0085309	34.6327893	99.32356815	0	59.26433452	69.23846564	0
FBgn0267012	23.32232532	0	0	0	78.32945691	0
FBgn0061492	45.55843284	48.95929976	46.77138648	74.0914727	71.87907232	63.49794895
FBgn0053795	0.068977629	0.303770898	0.153895206	0.288996229	0.347646041	0.194675997

図2. 発現変動解析(DEG)

Gene Id	CK	treat	log2FoldChange	pval	p-adjusted
FBgn0000639	36.17650266	252.4500919	-2.8029	2.83E-40	4.93E-37
FBgn0027611	14.36797269	54.31676236	-1.9185	1.00E-06	9.69E-05
FBgn0028400	39.36531292	6.325628725	2.6376	2.05E-07	2.23E-05
FBgn0028533	28.91921033	4.600457255	2.6522	7.99E-06	0.00064263

図3. DEGのボルケーノプロット



サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

生物種	サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	RIN	純度
真核生物	total RNA(ヒト、動物)	≥2μg	≥1μg	≥20μL	≥50ng/μL	≥6.8	O.D. _{260/280} : ≥1.7
	total RNA(植物、真菌)					≥6.3	O.D. _{260/230} : ≥1.8
原核生物	total RNA	≥6μg	≥3μg	≥20μL	≥50ng/μL	≥6.0	RNA分解、DNAのコンタミがないこと

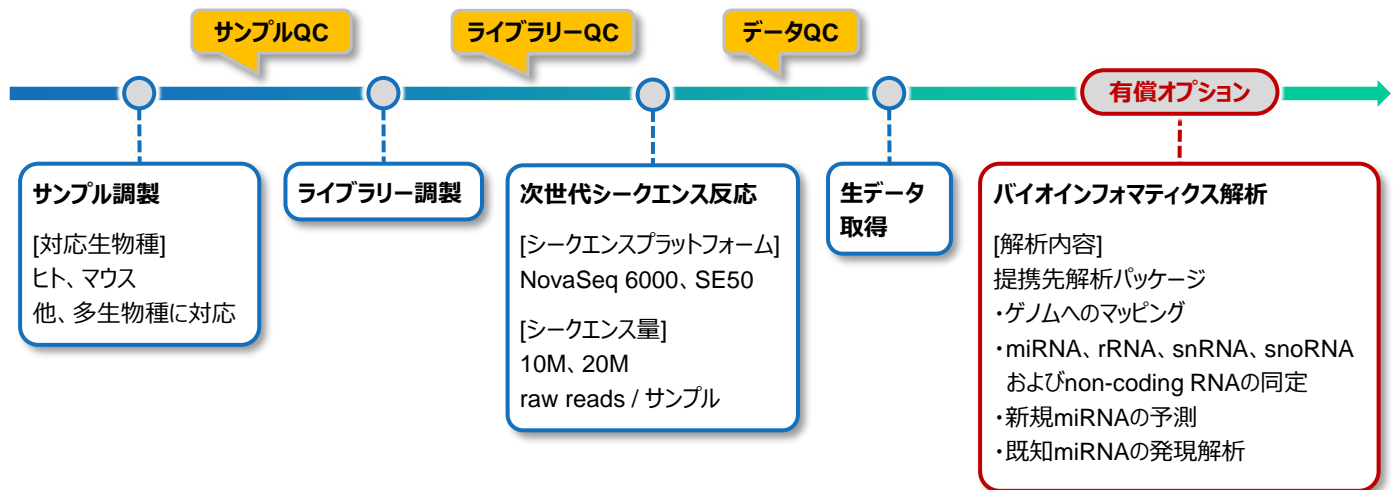


概要

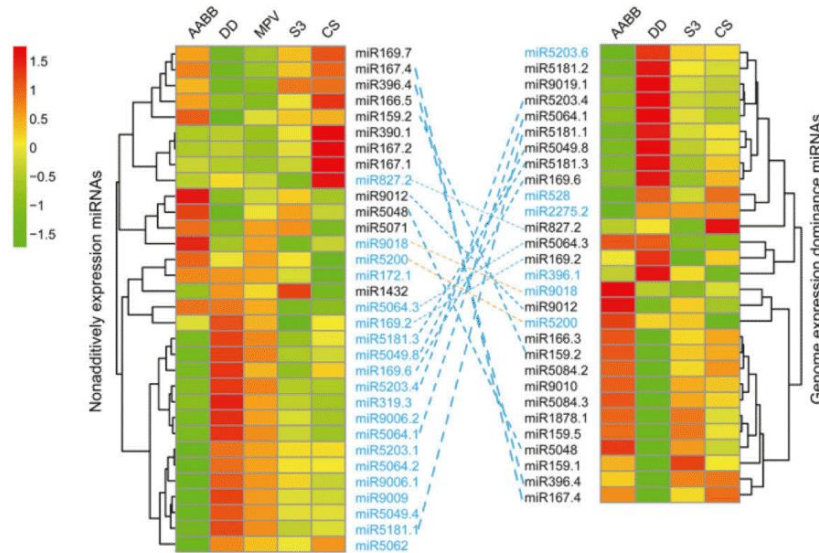
低分子のsmall RNAは、標的mRNAの翻訳を調節する長さ18~40ヌクレオチドのnon-coding RNAの一種であり、細胞成長、遺伝子の転写および翻訳の制御において、重要な役割を担っています。small RNA-Seq解析は、small RNA機能の調査、miRNAおよびその標的遺伝子制御ネットワークの構築において、非常に有用な手法となっています。本サービスでは、miRNAを含むsmall RNAを網羅的に解析します。

サービス内容

ご送付いただいたRNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



解析データ例



非加法的発現(左図)および発現レベル優位性の親パターン(右図)を示すmicroRNAの階層的クラスタリング。
The Plant Cell, 26: 1878-1900(2014)

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA(ヒト、動物)	≥6μg	≥3μg	≥20μL	≥50ng/μL	≥7.5	O.D. _{260/280} : ≥2.0
total RNA(植物、真菌)	≥6μg	≥3μg	≥20μL	≥50ng/μL	≥7.0	O.D. _{260/230} : ≥2.0 RNA分解、DNAのコンタミがないこと

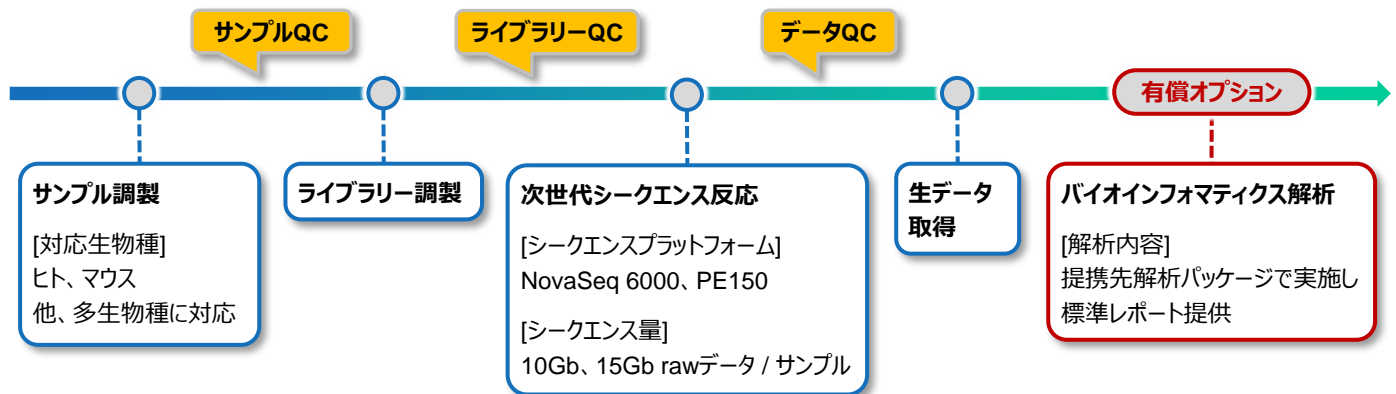


概要

タンパク質をコードしない、200nts以上の長さのRNAを、long non-coding(lnc) RNAと呼びます。lncRNAは、哺乳動物系におけるX染色体不活性化、インプリンティング、多能性のメンテナンス、系列決定およびアポトーシスなどの細胞プロセスに重要な役割を果たしています。本サービスは、治療に対する反応の予測、予後、疾病の診断のための新しいバイオマーカーとして有用な、lncRNAの発現解析を行うことが可能です。

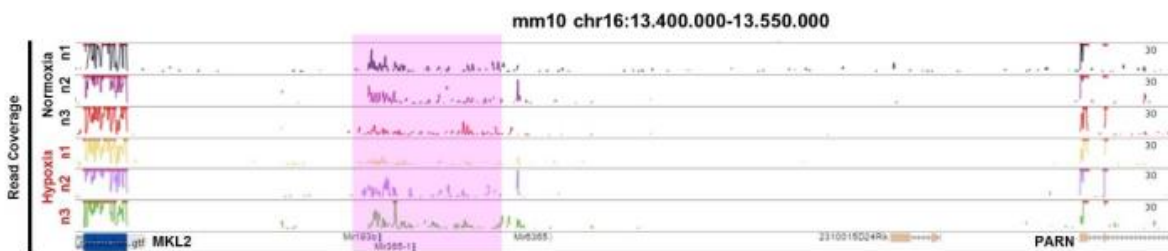
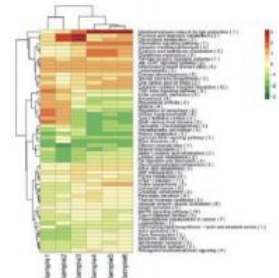
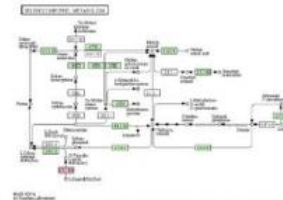
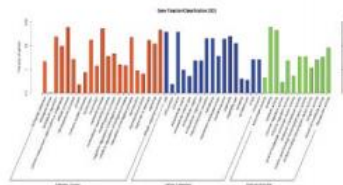
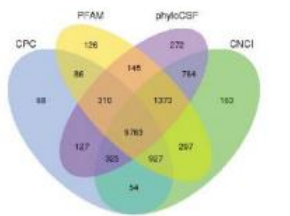
サービス内容

ご送付いただいたRNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



解析データ例

標準データ解析例



初代マウス周皮細胞におけるRNA-Seqは、可能なmHyperlncオルソログの高い読み取り範囲を示す(紫色)。
Circulation Research DOI: 10.1161 / CIRCRESAHA. 116.310531(2017)

サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	容量	濃度	RIN	純度
total RNA(ヒト、動物)	≥4μg	≥2μg	≥20μg	≥50ng/μL	≥6.5	O.D. _{260/280} : ≥2.0
total RNA(植物、真菌)					≥6.0	O.D. _{260/230} : ≥2.0 RNA分解、DNAのコンタミがないこと

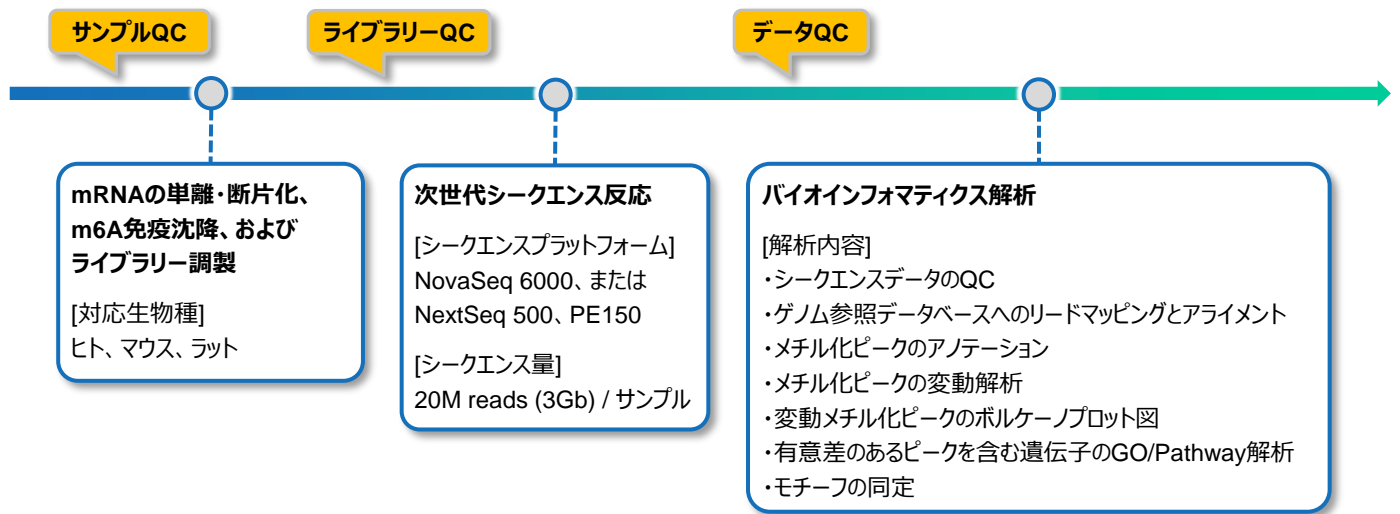


概要

メチル化RNA免疫沈降シーケンス(MeRIP-Seq)では、Arraystar社のDNA/RNA修飾プロファイリングにおける10年以上の経験とスキルを活かし、最も主要なエピトランスクリプトームm6A修飾をプロファイルします。本解析は領域の制限なく、あらゆる転写領域におけるm6Aメチル化をカバーします。

サービス内容

本サービスは、total DNA〜データ解析までのフルパッケージとなっています。厳格なQCプロセスによりMeRIP-PCRによる高いMeRIP効率を実現し、m6Aサイトの100塩基以内の正確なピーク位置、およびinputコントロールの転写産物の存在量に基づいてm6Aレベルを校正することで、高分解能かつ高精度なデータをご提供いたします。また、論文投稿用に利用できる高品質なメチル化変動解析、m6Aピーク分布、およびモチーフの同定データをご提供いたします。



解析データ例

<トランスクリプトームにおけるm6Aピーク分布>

Chromosome	Peak_start	Peak_end	Transcript ID	Gene name	Strand	P_value	fold_enrichment	MockStarts	Transcript type	RNA length	Peak region
chr15	7917288	7918453	ENST000005893	MORF4L1	+	7.94318E-25	3.21	0.561410462109	retained_intron	1309	exon
chr2	202131375	202131465	ENST0000040732	CASPE	-	0.000234423	2.43	0	protein_coding	374	cds
chr19	15577862	15578102	ENST0000026381	WIZ	-	4.7861E-06	2.37	0	protein_coding	2382	cds
chr5	151041969	151042119	ENST00000231961	SPAPC	-	3.16219E-18	1.81	0	protein_coding	2478	utr5'
chr19	1271233	1271609	ENST00000091659	CEBP	-	1.0713E-09	2.82	0.98	protein_coding	521	cds
chr17	644661	645078	ENST00000308178	FAM107A	-	1.58489E-16	4.22	0	protein_coding	771	utr5', cds
chr1	119575600	119575680	ENST0000023521	WARS2	-	0.000223872	4.01	0	protein_coding	467	cds
chr12	50399073	50410432	ENST00000550149	RACGAP1	-	0.000616595	1.99	0.11340	protein_coding	467	cds
chr19	1010546	1010785	ENST00000087766	TMEM219	-	0.000138038	2.45	0	retained_intron	926	exon
chr12	49233911	49239489	ENST00000525555	DDX23	-	1E-47	4.52	0.38115445	processed_transcript	562	exon
chr9	131445502	131455033	ENST00000402117	SET	-	1.02329E-06	1.93	0.6341418	processed_transcript	509	exon

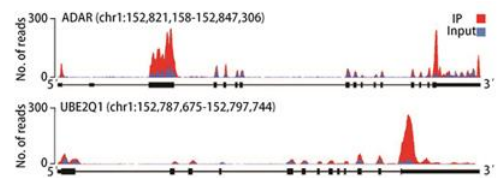
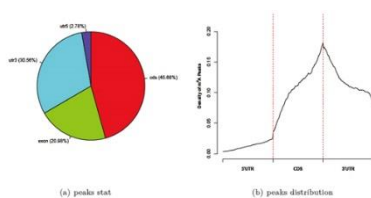


図1. ヒトADAR1およびUBE2Q1 mRNAのm6Aピークを、提供されたトラックファイルをゲノムブラウザにロードすることで視覚化します。

<mRNA領域全体のm6Aピークリードの分布>

図2. mRNAの5'UTR、CDS、3'UTR領域におけるm6Aピークのピーク統計(a)と密度分布(b)を示します。



<m6Aピーク配列のモチーフ解析>

図3. m6Aピークの配列モチーフは、DREMEアルゴリズムで同定され、配列ロゴ表現で示されます。



サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 200µg	> 100µg	> 20ng/µL	> 7.0	O.D. _{260/280} : 1.7~2.0 O.D. _{260/230} : > 1.8 ホルムアルデヒド変性1%アガロースゲル電気泳動 : 18Sおよび28S rRNAのシャープなバンドが確認でき、28S および18S rRNAのバンド強度比が2 : 1程度であること。



概要

トランスファーRNA(tRNA)は遍在しており、すべてのsmall non-coding RNA分子の中で最も豊富に存在します。翻訳における基本的な構成要素として、tRNAはmRNAコード配列およびタンパク質配列間の物理的リンクとして機能しています。細胞増殖、分化、アポトーシスなどの多種多様な生物学的プロセスには、常にtRNAレベルの変動が伴います。tRNAレパートリーの変化は、細胞発生中の細胞運命の選択に影響を及ぼします(図1)。調節不全のtRNAレパートリーは、腫瘍形成および癌進行を促進する可能性があります。さらに、2型糖尿病、ハンチントン病、HIV感染など、様々な疾患においてtRNAレベルと分布に乱れが示されています。tRNAレパートリーの研究は、生物学的プロセスおよびヒト疾患研究の重要な部分となっています。

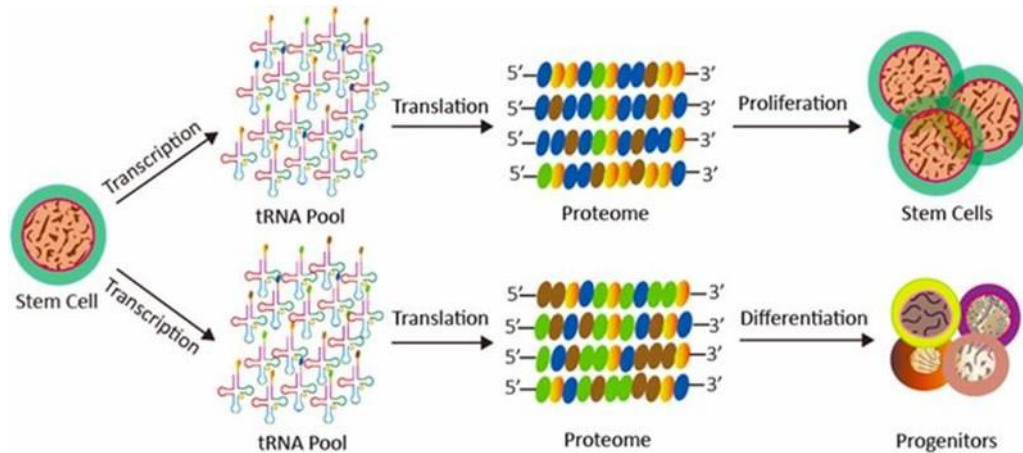
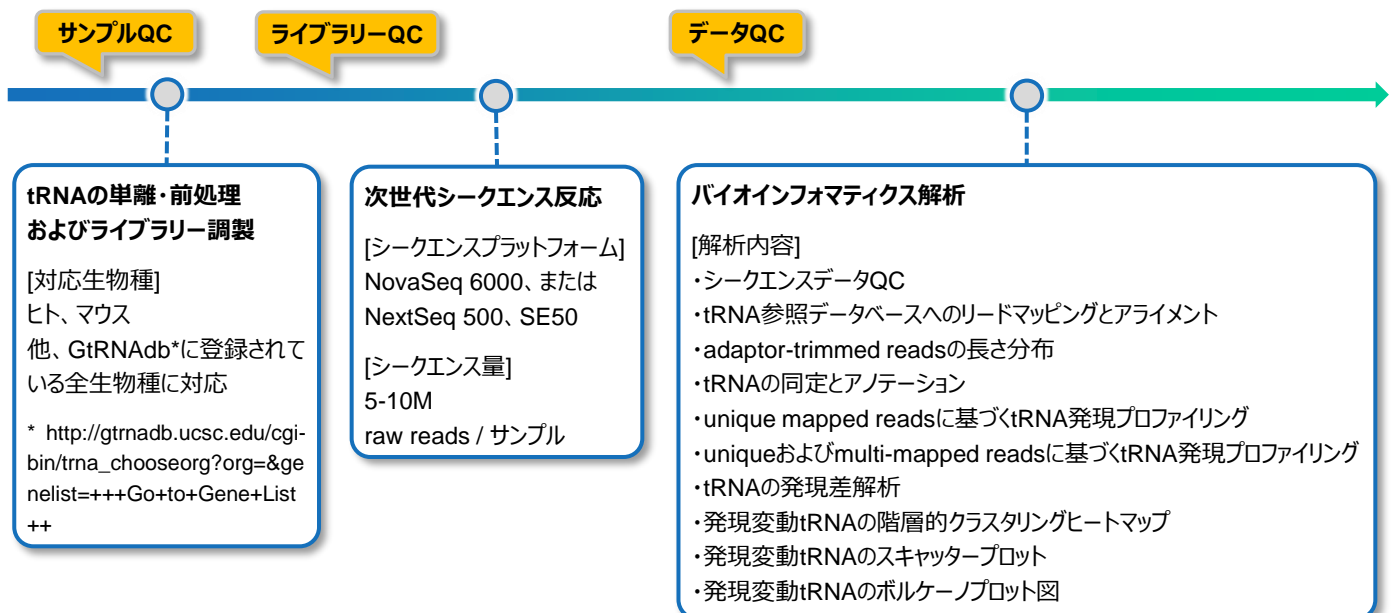


図1. 細胞運命決定における tRNAレパートリーの影響

tRNAは、はるかに多くの化学的にも多様な転写後の修飾を受け、この修飾は、tRNAの安定性、フォールディング、デコーディングに不可欠です。ペプチド合成のためのアミノ酸キャリアーとして、tRNAはアミノ酸が付加されている必要があります。しかし、これらのアミノアシル化された末端や内部修飾は、tRNA-Seqライブラリー調製時のアダプターライゲーションや逆転写を阻害します。本サービスでは、tRNAに最適化された修飾除去とsmall RNAシーケンスを統合した最先端のtRNA-Seq手法を採用し、tRNA研究のための最も信頼性が高く正確なtRNA-Seqデータを保証しています。

サービス内容

本サービスは、total RNA~データ解析までのフルパッケージとなっています。tRNAの内部および末端修飾を効率的に除去して、前例のないレベルのtRNA-seq効率と精度を実現しています。厳格なQCプロセスによりパフォーマンスが最適化されたtRNAシーケンス法を採用しており、信頼できるすべてのデータベースからの包括的なtRNAトランスクリプトームリファレンス、および徹底したtRNAアノテーションが取得できます。また、バイオインフォマティクス解析では論文投稿用に利用できる高品質な視覚化データ(画像)をご提供いたします。





解析データ例

<発現変動プロファイリング1>

Isodecoder	Differential Expression Statistic			Annotation				
	FC	p_value	q_value	Isotype	Isoacceptor	Codon	tRNAscan Score	tRNAscanSSS
tRNA-Gly-CCC-3-1	0.374876127	2.20616E-07	2.64739E-05	Gly	Gly-CCC	GGG	73.1	24.3
tRNA-Gly-GCC-1-1	0.444682432	7.72736E-07	3.09094E-05	Gly	Gly-GCC	GGC,GGT	79.9	22.1
tRNA-Asn-GTT-1-1	2.107102673	3.01322E-05	0.000723174	Asn	Asn-GTT	AAC,AAT	77.7	24.3
tRNA-Asn-GTT-3-1	2.078479869	4.4458E-07	2.66748E-05	Asn	Asn-GTT	AAC,AAT	76.2	24.5

Annotation		
Isodecoder	Sequence	Structure
tRNA-Gly-CCC-3-1	GCAITGGTG GTTCAATGGTAGAATTCTCGCTCCACGCGGGTGACC GG GTTCGATTC CGGCCAATGCACCA	
tRNA-Gly-GCC-1-1	GCATGGGTGGTTCAAGTGTAGAATTCTCGCTG CACGCGGGAGGCCCGGTTTCGATTC CGGCCAATGCACCA	
tRNA-Asn-GTT-1-1	GTCTCCGTGGCGCAATCGGTCAGCGCTTCGCTGTTAACCGAAAGGTTGGTTCGAGCCACCGGGGACGCCA	
tRNA-Asn-GTT-3-1	GTCTCTGTGGCGCAATCGGTTAGCGCGTTCGGCTGTTAACCGAAAGGTTGGTTCGAGCCACCGGGGACGCCA	

図2. tRNA発現プロファイリングでは、アンチコドン、配列、ドット-ブラケット構造表記、および発現レベルの詳細な注釈が付けられます。

<発現変動プロファイリング2>

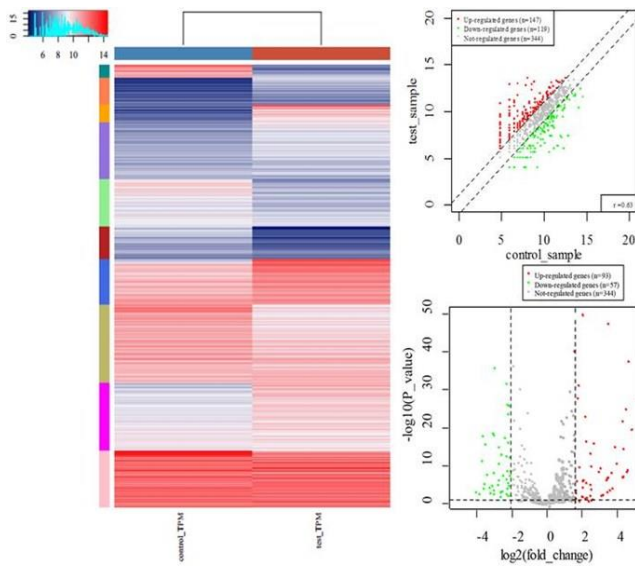


図3. 発現差解析のプロット。
発現変動tRNAは、K-meansクラスタリングヒートマップ、スキャッタープロットおよびボルケーノプロットで表示されます。

<様々なtRNA種類ごとの発現レベル(有償オプション)>

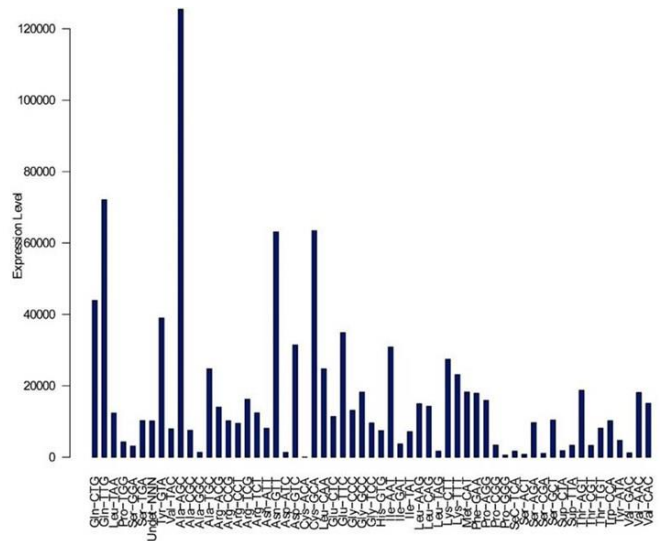


図4. アンチコドン別にグループ化された、様々なtRNAタイプの発現レベルを示しています。

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 10µg	> 5µg	> 20ng/µL	> 7.0	O.D. _{260/280} : 1.7~2.0 O.D. _{260/230} : > 1.8 ホルムアルデヒド変性1%アガロースゲル電気泳動： 18Sおよび28S rRNAのシャープなバンドが確認でき、28S および18S rRNAのバンド強度比が2：1程度であること。



概要

tRFおよびtiRNAはtRNAから産生され、small non-coding RNAとして様々な機能を有することから、多くの疾患と関連しています(図1)。また、tRFとtiRNAは、RNA干渉において、microRNAとして機能することが知られています(タンパク質との結合によるmRNAの安定性の制御；シトクロームcとの相互作用によるアポトーシスの制御；代謝性疾患の世代間遺伝における父性エピジェネティック因子である胚性転写カスケードの変更；ストレス環境に対するストレス顆粒の産生)。

tRF&tiRNAの組成・量は、細胞の種類や疾患状態に高度に依存しているため、優れたバイオマーカーとなっています。例えば、tRF&tiRNAの比率は、がんの無増悪生存期間の良き指標であり、また予後マーカーの候補となっています。また、tRNA及びtRF&tiRNA集団は、microRNAよりも非常に多く生物液中に存在しています。

Arraystar社のtRF&tiRNAのシーケンシングサービスは、次世代シーケンスからデータ解析まで対応することにより、この新分野の研究を支援します。

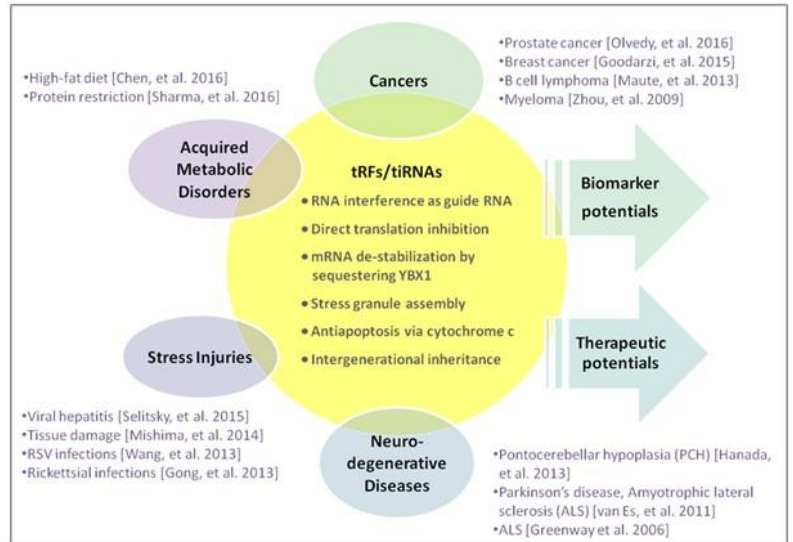
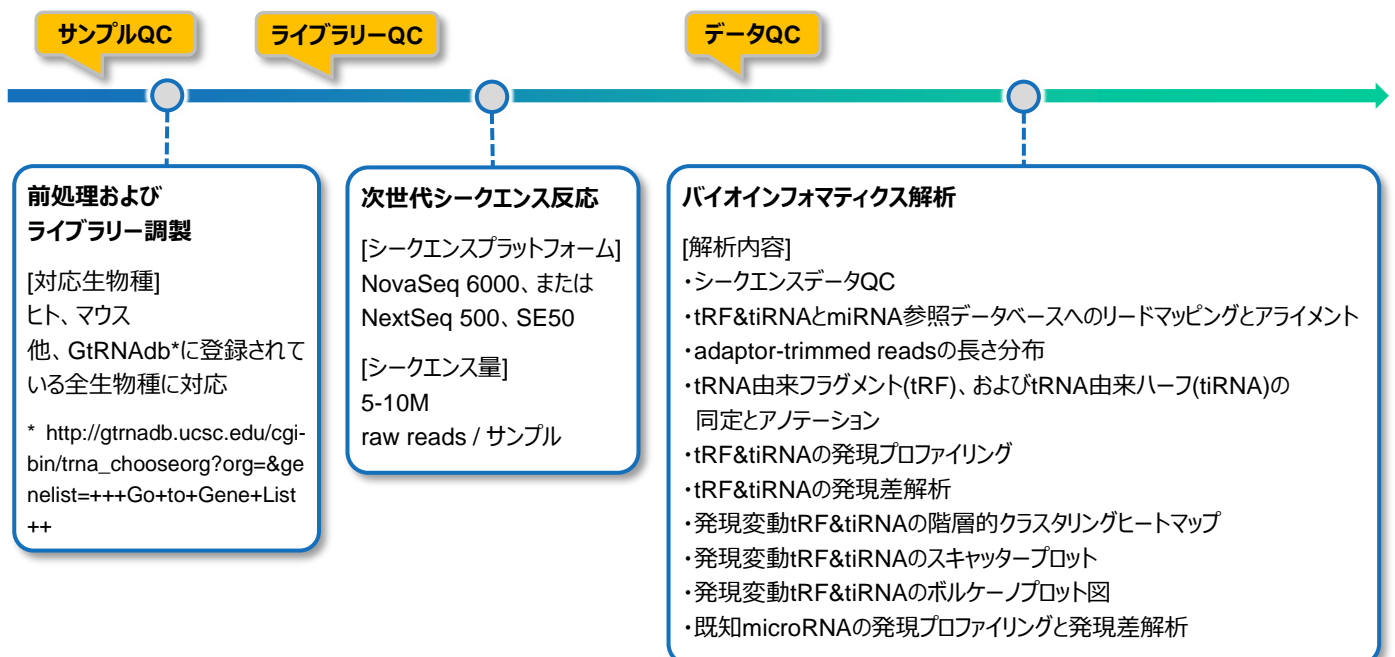


図1. tRF&tiRNAの機能および疾患との関連

サービス内容

本サービスは、total RNA～データ解析までのフルパッケージとなっています。厳格なQCプロセスによりパフォーマンスが最適化されたtRF&tiRNAシーケンス法を採用しており、すべてのデータベースからのtRFおよびtiRNAの包括的なコレクション、およびtRNAのトポロジーと統計的有意性に基づく正確なアノテーションと分類システムを実現しています。

また、データ解析ではtRFs&tiRNAsに特化したバイオインフォマティクスと統計学的解析の他、miRNAの発現差解析も追加されています。加えて論文投稿用に利用できる高品質な視覚化データ(画像)をご提供いたします。





解析データ例

<発現変動プロファイリングとアノテーション>

tRF_ID	Differential Expression Statistic			Annotation			
	Fold_Change	p_value	q_value	Type	tRFdb_ID	MINTbase_ID	Length
tRF-42:62-chrM.Ser-GCT	0.226	1.21E-04	2.23E-03	tRF-3b	-	tRF-21-BOJ8N981B	21
tRF-1:14-Leu-TAA-1-1	0.379	7.83E-07	5.65E-03	tRF-5a	-	-	14
tRF-69:86-Leu-TAA-1-1	0.478	3.02E-03	3.17E-03	tRF-3a	3009a	tRF-18-ORER9LD2	18
tRF-1:31-iMet-CAT-1-1	0.158	4.45E-02	2.97E-03	tRF-5c	-	tRF-31-FP18LPMBQ4NKD	31
tRF-+1:T17-Ala-TGC-2-1	3.019	2.22E-04	3.44E-03	tRF-1	1029	-	17
tRF-30:43-Gln-CTG-1-1	2.889	1.25E-02	3.98E-03	tRF-2	-	-	14
tRF-1:22-Gly-GCC-1-1	2.221	3.27E-02	8.36E-03	tRF-5b	5003b	tRF-22-P4R8YP9LL	22
tiRNA-33:69-chrM.Thr-TGT	2.515	9.79E-03	9.33E-03	tiRNA-3	-	-	37

Annotation		
tRF_ID	tRF_Seq	Aligninfo
tRF-42:62-chrM.Ser-GCT	AACAACATGGCTTCTCACCA	chrM.tRNA12-SerGCT,GAGAAAGC...TCTCACCA,Ser-GCT,41
tRF-1:14-Leu-TAA-1-1	AOCAGGATGGCCGA	tRNA-Leu-TAA-1-1,ACCAGGAT...TGGTACCA,Leu-TAA,0
tRF-69:86-Leu-TAA-1-1	AOCOCCTCCTGGTACCA	tRNA-Leu-TAA-1-1,ACCAGGAT...TGGTACCA,Leu-TAA,68
tRF-1:31-iMet-CAT-1-1	AGCAGAGTGGCGCAGCGGAAGCGTGCTGGCC	tRNA-iMet-CAT-1-1,AGCAGAGT...TGCTACCA,iMet-CAT,0
tRF-+1:T17-Ala-TGC-2-1	ATAGGTATTAAGGTTTT	pre_tRNA-Ala-TGC-2-1,TTTTTAAA...TCAACGTA,Ala-TGC,112
tRF-30:43-Gln-CTG-1-1	GACTCTGAATCCAG	tRNA-Gln-CTG-1-1,GGTCCAT...AACCTCCA,Gln-CTG,29
tRF-1:22-Gly-GCC-1-1	GCATGGGTGGTTCAGTGGTAGA	tRNA-Gly-GCC-1-1,GCATGGGT...ATGCACCA,Gly-GCC,0
tiRNA-33:69-chrM.Thr-TGT	GTAAACCGGAGACGAAAAACCTTTTCCAAAGGACACCA	chrM.tRNA14-ThrTGT,GTCTTGT...GGACACCA,Thr-TGT,32

図2. tRF&tiRNAの配列、種類、長さ、tRNAの切断部位の詳細なアノテーションを含む変動解析データ表

<発現変動プロファイリング2>

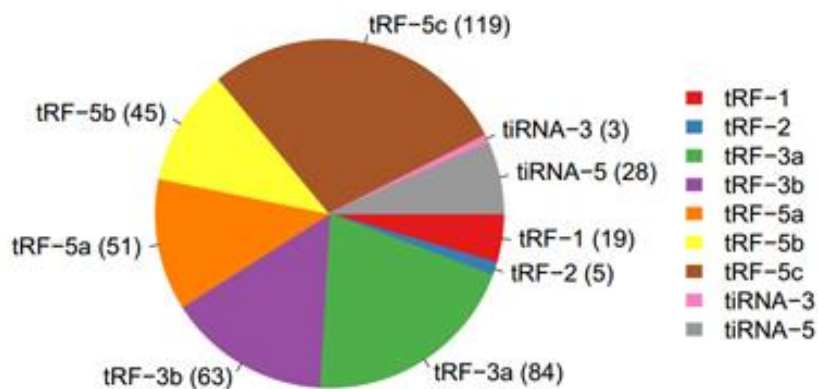


図3. tRF&tiRNAサブタイプの分布。
各色は、tRF&tiRNAのサブタイプを表しています。括弧内の数値は、tRF&tiRNAサブタイプの数を表しています。

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 10µg	> 5µg	> 20ng/µL	> 7.0	O.D. _{260/280} : 1.7~2.0 O.D. _{260/230} : > 1.8 ホルムアルデヒド変性1%アガロースゲル電気泳動 : 18Sおよび28S rRNAのシャープなバンドが確認でき、28S および18S rRNAのバンド強度比が2 : 1程度であること。

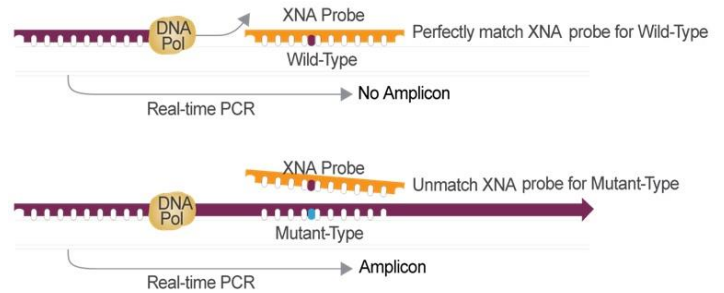


概要

本プラットフォームは、遺伝子変異の超高感度検出を可能にすることで、シーケンシング深度を最大100倍まで縮小し、コストと解析時間を大幅に削減します。野生型のテンプレートのみハイブリダイズする独自の核酸分子クランプ(XNAテクノロジー)を使用しており、変異型のみが増幅され、配列決定されます。本プラットフォームで行われる500シーケンスリードは、本プラットフォームを使用しない場合の50,000リードに相当します。

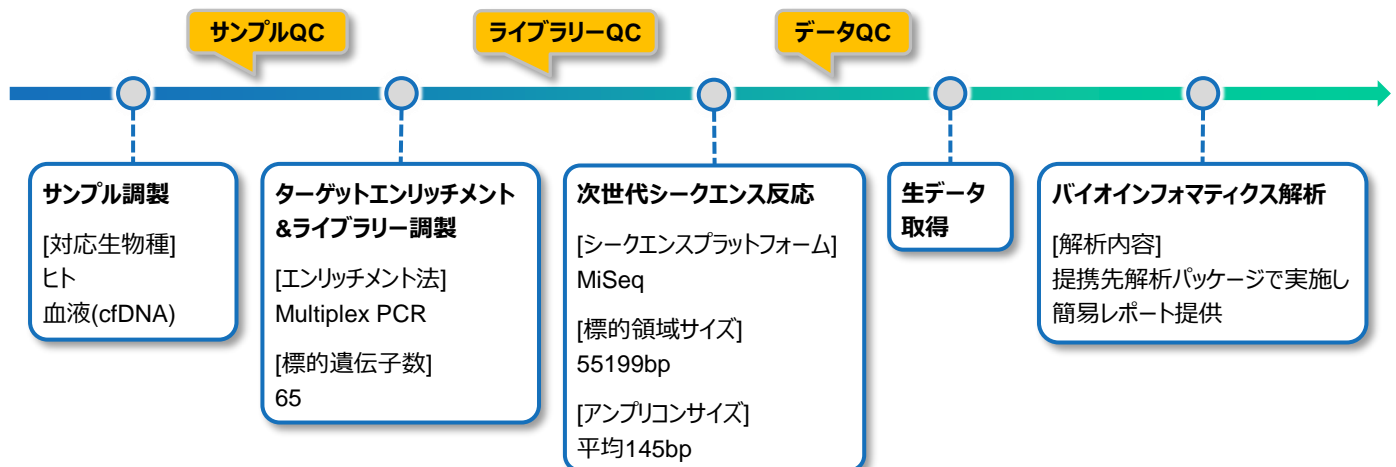
XNAテクノロジー

ゼノ核酸(Xeno nucleic acid: XNA)オリゴマーは、標的となる正常なDNAへのハイブリダイズに非常に有効で、qPCRの分子クランプとして、または核酸標的配列の検出のための高度に特異的な分子プローブとして使用されています。XNAは、100%相補的な野生型配列に強く結合し、DNA伸長からDNAポリメラーゼを阻害します。XNA-変異型DNAの二本鎖の場合は、ミスマッチとなり不安定な構造となるため、PCR反応時に鋳型鎖から脱落し、変異型標的配列のみが増幅されます。



サービス内容

本解析サービスで 사용되는がんパネルは、65個のがん遺伝子と腫瘍抑制遺伝子から、2,900の一般的に観察される変異部位(ホットスポット)を標的とするように設計されています。ご提供いただいたヒト血液サンプルを用いて、サンプル調製から解析レポート提供まで、トータルに実施します。



遺伝子リスト

- ABL1
- CDH1
- ERBB3
- FOXL2
- JAK2
- MPL
- PIK3CA
- PIK3R1
- SMO
- AKT1
- CDKN2A
- ERBB4
- GNA11
- JAK3
- MSH6
- PIK3R1
- PTCH1
- SRC
- ALK
- CSF1R
- EZH2
- GNAQ
- KDR
- MTOR
- PTCH1
- PTEN
- STK11
- APC
- CTNNB1
- FBXW7
- GNAS
- KIT
- NF1
- PTEN
- PTPN11
- TERT
- ATM
- DDR2
- FGFR1
- HNF1A
- KRAS
- NF2
- PTPN11
- RB1
- TP53
- BRAF
- DNMT3A
- FGFR2
- HRAS
- MAP2K1
- NPM1
- RB1
- RET
- TSC1
- BRCA1
- EGFR
- FGFR3
- IDH1
- MET
- NRAS
- RET
- SMAD4
- VHL
- BRCA2
- ERBB2
- FLT3
- IDH2
- MLH1
- PDGFRA
- SMAD4
- SMARCB1

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨DNA量	液量	濃度	純度
ヒト、全血	*3サンプル以上から受注受付 ≥2μg	≥20μL	≥20ng/μL	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0

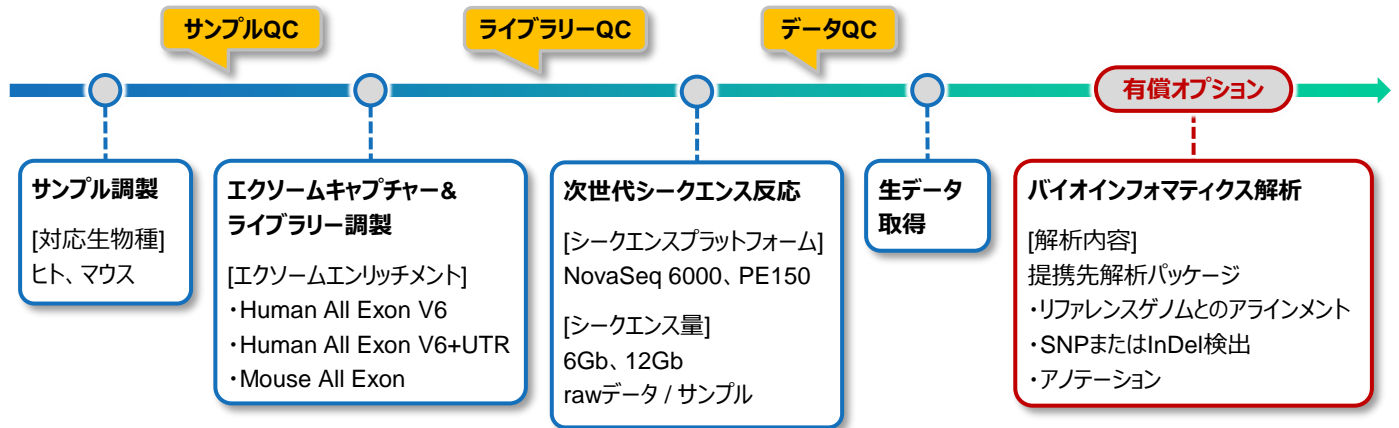


概要

全エクソームシーケンス解析では、ゲノム上のタンパク質コード領域をシーケンスします。全ゲノムシーケンスの代替となる、費用対効果の高い解析法です。例えば、ヒト疾患と関連する遺伝子変異の多くが、タンパク質コード領域に見出されています。本サービスでは、Agilent社のSureSelectキットとillumina社のシーケンスプラットフォームを組み合わせることにより、全エクソームをシーケンスします。

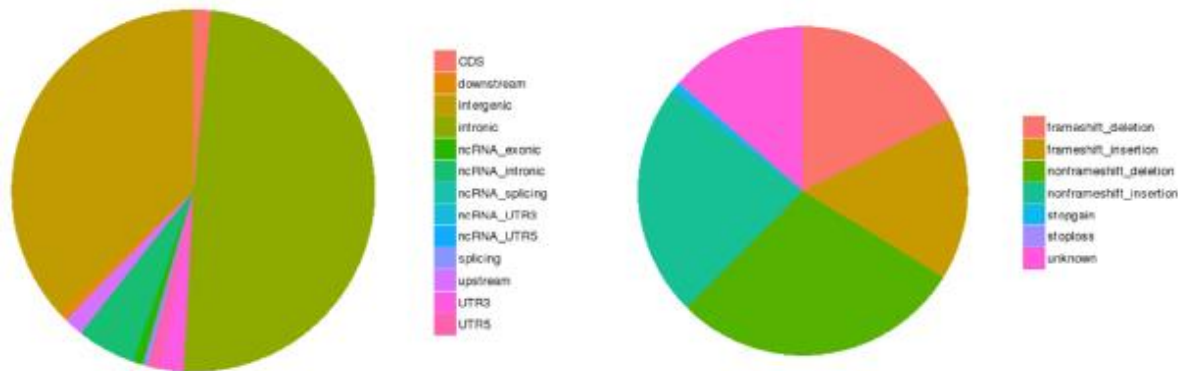
サービス内容

DNAサンプルを用いて、品質チェック(QCチェック)から次世代シーケンスまでを実施します。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。バイオインフォマティクス解析は、提携先が用意する解析パッケージ、または弊社の提供するデータマイニングサービスからご選択いただけます。



解析データ例

以下は提携先解析パッケージにて実施したヒト全エクソームシーケンス解析例となります。



CHROM	POS	ID	REF	ALT	QAUL	FILTER	GeneName	Func	Gene	&
1	15211	rs11586607	T	G	66.28	PASS	WASH7P	ncRNA_intronic	NR_024540	&
1	15274	rs62636497	A	T	66.28	PASS	WASH7P	ncRNA_intronic	NR_024540	&

変異検出のアノテーション結果

サンプル条件

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお気軽にご相談ください。

サンプルタイプ	推奨量	最小量	液量	濃度	純度
ゲノムDNA	≥2μg	≥1μg	≥20μL	≥20ng/μL	O.D. _{260/280} : 1.8~2.0



概要

免疫レパトリーシーケンシングは、適応免疫応答の理解を深めるのに役立ちます。Reptor™は、Abterra bio社との提携による抗体レパトリーシーケンス解析サービスで、NGSと独自のソフトウェアを利用したB細胞受容体シーケンシング、レパトリー構造、そして解析までのフルサービスです。

対応アプリケーション

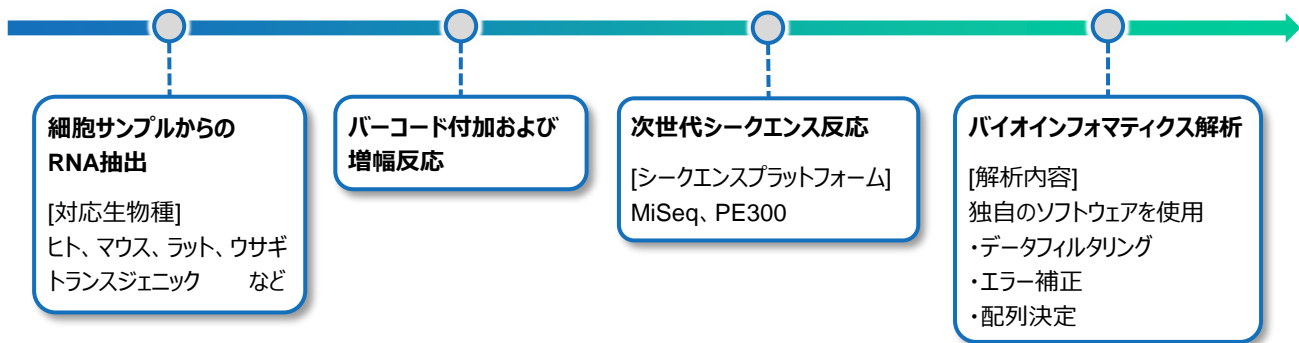
本サービスは、解析内容に合わせて3つのアプリケーションをご用意しております。

Hybridoma Sequencing Service

ハイブリドーマ細胞株が産生する抗体の可変重領域(VH)と可変軽領域(VL)をコードするcDNAの配列情報を取得する解析サービスです。アイソタイプを決定するために、全長可変領域および定常領域の約9ヌクレオチドを配列決定します。

<ワークフロー>

ご提供いただいた細胞サンプルから解析までのフルサービスです。



<解析データ例>

Example of Dominant Sequences for each hybridoma

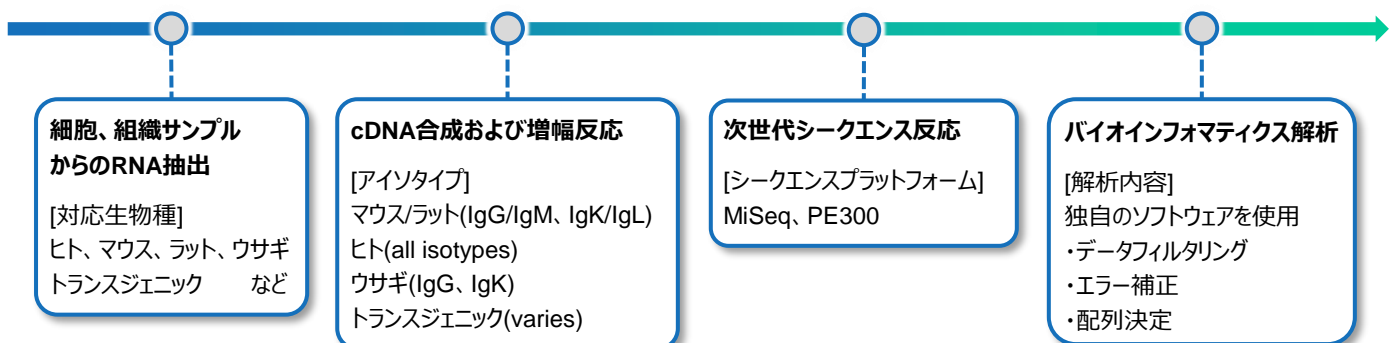
DP ID	Client ID	Num AA seqs	Num CDR3	Dominant HC Percent of Reads	Dominant HC CDR3	HC Sequence
1A	1A2	1	1	100%	CARGGGSGDSNI	QSVEESGRLVTPGTPLTLTCT...
1B	1A6	1	1	100%	CARGVPGYSGSNI	QSVKESEGGLFKPADTLTLTCT...
1C	1A9	1	1	100%	CARGVPGYSGSNI	QSVKESEGGLFKPTDTLTLTCT...
1D	1B4	2	2	74%	CARHPDYSTGNI	QSVEESGRLVTPGTPLTLTCT...

Bulk B cell Sequencing Service

B細胞の表面に存在する膜型免疫グロブリンであるB細胞受容体(BCR)の配列情報を取得します。バルクB細胞(組織、細胞、血液、ファージド)をご提出いただき、BCRレパトリー分析を行います。時系列/空間/ケースごとにデータを取得することで、その多様性の把握、比較が可能です。

<ワークフロー>

骨髄、脾臓、リンパ節、血液を含む細胞または組織サンプルから解析までのフルサービスです。





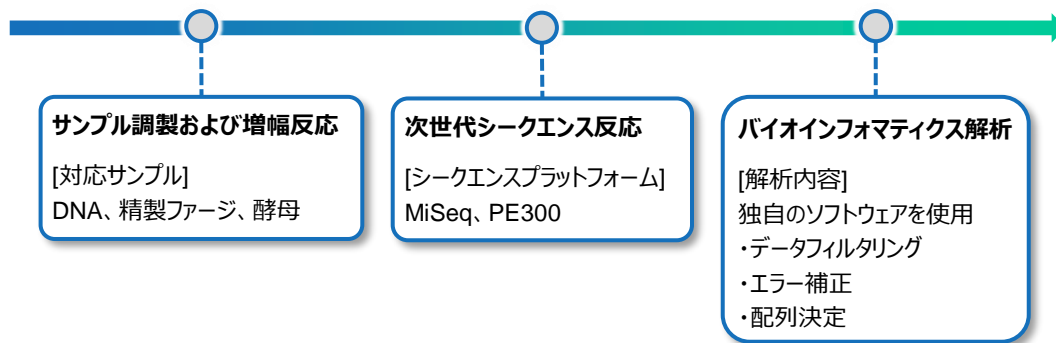
Display Library Sequencing Service

ファージライブラリーをNGS分析することで、ライブラリーの多様性をハイスループットで評価できるサービスです。ファージディスプレイ技術は、標的特定のペプチド/タンパク質をスクリーニングおよび単離するための強力な技術です。バクテリオファージに遺伝子を挿入し外来ペプチドまたは抗体をその表面に発現させたファージライブラリーと標的分子を反応させ、選択操作(バイオパニング)を行うことにより、標的分子に結合するファージ群を濃縮することができます。

バイオパニングプロセスを通じて一部のクローンが支配的になり、最終的なスクリーニング後に利用可能なクローンの数が限られるということが、ファージディスプレイ技術の欠点の一つとして挙げられますが、本サービスでは、バイオパニングの各ラウンド後に得られた濃縮ファージライブラリーについてNGS分析を行うことで、どのクローンが陽性である可能性が高いかについての洞察を提供することができます。

<ワークフロー>

ご提供いただいたサンプルから解析までのフルサービスです。



サンプル条件

各アプリケーションの詳しいサンプルの準備方法につきましては、弊社までお気軽にご相談ください。

アプリケーション	Hybridoma Sequencing	Bulk B Cell Sequencing		Display library Sequencing
サンプルタイプ	細胞	細胞	組織	DNA、精製ファージ、酵母
必要量	ハイブリドマあたり > 10K cells	ハイブリドマあたり > 1M cells	お問合せ	—
状態	10倍量のRNAlater 96wellプレート (フルスカートタイプ)*	10倍量のRNAlater	1cm各の大きさにカットし、 10倍量のRNAlater	—
容器および梱包	※1~15サンプルの場合は、クライオバイアルで受入可：250μLのRNAlaterでしっかりと細胞をmixしてください。			—

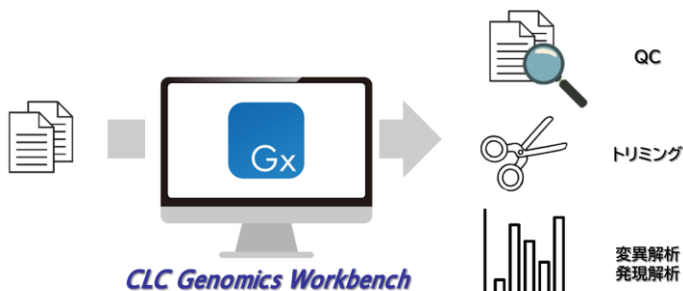
96wellプレート提出の場合の注意事項：

- ・フルスカートタイプの96wellプレートで提出してください。
- ・プレートはホイルシールテープでフタをしてください。
- ・プレート周囲にパラフィルムを巻き、プレートシールのふちがはがれないように保護してください。
- ・段ボールをプレートサイズに2枚カットし、プレートの両面(上下)に段ボール片をテープで固定してください(プレートの破損、プレートシールが貫通を防ぐため)。
- ・必要に応じて、プレートをさらに緩衝材で包んでください。最後に、各包装されたプレートをジップロックバッグに入れてください。



概要

CLC Genomics Workbenchは世界中で広く利用されている次世代シーケンス解析ソフトウェアです。次世代シーケンサーから出力されるFASTQファイルをインポートするだけで、クオリティチェックやリードのトリミングはもちろん、リファレンスゲノムへのマッピング、発現定量解析をはじめとする各種解析が簡単に実行できます。また、Premium版では、ゲノムフィニッシング、菌叢解析、シングルセル解析、超高速変異解析用モジュールがご利用いただけます。



主な機能

■ リシーケンシング解析

- リファレンスゲノムへのマッピング
- 変異検出

■ トランスクリプトーム解析

- 発現定量解析
- 発現変動解析
- small RNA関連解析

■ エピゲノム解析

- ChIP-seq解析
- バイサルファイトシーケンス解析

■ de novoシーケンス解析

- de novo アセンブリ
- BLAST解析

■ シングルセル解析 (Premium限定)

- FASTQファイルからマトリックスの作成
- scRNA-seq, scATAC-seq, scレパトア解析
- 次元削減プロット、クラスタリング、細胞型予測、発現変動解析

■ 菌叢解析 (Premium限定)

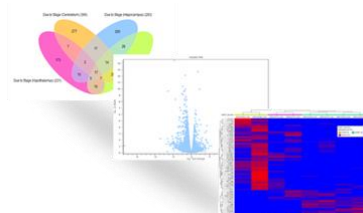
- 16S rRNAおよびショットガンシーケンスによる菌種組成解析

■ ゲノムフィニッシング (Premium限定)

- コンティグの結合や、近縁種ゲノムへのマッピング

■ 超高速変異解析 (Premium限定)

- FASTQファイルから、マッピングと生殖細胞系列変異の検出を超高速で実行



ライセンスタイプ (2タイプからご選択いただけます)

■ 固定ライセンス

- Workbenchをインストールした1台のPCでのみ利用可能です。
- 論理コア数が64コア(Hyper-threadingを含む)を超えるCPUを搭載したPCではご利用いただけません。
- リモートデスクトップによるアクセスは出来ません。

■ ネットワークライセンス

- 研究室内のライセンス管理用サーバーに接続された全てのPCで使用可能です*1。
- ネットワーク上のPCであれば、複数台にインストールできますが、同時に使用できるのは1ライセンスにつき1ユーザーのみとなります*2。
- リモートデスクトップによるアクセスが可能です。

*1: Network License Managerは常時電源が入っている必要があります。

*2: 同時に複数台のPCで解析を実行する場合は、その台数分のライセンスをご購入いただく必要があります。

インテグレーションサービス

フィルジエンでは、CLC Genomics Workbenchの一般的なデータ解析に対応したスペックを備えたコンピュータに、CLC Genomics Workbenchをプレインストールしたパッケージの販売を行っております。





概要

OmicsBoxは、ゲノム(DNA)、トランスクリプトーム(RNA)、メタゲノムのNGSデータ分析が可能なバイオインフォマティクスソフトウェアです。非モデル生物であっても、洞察まですばやく簡単にアクセスできます。



特長

<非モデル生物に対応>

リファレンスゲノムがないデータでも解析が実行可能です。様々なアノテーションデータベースにより情報をより深めることも可能です。植物・水産など農学系研究に応用できるツールが多数搭載されています。

<多くの科学研究引用実績>

実績は高いがコマンドライン型であったり、OSに制限があるオープンソースソフトウェアを多数組み込みマウス操作で簡単に解析できるようにしたのがOmicsBoxの特徴の1つです。特にアノテーションは、BioBam社独自のアルゴリズムで7000件以上の研究引用実績があります。

<高価な解析PCを必要としないので初期費用を抑えることができます>

OmicsBoxの解析や計算は、統合させたウェブサイトやBioBam社のクラウドを通して行われるため、安定したインターネット接続があれば解析が可能です。

リファレンスゲノムなし



実績の高い
アルゴリズム



高速解析



主な機能

OmicsBoxは各機能モジュールごとに多彩なデータマイニングが可能です。

■ Functional Analysis Module 遺伝子機能アノテーション

- 高速 Blast解析 / InterPro Scan
- Gene Ontology Mapping・Blast2GO Annotation
- エンリッチメント解析
- 発現比較データを使用したパスウェイ解析
- ※コマーシャルユーザーのKEGG利用は、別途KEGG Add-Onのご購入が必要

■ Genome Analysis Module 新規ゲノム配列決定

- DNA-seq de novo Assembly(ショートリード、ロングリード、ハイブリッドアセンブル)
- DNA-Seqリファレンスゲノムへのマッピング
- 原核生物、真核生物の遺伝子領域予測

■ Genetic Variation Module 遺伝子の変異解析

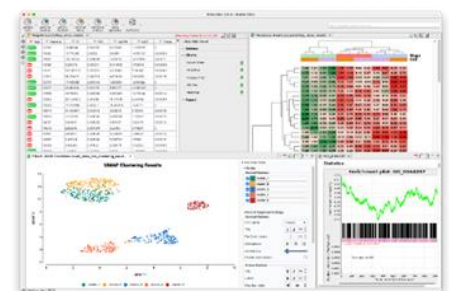
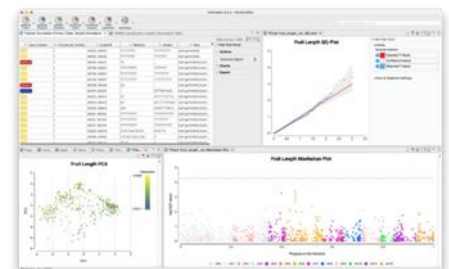
- BAMファイルを使用した変異検出
- ゲノムワイド関連解析(GWAS)

■ Transcriptomics Module RNA-seqデータ解析

- RNA-Seq de novo Assembly(ショートリード・Pacbioロングリード)
- CD-HIT
- コーディング領域の予測
- RNA-Seq リファレンスゲノムへのマッピング、Transcript定量
- 発現解析 / タイムコースデータ解析
- 定量済みシングルセルRNA-Seqのデータ解析

■ Metagenomics Module メタゲノム解析

- 分類学的種の同定
- メタゲノムアセンブル
- メタゲノム遺伝子予測
- メタゲノム機能アノテーション付け
- 比較解析

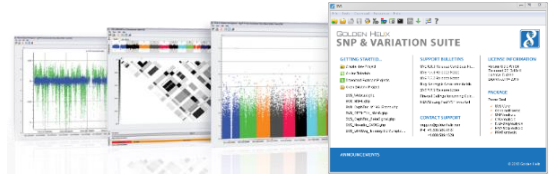




概要

SNP & Variation Suite (SVS)は、次世代シーケンサーやSNP/CNVマイクロアレイより得られた膨大な遺伝子型データを管理・分析・可視化することを目的に開発された、ゲノムデータの統合解析ソフトウェアです。

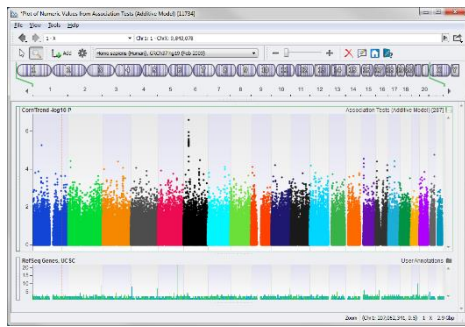
多検体の遺伝子型データと表現型の関連を調べるGWASや、家畜の遺伝的能力の評価などを、統一されたプラットフォームで実行することができます。



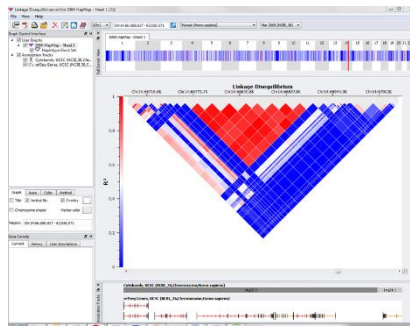
主な機能

ゲノムワイド関連解析 (GWAS)

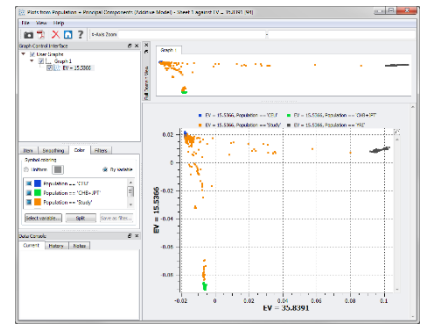
SNP & Variation Suiteでは、SNPなどの遺伝子型データとサンプルの表現型データを利用し、ゲノムワイド関連解析(GWAS)を実行することが可能です。SNP call rateやハーディー・ワインベルグ平衡、MAFやIBDなどによるクオリティチェックはもちろん、主成分分析(PCA)による集団の階層化補正や線形混合モデル、ジェノタイプインプテーションやLD Score Regressionなどの高度な解析アルゴリズムも搭載しています。解析結果はマンハッタンプロットなど様々なグラフ形式で可視化させることができます。



マンハッタンプロット



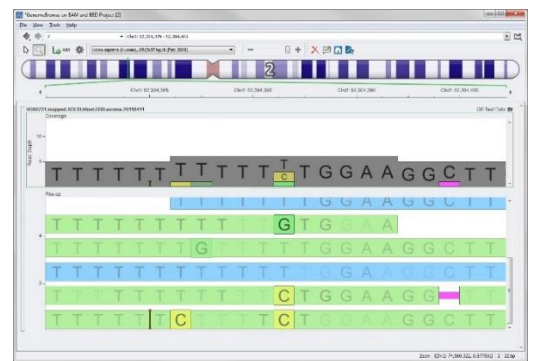
連鎖不平衡(LD)プロット



主成分分析(PCA)プロット

レアバリエント関連解析

次世代シーケンサーより検出されたレアバリエントのデータ解析には、KBAC法やSKAT-O法などといった、複数のレアバリエントを遺伝子ごとにまとめて解析を行うCollapse Methodsが利用できます。また解析に必要なバリエントデータベースも、ソフトウェア内のデータベース管理ツールよりダウンロードが可能です。



表現型のゲノミック予測

家畜などのゲノム情報を利用した個体の選抜を行うために、SNPデータから個体の遺伝的能力を評価するGenomic Predictionのツールが搭載されています。このツールでは、GBLUP法やBayes CおよびBayes C-pi法を用いて、サンプルの血統情報を用いずゲノム育種価の計算や、交差検証法による表現型予測モデルの構築が可能です。



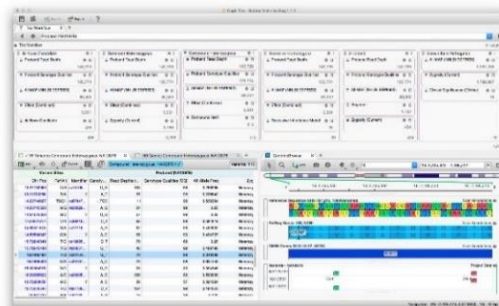
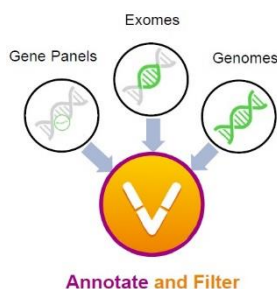
バイオインフォマティクスソフトウェア

遺伝統計解析ソフトウェア



概要

VarSeq®は、次世代シーケンサーで検出されたヒト臨床検体の遺伝子バリエーションデータの解析に用いるクリニカルシーケンス用ソフトウェアです。全ゲノムや全エクソーム、遺伝子パネル解析などより得られたバリエーションデータを用いて、バリエーションのアノテーション付けやフィルタリング、さらにサンプル間の比較などを行い、膨大なデータの中から、生物学的に重要なデータをシンプルかつ高速に探し出すことが可能です。



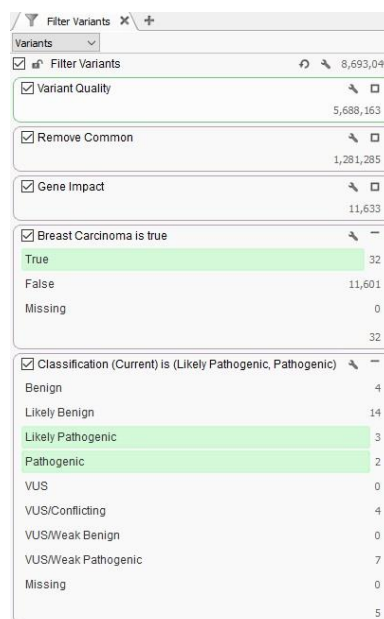
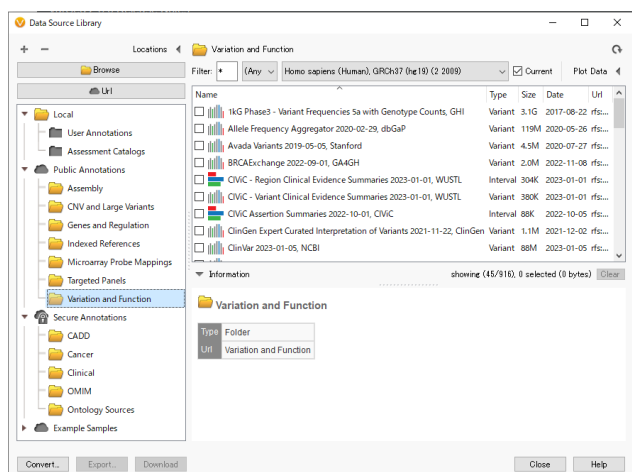
主な機能

遺伝子バリエーションのアノテーション付け

Golden Helix社によってメンテナンスされている高品質なアノテーションリソースを、ソフトウェア内のデータベース管理ツールよりダウンロードし、サンプルのバリエーションデータに対してアノテーション付けを行うことが可能です。ユーザー作成のBEDファイルやVCFファイルのアノテーションリソース変換もサポートしています。

フィルタリングワークフローの作成

付加したアノテーションなどを利用し、バリエーションのフィルタリングワークフローを作成することができます。またアノテーションリソース以外に、家族サンプルを利用したトリオ解析や、表現型オントロジーによる疾患関連の遺伝子ランキングなどによるフィルタリングも可能です。



データの可視化

VarSeq®にはゲノムブラウザが内蔵されており、BAM/CRAMファイルのリードアラインメントプロット、VCFファイルや各種アノテーションのバリエーションプロットを表示させ、インタラクティブに操作が行えます。また、アノテーション内の詳細情報やバリエーション別の集計グラフなども表示可能です。

有償アドオンによる機能拡張

VarSeq®では有償アドオンを追加購入いただくことで、遺伝子診断やゲノム解析における機能を拡張することができます。

- **VSReports®**
- 臨床レポート作成
- **VSWarehouse®**
- データシェアリング用Webサーバー
- **VSclinical®**
- ACMG/AMPガイドラインによるバリエーションの評価
- **VSPipeline®**
- コマンドライン型インターフェース
- **VS-CNV®**
- CNV解析



概要

iPathwayGuideは、次世代シーケンサーやマイクロアレイで得られた遺伝子発現データを使用してパスウェイやGene Ontology情報を特定するソフトウェアです。他のパスウェイ分析ソフトウェアとは異なり、遺伝子相互作用を加味した高度なアプローチを採用しています。



特長

<強力なパスウェイ解析アルゴリズム>

他社製ソフトウェアや公共のソフトウェアは、特定のパスウェイ上の遺伝子セットのみを考慮し、それらのパスウェイにおける各遺伝子の位置を無視します。これらは生物学的観点からは非常に不十分です。Advaita社独自の「Impact Analysis」手法は、パスウェイ上の遺伝子の位置とそれらが果たす役割を考慮するため、ノイズを抑えて、重要なパスウェイを特定できます。

<視覚化するだけでなく、理解できるソフトウェア>

視覚化のために作図できるツールは多くありますが、iPathwayGuideは解釈のしやすさも考慮された作図が可能です。

<充実したレポートと共有>

iPathwayGuideは、印刷可能なレポートが自動生成されます。また、iPathwayGuideの結果は、ライセンスを持っていないユーザーにも共有することができます。

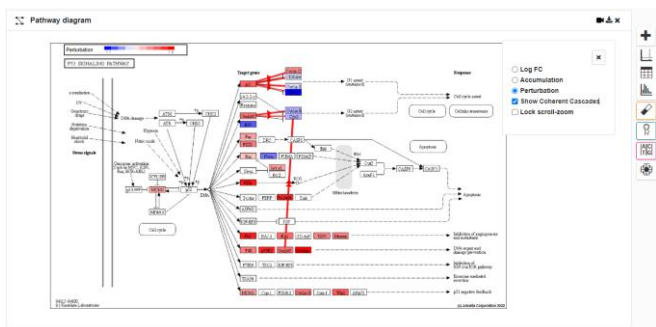


図1. 摂動の値に応じて遺伝子に陰影をつけ、コヒーレントカスケードを赤い矢印で示したパスウェイ図。遺伝子相互作用を加味したiPathwayGuideならではの視覚表示。

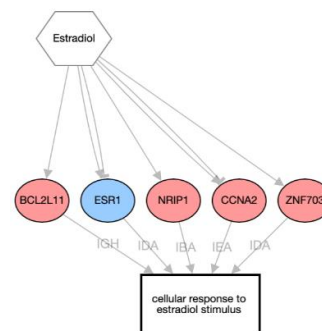


図2. GO Term、パスウェイ、上流制御因子などの結果を統合したネットワーク図。スパゲティボウルのように絡み合うことなく、だれもが理解できる作図を実現。

主な機能

遺伝子検索

最新の遺伝子アノテーションにアクセスします。遺伝子アノテーションは、多くの公開データソース、および文献マイニングから得られたものです。文献知識ベースは毎日更新されており、論文収集のための貴重な時間と労力を節約します。

パスウェイ解析

偽陽性を排除し、有意に影響を受けた真陽性のパスウェイを正しく特定します。

Gene Ontology(GO)解析

他のGO解析プラットフォームでは、何百もの有意なp値が表示されますが、そのほとんどは全く参考になりません。iPathwayGuideにはメーカー独自の補正ツールが含まれており、本当に重要な一握りのプロセスにまっすぐたどり着くことができます。

予測miRNA分析

別途miRNAアッセイを行う必要がなく、iPathwayGuideは、既存のmRNAまたはタンパク質の存在量データからマイクロRNA活性を予測します。この分析により、ユーザーの条件で活性化する可能性のあるmiRNAやターゲットを特定し、新しい仮説を立てることができます。

疾患分析

ICD-10分類でエンリッチされた疾患を検出します。アノテーションされた遺伝子、参考文献などを特定し、探索することができます。

Meta-Analysis

複数の遺伝子発現データにわたるメタ分析が可能です。データ全体で共通または固有である可能性のある遺伝子、パスウェイ、マイクロRNA、GO分析、または疾患をすばやく特定します。



概要

プライベートデータのシングルセルRNA-Seqデータ解析に対応したBBrowserX、プライベートデータの空間トランスクリプトーム解析に対応したBioTuring Lens、公開されたシングルセルRNA-Seq研究データの閲覧と再解析に対応したTalk2Dataの3つのパッケージが提供されています。ユーザーフレンドリーなソフトウェアで、プログラミングの知識が無くても素早く解析でき、お客様の解析作業を強力にサポートします。

製品ラインアップ

BBrowserX - 個人データを使用したシングルセルRNA-Seqデータ解析

<プログラミングの知識が無くてもスムーズに解析>

お持ちのデータから最小限の工程でt-SNE、UMAPを作図できます。

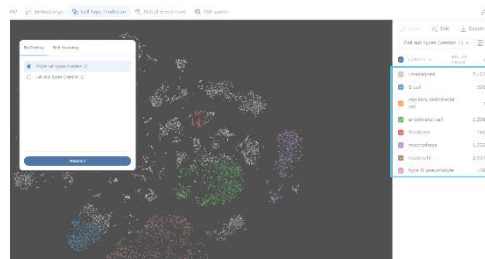
<直感的なアノテーション付与>

様々なアプローチから、クラスターがどのような細胞種であるか判別する解析を実行できます。

- クリックだけでCell Typeの予測を行う/Cell type prediction
- 選択した細胞集団と類似した特性を共有する細胞集団を引き出す/Cell search
- 選択した細胞集団を他の細胞集団と区別するのに役立つ/Marker genes
- そのほかGene queryなど一般的な手法もサポート

<多彩な下流分析>

- 発現変動遺伝子を見つける/Differential Expression Analysis
- セルのグループを取り出し、それらを新しいデータのセットとして扱う/サブクラスタリング
- クロノタイプの多様性解析(TCR またはBCR)
- AUCell enrichment
- Pseudotime 解析
- Pathway解析



Cell type prediction

BioTuring社の包括的なデータベースに基づいて構築された自動Cell Type予測機能。クリックだけでデータセット内の細胞種を予測でき、アノテーションにかかる時間を大幅に短縮できる。

BioTuring Lens - 個人データを使用した空間トランスクリプトームデータ解析

<アノテーション、下流分析に必要な機能を多数搭載>

10X Visium、NanoString GeoMxをサポートしています。

- Louvain clustering
- Marker genes
- Composition chart
- Differential expression
- AUCell enrichment

<複数スライドデータを1か所に>

複数の画像を1枚のスライドにまとめて解析することでサンプル横断的な分析が可能です。例えば、複数のスライドを並べてDifferential expressionなどの解析を行うことができます。



複数画像を1つの仮想スライドにマージ。

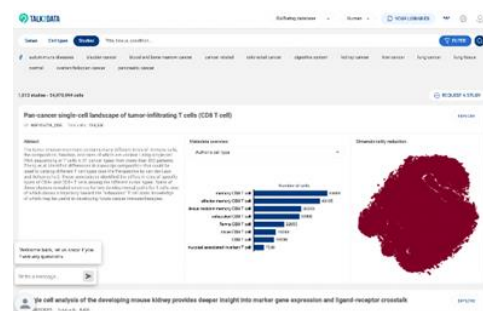
Talk2Data - 公開されたシングルセル研究データの閲覧・再解析

<シングルセル研究パブリックデータの閲覧・再解析>

メーカーの収集したシングルセル研究データセットを使用して単一または複数の遺伝子発現を検索し、異なるクラスターでどの様に発現したかを再解析することができます。著者の論文をもとにすでにアノテーション付けされているのでスムーズに解析に移行できます。

<遺伝子および細胞種の検索>

メーカーのデータベース全体にわたるリアルタイムの遺伝子クエリ、共発現解析、および細胞種特異的遺伝子マーカーに関する情報を閲覧できます。シングルセルRNA-seq情報の辞書引きのような機能です。





概要

Omics Playground は、クラウドベースのソフトウェアで、コマンドの知識なしに各種オミックスデータの解析が可能です。本ソフトウェアは、マイクロアレイ、RNA-Seq、シングルセル RNA-Seq などの各種トランスクリプトミクスデータおよびプロテオミクスデータに対応しています。

簡単な操作で、洗練されたアルゴリズムに基づく100以上の高品質なプロットを生成し、重要な遺伝子や遺伝子セットを浮き彫りにすることが可能です。

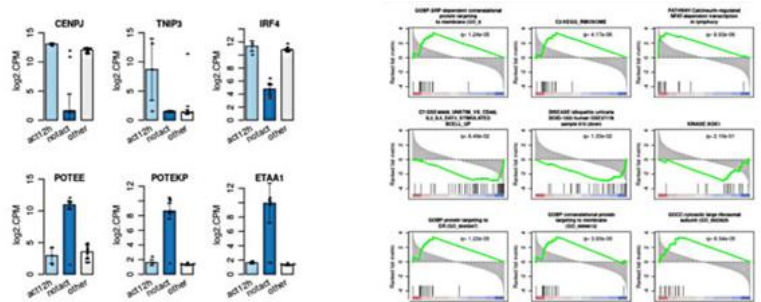


主な機能

発現解析、遺伝子セットエンリッチメント解析 (GSEA)

遺伝子発現解析では、複数の統計的手法に基づいて、確実に発現変動が起きている遺伝子を評価できます。

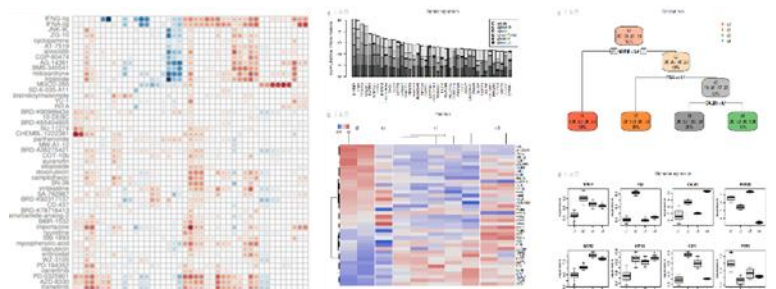
また、GSEAでは、50,000以上の遺伝子セットが参照可能なのに加え、メーカーオリジナルの遺伝子セット、ユーザー自身で定義した遺伝子セットが利用可能です。



バイオマーカー分析、CMap解析

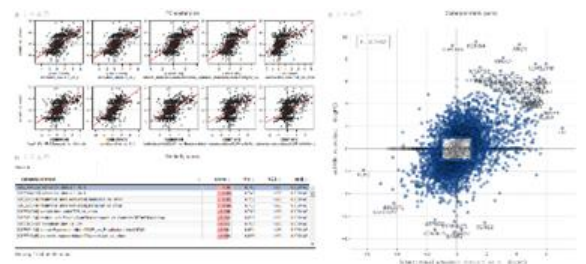
最先端の機械学習アルゴリズムにより、手持ちの結果と関連が深い遺伝子や遺伝子セットを抽出できます。

CMap解析により、ご自身のサンプルの遺伝子発現パターンと類似、もしくは反対の発現パターンをもたらす薬剤を探したり、新しい化合物の作用機序を予測したり、関連するパスウェイを予測したりすることが可能です。



公共の実験データとの比較

ご自身の実験における遺伝子発現プロファイルを6,000以上の公共実験データ(GSE)における遺伝子発現プロファイルと比較することが可能です。本ツールにより、両者で共通して発現上昇/発現下降している遺伝子をピックアップすることができます。



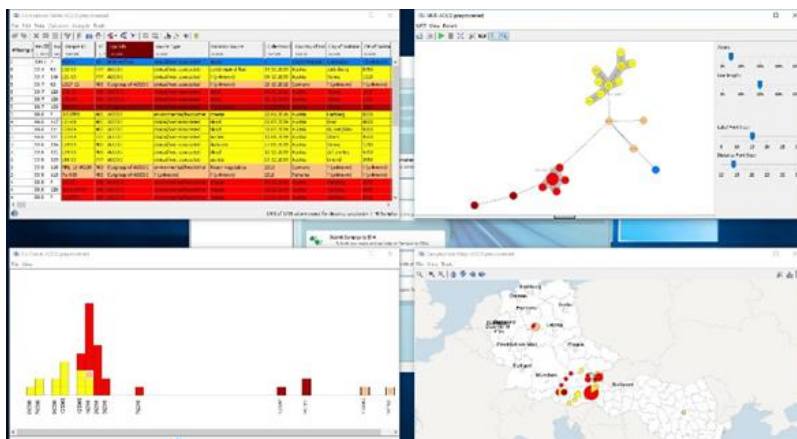
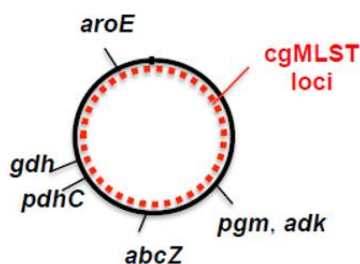
トライアル

本製品のトライアルが可能です。詳しくは弊社までご連絡下さい。 ※トライアルではアップロードするデータのサイズに制限がございます。



概要

Ridom SeqSphere+は、細菌および新型コロナウイルスなどの微生物ゲノム解析用ソフトウェアです。サンガーシーケンサーまたは次世代シーケンサーより得られたDNA配列データを用いて、cgMLST法による病原菌のタイピングや新型コロナウイルスの変異株検出、遺伝型データによる系統樹作成などをサポートし、微生物ゲノム解析による疫学研究を強力にサポートします。



主な機能

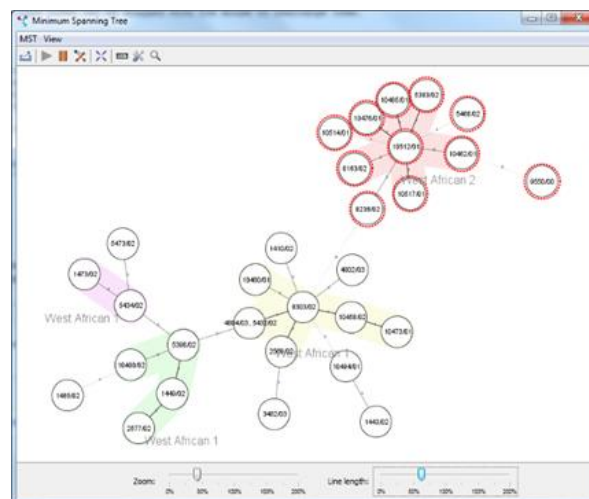
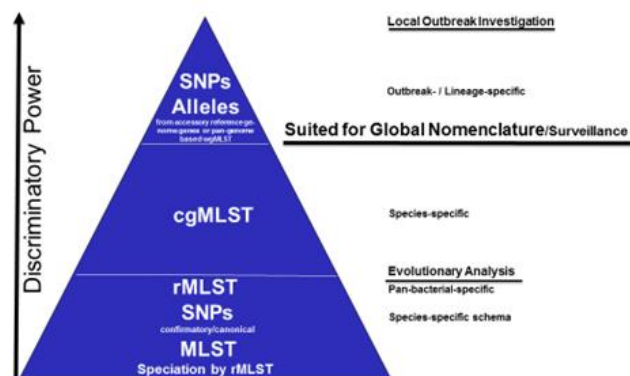
cgMLST法による細菌タイピング

従来、一般的な微生物のタイピング方法として、5~7個のハウスキーピング遺伝子を用いたMLST法などが用いられてきましたが、次世代シーケンサーの登場により、生物種内で保存されているゲノムワイドの遺伝子セットであるコアゲノム情報を用いた core genome MLST法(cgMLST法)が用いられるようになりました。

Ridom SeqSphere+では、体系的に収集されたcgMLSTスキーマを用いることで、従来のMLST法より高い識別力で細菌タイピングを行うことが可能です。また、ソフトウェアに組み込まれているシーケンズ解析ワークフローと組み合わせることで、多剤耐性菌のルーチン業務としてのサーベイランス調査などに用いることができます。

細菌の特徴解析

公共データベースまたはcgMLSTの遺伝型スキーマを利用し、全ゲノムシーケンズにおけるコアゲノムまたはアクセサリゲノムのSNPやアレルタイピング結果より細菌を自動的に分類します。またNCBI AMRFinderを用いた薬剤耐性予測、Virulence Factor Database (VFDB; 医学的に重要な54菌種)による病原性プロファイリング解析に対応し、*E. coli*と*L. monocytogenes*の血清型決定も可能です。



疫学解析ツール

ビルドインのGISやepi-curve、Minimum Spanning Treeなどの系統樹機能を用いて、地理、時間、人間といった様々な種類のデータのグラフ表示が可能です。各グラフはそれぞれがリンクしており、またSVGやEMFといったフォーマットでエクスポートが可能です。ツリーの色やトポロジー、比較テーブル上での選択サンプルなどのスナップショットを保存することもできます。流行株特異的PCRスクリーニングアッセイのデザインのために、グループ特異的SNPの検索なども可能です。



概要

GeneFirst社は、特許取得済みの新しいテクノロジーATOMSeqを使用し、cfDNAなどを対象とした次世代シーケンス用のライブラリー調製キットを販売しています。その他にもがん関連のマルチプレックス変異検出を目的としたリアルタイムPCRベースのキットも販売中です。リアルタイムPCRベースのキットに関しては弊社HPからご確認いただけます。

独自の技術 (特許取得)

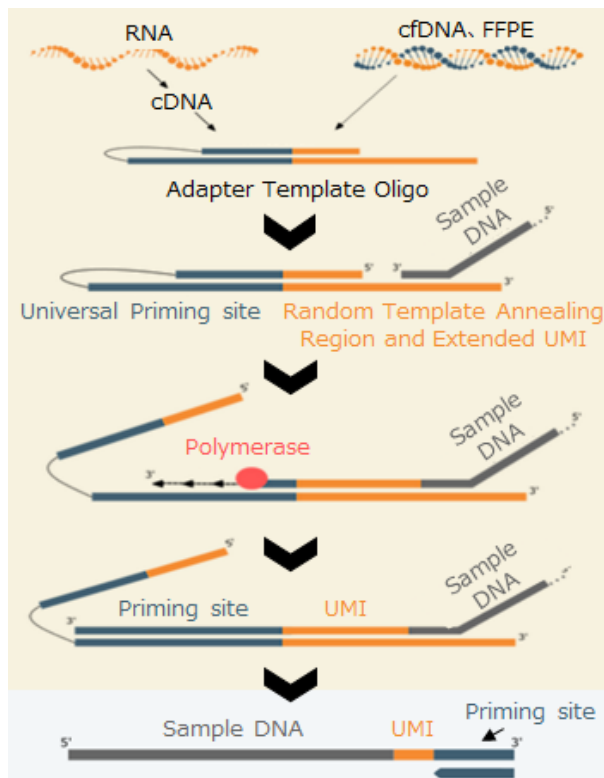
Adaptor Template Oligo Mediated Sequencing (ATOMSeq®)

ATOMSeq®はPCRやライゲーションに依存しないアプローチを使用して、非常に高い効率でDNAサンプルに直接ユニークな分子識別子(UMI)を追加することができます。

特長

- リキッドバイオプシーにおいて超高感度で変異検出が可能
- ビーズ精製が少なく済むため高いサンプル保持力を実現
- センス鎖とアンチセンス鎖を独立してターゲットとするため、変異解析の感度と信頼性が向上
- すべてのDNA鎖をターゲットとするため、未知DNAの検出が可能
- UMI追加時のポリメラーゼによるバイアスを回避
- UMIによりエラー修正可能でありインデックスホッピングを回避

ATOMSeqテクノロジーについて



サンプルDNAまたはRNAから合成されたcDNAをAdapter Template Oligo (ATO)と混ぜ合わせます。

サンプルDNAはATOの3'末端にアニーリングします。

アニーリング後、ポリメラーゼはATO配列をテンプレートとして使用して、サンプルDNA分子を伸長します。

Unique Molecular Identifier (UMI)とユニバーサルプライミングサイトの両方をサンプルDNA分子に組み込みます。

UMIとユニバーサルプライミングサイトを組み込んだ配列をテンプレートとしてライブラリーの調製をします。

Targeted cfDNA
高感度ながんパネル
Allele Frequency: 0.1%

P.38へ

Targeted RNA
既知、未知融合遺伝子の検出
が可能ながんパネル

P.39へ

Whole Genome
cfDNA,断片化DNAなどの
全ゲノムシーケンス

P.40へ

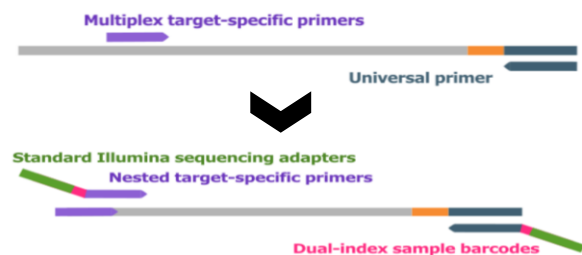


製品仕様

XCeloSeq Targeted cfDNA Enrichment Kit

本キットは、優れた性能を有するリキッドバイオシーベースの腫瘍プロファイリングアッセイです。リキッドバイオシーサンプルやFFPEサンプルから高品質のシーケンスライブラリーを調製可能です。ATOMseqテクノロジーを用いて調製されたシーケンスライブラリーには固有の分子識別子(UMI)が組み込まれ、シーケンスエラーを回避するため、高感度な解析が可能です。また、XCeloSeq UDI Setを使用してセンス鎖とアンチセンス鎖を独立して解析することができます。

<UMIとユニバーサルプライミングサイトを組み込んだ後のライブラリー調製のワークフロー>



マルチプレックスターゲット特異的プライマーは、ATO反応によって追加されたプライミングサイトに結合するユニバーサルプライマーとペアになっています。これらはPCRによってがん関連の変異遺伝子の特異的に増幅します。

デュアルインデックスサンプルバーコード(i5およびi7)が組み込まれ、Illumina社の次世代シーケンサー用のライブラリーが調製されます。
※ XCeloSeq UDI Setが別途必要です。

ピックアップ - XCeloSeq Pan Cancer cfDNA Kit (品番: SEQ002)

570を超える領域をターゲットにすることで、100遺伝子にわたって4000を超える変異を検出できるように設計されたがんパネルです。ATOMseqテクノロジーを使用してUMIを追加しているため、20ngのDNAで0.1%のAllele Frequency (AF)検出につながる高いキャプチャ効率を有します。

ターゲット遺伝子リスト

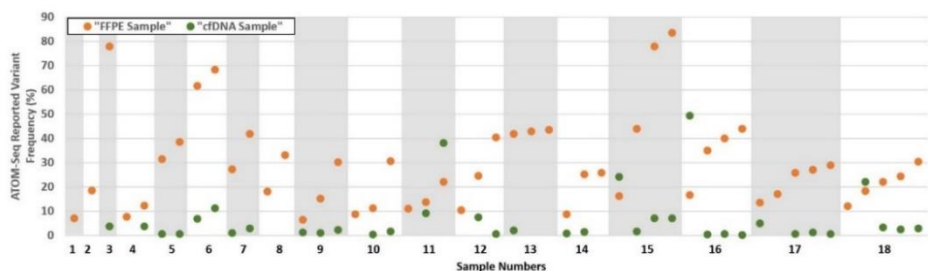
ABL1	AKT1	ALK	AMER1	APC	AR	ARAF	ARID1A	ATM	BRAF	BRCA1
BRCA2	CASP8	CCND1	CCND2	CCND3	CDH1	CDK4	CDK6	CDKN2A	CHEK2	CSF1R
CTNNB1	DDR2	DMD	EGFR	EP300	ERBB2	ERBB3	ERBB4	ESR1	EZH2	FBXW7
FGFR1	FGFR2	FGFR3	FGFR4	FLT3	GATA3	GNA11	GNAQ	GNAS	HNF1A	HRAS
IDH1	IDH2	JAK2	JAK3	KDM6A	KDR	KEAP1	KIT	KLF5	KRAS	MAP2K1
MAP2K2	MET	MGA	MLH1	MPL	MSH2	MSH6	MTOR	MYC	NF1	NFE2L2
NOTCH1	NPM1	NRAS	NTRK1	NTRK3	PDGFRA	PIK3CA	PTCH1	PTEN	PTPN11	RAF1
RBM10	RET	RHOA	RIT1	RNF43	ROS1	SETD2	SF3B1	SMAD2	SMAD4	SMARCA4
SMARCB1	SMO	SRC	STK11	TCF7L2	TP53*	TSC1	TSC2	UA2F1	VHL	ZFP36L2

*全コーディング領域

肺がんのFFPEとcfDNAをサンプルとして用いた臨床試験

18の肺がんFFPEおよびcfDNAサンプルを用いて臨床試験をした結果です。15サンプル(83%)はcfDNAサンプルと一致する変異が確認できました。この結果は、希少なリキッドバイオシーサンプルを用いた場合のATOM-Seqのパフォーマンスの高さを示しています。

	FFPE	cfDNA
変異数	49	37
AF(%)	6.38-83.3	0.13-49.1



製品ラインアップ

製品名	サイズ	品番	製品名	サイズ	品番
XCeloSeq Pan Cancer Kit	8 反応分	SEQ002	XCeloSeq Lung Cancer cfDNA Kit	8 反応分	SEQ010
XCeloSeq Colon Cancer cfDNA Kit	8 反応分	SEQ009	XCeloSeq Breast Cancer cfDNA Kit	8 反応分	SEQ011

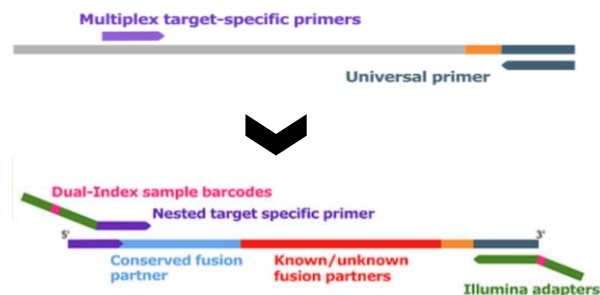


製品仕様

XCeloSeq Targeted RNA Enrichment Kits

本キットは、優れた性能を有する腫瘍プロファイリングアッセイであり、FFPEサンプルからがん関連の融合遺伝子を検出するための高品質のシーケンスライブラリーを調製可能です。ATOMseqテクノロジーを用いて調製されたシーケンスライブラリーには固有の分子識別子(UMI)が組み込まれているため、シーケンエラーを回避し、既知および未知の融合遺伝子の解析を高感度に行うことができます。

<UMIとユニバーサルプライミングサイトを組み込んだ後のライブラリー調製のワークフロー>



マルチプレックスターゲット特異的プライマーは、ATO反応によって追加されたプライミングサイトに結合するユニバーサルプライマーとペアになっています。単一のターゲット特異的プライマーのみを使用することにより、既知および未知の融合遺伝子を増幅します。

デュアルインデックスサンプルバーコード(i5およびi7)が組み込まれ、Illumina社の次世代シーケンサー用のライブラリーが調製されます。

※ XCeloSeq UDI Setが別途必要です。

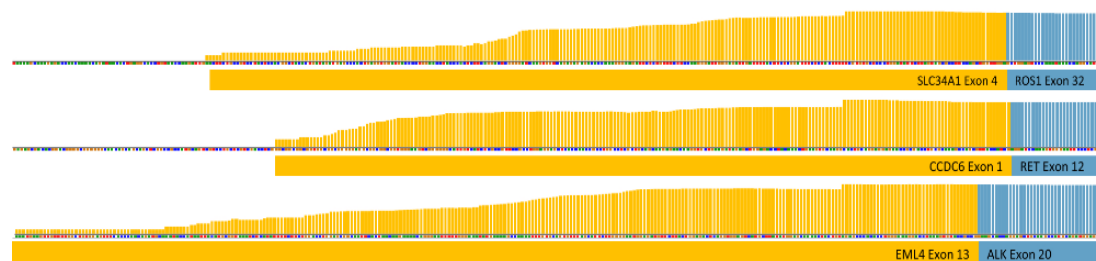
ピックアップ - XCeloSeq Fusion Research Kit (品番: SEQ007)

448の特異的プライマーにより、74遺伝子にわたって既知および未知の融合遺伝子を検出できる様に設計されたがんパネルです。ATOMseqテクノロジーにより、高感度での解析が可能となっています。推奨されるDNAサンプル量はFFPE RNAで5-200ng、高品質RNAで5-100ngです。

ターゲット遺伝子リスト

ABL1	ABL2	AKT1	AKT2	AKT3	ALK	ARHGAP26	AXL	BRAF	BRD3
BRD4	CRLF2	CSF1R	EGFR	EPOR	ERBB2	ERBB4	ERG	ESR1	ESRRA
ETV1	ETV4	ETV5	ETV6	EWSR1	FGFR1	FGFR2	FGFR3	FGR	IL2RB
INSR	JAK1	JAK2	JAK3	KIT	MAML2	MAST1	MAST2	MET	MSMB
MUSK	MYB	MYC	NOTCH1	NOTCH2	NRG1	NTRK1	NTRK2	NTRK3	NUMBL
NUT	PDGFRA	PDGFRB	PIK3CA	PKN1	PPARG	PRKCA	PRKCB	PTK2B	RAF1
RARA	RELA	RET	ROS1	RSPO2	RSPO3	SYK	TERT	TFE3	TFEB
THADA	TMPRSS2	TSLP	TYK2						

既知融合遺伝子の解析例



▲ SLC34A2-ROS1、CCDC6-RETおよびEML4-ALK融合遺伝子サンプルを用いて試験した結果

製品ラインナップ

製品名	サイズ	品番	製品名	サイズ	品番
XCeloSeq Fusion Research Kit	8 反応分	SEQ007	XCeloSeq Sarcoma Fusion Kit	8 反応分	SEQ014
XCeloSeq Lung Cancer Fusion Kit	8 反応分	SEQ008	XCeloSeq Myeloid Fusion Kit	8 反応分	SEQ017
XCeloSeq Solid Cancer Fusion Kit	8 反応分	SEQ012	XCeloSeq Lymphoma Fusion Kit	8 反応分	SEQ018

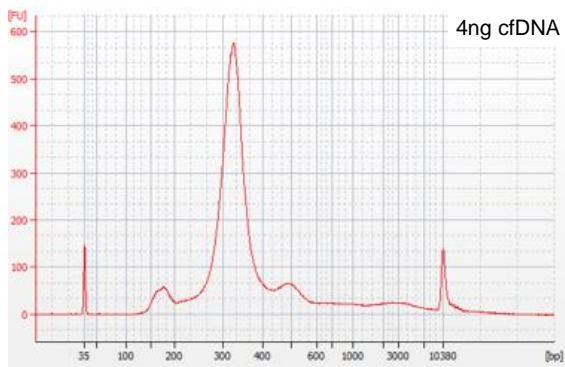


製品仕様

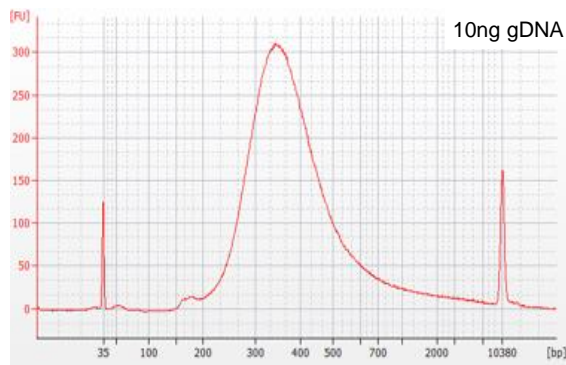
XCeloSeq cfDNA Library Prep Kit

cfDNA、酵素で断片化されたgDNA、FFPE由来DNAなどを用いた高品質なライブラリーを生成することが可能であり、サンプル中の一本鎖と二本鎖DNAを網羅的に解析することが可能です。ATOMseqテクノロジーを用いて調製されたシーケンスライブラリーにはUMIが組み込まれているため、シーケンスエラーを回避し、全ゲノムシーケンスを高感度に行うことができます。20 bpの短いDNAを検出することも可能です。

ライブラリー調製後のDNAフラグメント解析の結果



使用したサンプル：
ヒト血漿から抽出した4ng cfDNA



使用したサンプル：
酵素により200～300bpに断片化した10ng gDNA

XCeloSeq UDI Set for illumina

本キットは、複数のサンプルの同時解析を可能にするユニークデュアルインデックス(UDI)のプライマーセットです。1セットには8種のUDIが含まれており、それぞれ8反応分含まれます。12セットご用意がございますので、最大96サンプルを同時に解析していただけます。サンプル数や同時解析数に応じて、個別にご購入頂けます。

各ライブラリー調製キットを使用する際に必要な他の試薬

- AMPure® XP 磁気ビーズ
- 100%エタノール (分子生物学グレード)
- 検体採取、ろ過、核酸抽出用の試薬
- XCeloSeq Indexing Kits (複数のサンプルを同時に解析する場合)

製品ラインアップ

製品名	サイズ	品番
XCeloSeq cfDNA Library Prep Kit	8 反応分	SEQ001
XCeloSeq UDI Set for illumina	8 UDI、各8反応分	お求めのUDIセットにより異なります。



概要

Paragon Genomics社は、優れたプライマー設計と独自のCleanPlex®バックグラウンド除去技術を用いることで、高いカバレッジの均一性、オンターゲット率を誇り、少ないシーケンスコストで非常に感度の高い解析を行うことが可能なライブラリー調製キットを取り扱っています。本製品は、がん研究、リキッドバイオプシー、バイオマーカーの発見、コンパニオン診断、免疫療法モニタリングなど、幅広い目的でご使用いただけます。また、この技術を用いたカスタムパネルの設計についても行っているため、確実にニーズに応えることが可能です。

独自の技術 (特許取得)

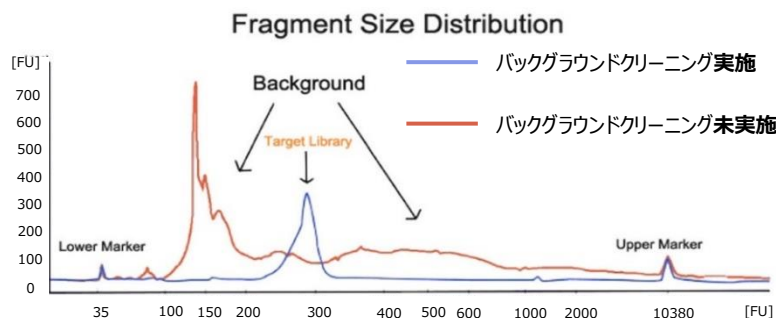
CleanPlex® background-removing technologyによる非標的DNAの除去

特長

- 高い増幅の均一性と低いPCRバックグラウンドノイズ、正確なバリエーションコール
- 扱いが難しいサンプル(劣化したFFPE、cfDNA)との互換性あり、単一チューブおよび3時間のワークフロー
- カスタムパネル作成可能 (DNA・RNAパネル、400以上の実績) https://filgen.jp/Product/Bioscience4/Paragon_Genomics/index2.html

バックグラウンドクリーニングによる高いシーケンスパフォーマンス

本キットはシャープでクリーンなライブラリーピークが取得でき、低コストで高感度の解析が可能です。



製品仕様

CleanPlex® Mitochondrial Disease Panel

本パネルは、ヒトミトコンドリアゲノム全体の変異を評価するために設計された、マルチプレックスPCRベースのターゲットリシーケンスアッセイです。約17kbのミトコンドリアゲノムの37遺伝子すべてをターゲットにし、完全にカバーしているため、重要な変異の同定が可能です。高品質のゲノムDNAを2ngを使用して、高いオンターゲット率と均一性の高いカバレッジデータを得ることができます。

ターゲット遺伝子リスト

MT-ATP6	MT-ND3	MT-TC	MT-TL1	MT-TL1	MT-TS2	MT-CO3	MT-ND6	MT-TG	MT-TP	MT-TY
MT-ATP8	MT-ND4	MT-TD	MT-TL2	MT-TL2	MT-TT	MT-CY8	MT-RNR1	MT-TH	MT-TQ	
MT-CO1	MT-ND4L	MT-TE	MT-TM	MT-TM	MT-TV	MT-ND1	MT-RNR2	MT-TI	MT-TR	
MT-CO2	MT-ND5	ME-TF	MT-TN	MT-TN	MT-TW	MT-ND2	MT-TA	MT-TK	MT-TS1	

CleanPlex® CFTR Panel

本パネルは、嚢胞性線維症膜コンダクタンス制御因子(CFTR)遺伝子全体の生殖細胞変異体の評価が可能です。CFTRのすべてのエクソン領域と隣接するイントロン配列をターゲットとしています。わずか10ngのDNAを使用して、高いオンターゲット率と均一性が高いカバレッジデータを得ることができ、新規または既知の変異を検出することが可能です。

製品ラインアップ

製品名(illumina用)	品番 (8 反応分)	品番(96 反応分)
CleanPlex® Mitochondrial Disease Panel	916062	916063
CleanPlex® CFTR Panel	916116	916117

※ CleanPlex Indexed PCR PrimersとMagnetic Beadsは別途ご購入いただく必要があります。



製品仕様

CleanPlex® OncoZoom Cancer Hotspot Panel

本パネルは、65の発がん遺伝子と腫瘍抑制遺伝子の2,900以上のホットスポットをターゲットに設定し、領域全体の体細胞変異を検出することが可能です。わずか10pgのDNA量で、高いオンターゲット率と均一性の高いカバレッジデータを得ることができ、体細胞変異を1%の頻度まで検出可能です。FFPE組織から単離されたDNAなどの分解サンプルにも対応しています。

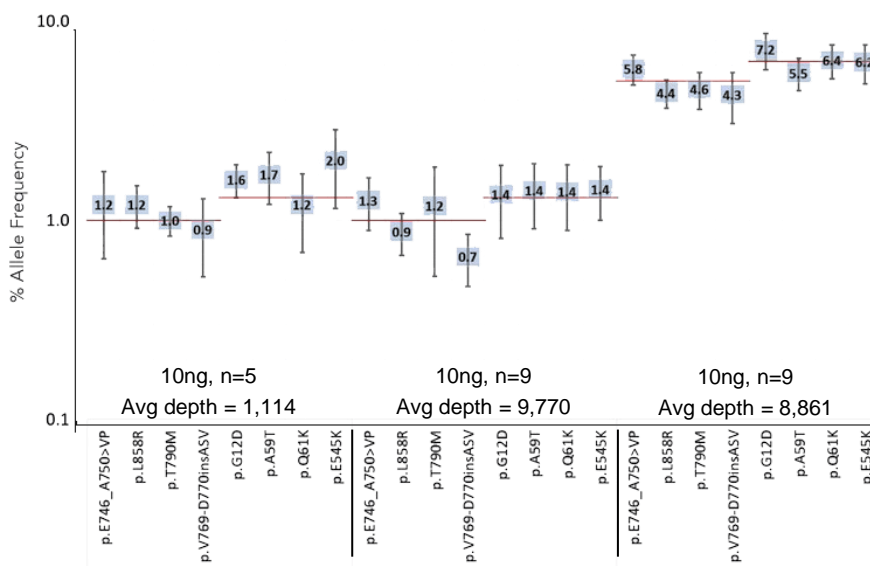
ターゲット遺伝子リスト

ABL1	BRCA2	EGFR	FGFR2	HNF1A	KIT	MTOR	PIK3CA	SMAD4	TSC1
AKT1	CDH1	ERBB2	FGFR3	HRAS	KRAS	NF1	PIK3R1	SMARCB1	VHL
ALK	CDKN2A	ERBB3	FLT	IDH1	MAP2K1	NF2	PTCH1	SMO	
APC	CSF1R	ERBB4	FOXL2	IDH2	MET	NOTCH1	PTEN	SRC	
ATM	CTNNB1	EZH2	GNA11	JAK2	MLH1	NPM1	PTPN11	STK11	
BRAF	DDR2	FBXW7	GNAQ	JAK3	MPL	NRAS	RB1	TERT	
BRCA1	DNMT3A	FGFR1	GNAS	KDR	MSH6	PDGFRA	RET	TP53	

<高い信頼性でバリエーションを検出可能>

下図は、10ngのHorizonDiscovery HD780 cfDNAリファレンススタンダードを使用して調製され、アンプリコンあたり約1,100~9,800リードの平均深度までシーケンスした時の各対立遺伝子の検出頻度の結果です。予想される頻度に対して高い精度でバリエーションを一貫して検出したことを示しています(赤い線: 8つの既知の変異対立遺伝子頻度、数値: 各対立遺伝子の検出頻度の平均)。

少ないシーケンスコストで高い精度の対立遺伝子の検出頻度



CleanPlex® TP53 Panel

本パネルは、TP53遺伝子全体の体細胞および生殖細胞変異の評価をするために設計された、マルチプレックスPCRベースのターゲットリシーケンスアッセイです。TP53のすべてのエクソン領域と隣接するイントロン配列をターゲットとしています。わずか20ngのDNAを使用して、変異体対立遺伝子頻度が1%と低い体細胞変異を検出することが可能です。

製品ラインアップ

製品名(illumina用)	品番 (8 反応分)	品番(96 反応分)
CleanPlex® OncoZoom Cancer Hotspot Panel	916001	916002
CleanPlex® TP53 Panel	916008	916009

※ CleanPlex Indexed PCR PrimersとMagnetic Beadsは別途ご購入いただく必要があります。





製品仕様

CleanPlex® Hereditary Cancer Panel v2

本パネルは、遺伝性がんの発症リスクの増加に関連する遺伝子を分析するために設計されています。関連するがんには、乳がん、卵巣がん、子宮がん、皮膚がん、前立腺がん、胃がん、結腸直腸がん、膵臓がんなどが含まれます。パネルは、37の遺伝子の一塩基変異および短い挿入や欠失など様々な変異を検出することが可能です。

ターゲット遺伝子リスト

APC	BRIP1	MEN1	PALB2	RNF139	ATM	CDH1	MITF	PMS2	SMAD4
BAP1	CDK4	MLH1	POLD1	STK11	BARD1	CDKN2A	MRE11A	POLE	TP53
BLM	CHEK2	MSH2	PTEN	XRCC2	BMPR1A	EPCAM	RAD51D	RAD50	RAD51C
BRCA1	BRCA2	FAM175A	MUTYH	MSH6	GREM1	NBN			

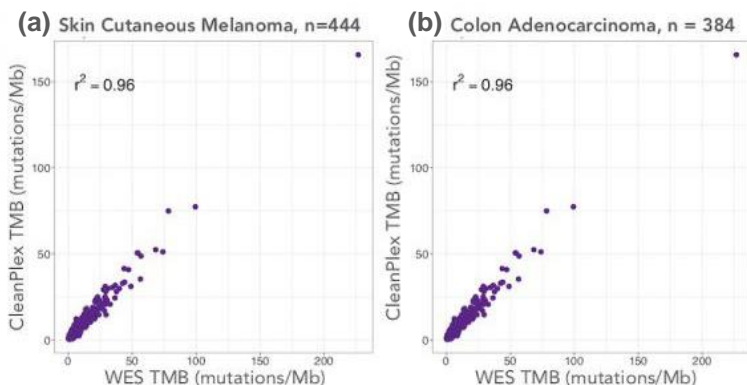
※ Target Type : Exon Coding Sequence (CDS)

CleanPlex® TMB 500 Panel

本パネルは、腫瘍変異負荷(tumor mutational burden)およびがんプロファイリングの迅速かつ正確な評価を可能とします。主要な固形腫瘍の516の遺伝子をターゲットとしており、一塩基変異および短い挿入や欠失の両方を検出します。わずか20ngのFFPE DNA または血液サンプルの高品质gDNAを使用し、豊富なターゲット遺伝子のライブラリーを構築します。

<全エクソームシーケンスとの相関>

全エクソームシーケンスとの相関は96%以上!!



Cancer Genome Atlasのデータを使用して、本パネルと全エクソームシーケンスで検出された体細胞変異数の相関を比較しました。

- (a) 皮膚悪性腫瘍 (n=444)
- (b) 結腸直腸腺がん (n=384)

その他のアッセイキット

このほか、BRCA1とBRCA2遺伝子全体にわたる体細胞・生殖細胞変異の評価できるキットもご用意しています。

製品ラインナップ

製品名(illumina用)	品番 (8 反応分)	品番(96 反応分)
CleanPlex® Hereditary Cancer Panel v2	916114	916113
CleanPlex® TMB 500 Panel	916073	916074
CleanPlex® BRCA1 & BRCA2 Panel v3	916112	916113

なお、各パネルにはIndexed PCR PrimerとMagnetic Beadsが含まれておりませんので別途ご購入いただく必要があります。

製品名	容量	品番
CleanPlex® Dual Indexed PCR Primers	9 反応分	716021
	96 反応分	716006
CleanMag® Magnetic Beads ※	1 ml, 9 反応分	718001
	60 ml, 540 反応分	718003

※ CleanMag Magnetic BeadsはAMPure™ XP Kit (Beckman Coulter)を代替品としてご使用いただけます。



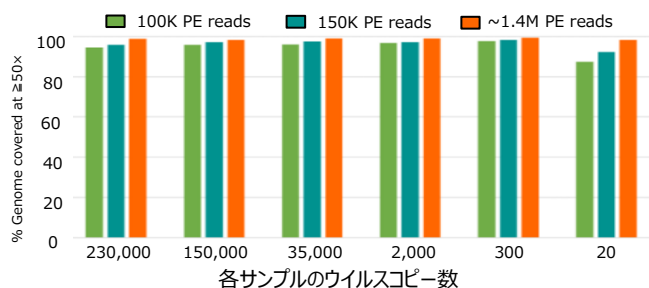
Paragon Genomics社製 新型コロナウイルスパネル

CleanPlex® SARS-CoV-2 Panel

<ゲノムカバレッジに関するテストデータ>

本パネルは、illumina、MGIに対応しているNGSパネルであり、SARS-CoV-2完全ゲノム配列決定を可能にします。

CleanPlex background-removing technologyにより低ウイルスコピー、低シーケンス深度の条件であっても卓越した感度で解析が可能のため、コストの大幅な削減につながります。



サイズ	8 反応分	96 反応分
品番	918305	918304

SARS-CoV-2 Emerging Variants Panel Add-on v2

本製品は、Omicron、Delta、Mu、Beta、Alphaやその他のサブ系統のカバレッジ強化を目的とした変異検出用の追加のプライマーセットです。上記パネルと組み合わせてご使用いただくことで、新規変異株やサブ系統のより強力な変異検出が可能となります。

サイズ	8 反応分	96 反応分
品番	918022	918023

各パネルにはIndexed PCR PrimerとMagnetic Beadsが含まれておりませんので別途購入が必要です。

Vircell社製 新型コロナウイルス全ゲノムコントロール

AMPLIRUN® SARS-CoV-2 RNA CONTROL

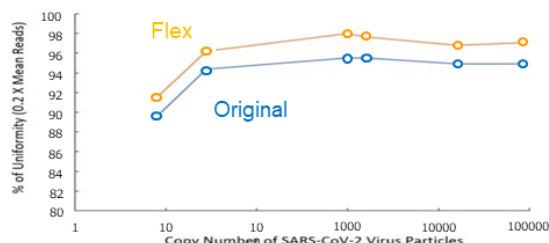
本製品は培養されたSARS-CoV-2ウイルス粒子から精製された非感染性の完全ゲノムを含む定量化されたポジティブコントロールです。リアルタイムPCRやNGS解析等のポジティブコントロールとしてご利用いただけます。SARS-CoV-2以外にも100種類を超える感染症病原体の全ゲノムコントロールをラインアップしています。

製品名	品番
AMPLIRUN® SARS-CoV-2 RNA CONTROL	MBC137-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2 B.1.1.7 RNA CONTROL	MBC138-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2 B.1.351 RNA CONTROL	MBC139-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2 P.1 RNA CONTROL	MBC140-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2 DELTA (B.1.617.2) RNA CONTROL	MBC141-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2OMICRON RNA CONTROL	MBC143-R
AMPLIRUN® SARS-CoV-2OMICRON BA.2 RNA CONTROL	MBC145-R



CleanPlex® SARS-CoV-2 FLEX Panel

多型領域の縮重プライマーを採用、通常品では若干増幅効率が低くなる変異株のカバレッジが改善することが可能です。



▲通常品とFLEXパネルの均一性を比較した結果

サイズ	8 反応分	96 反応分
品番	918013	918014

CleanPlex® Respiratory Virus Research Panel v2

SARS-CoV-2変異解析とインフルエンザウイルスやRSVの検出を同時に行うことが可能です。各ウイルスのターゲット領域は下記表からご確認ください。

ウイルス	ターゲット領域
SARS-CoV-2	完全ゲノム配列(ゲノム末端の92 bpを除く)
Influenza A H1N1	HA, M1, NA, NP, NS1, PA, PB1, PB2
Influenza A H1N2	HA, M1, M2, NA, NP, NS1, PB1, PB2
Influenza A H3N2	HA, M1, M2, NA, NP, NS1, PA, PB1, PB2
Influenza B	HA, M1, NA, NS1, PB1, PB2
RSV A	G, F, M, N, NS1, NS2, L, SH, M2-1
RSV B	G, F, M, N, NS1, NS2, P, L, SH, M2-1
Human RNA Primer Control	TBP (House Keeping Gene)

サイズ	8 反応分	96 反応分
品番	918305	918304



概要

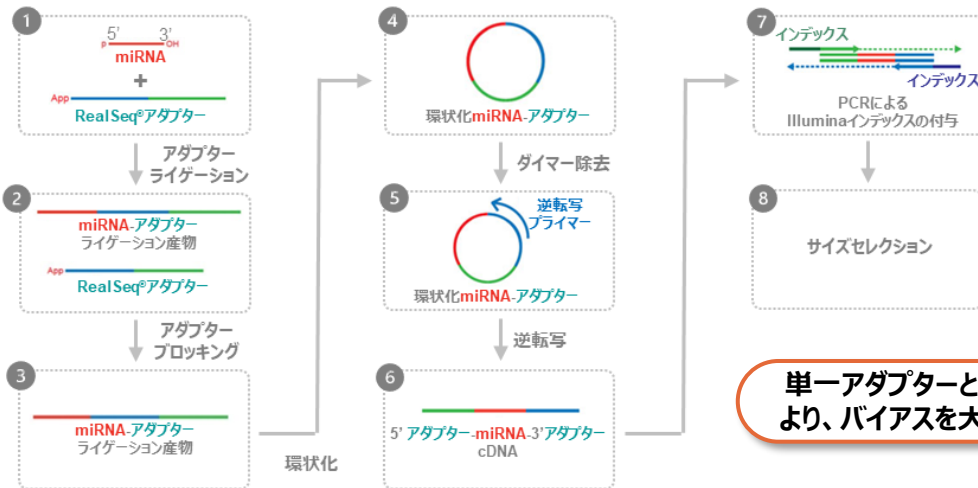
RealSeq Biosciences社は、次世代シーケンス解析用のsmall RNAライブラリーを調製する段階におけるバイアスを最小限に抑える独自の技術を開発しました。多くのmiRNAの検出不足につながる、シーケンスライブラリー調製時のアダプターライゲーションによるバイアスの問題を解決します。本キットと他社製品を比較したシーケンスバイアスに関する文献も掲載されています。

独自の技術 (特許取得) 3'および5'末端にアダプターを追加する際のバイアスを大幅に減少させる環状化ライゲーション法



特長

- empty adapter/adaptor dimer をほとんど形成しないため、1ngの低量RNAでライブラリーをゲルフリーで精製可能
- miRNAシーケンスバイアスを大幅に削減し、生体サンプル中の多種多様なmiRNAやその他の低分子RNAの検出が可能
- 検出の精度が高いため、堅牢なmiRNAの定量が可能

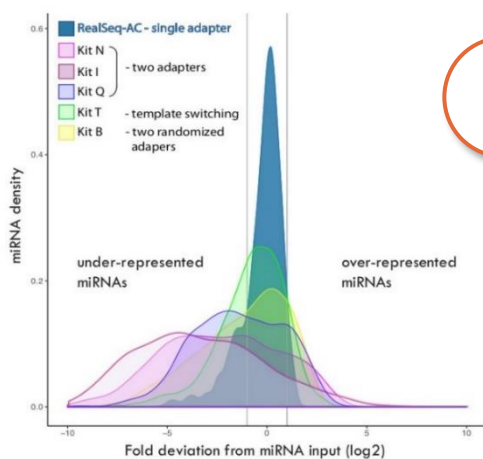


単一アダプターとの環状化ライゲーション法により、バイアスを大幅に減少させることが可能!!

製品仕様

本キットを用いることで、細胞や組織中のmiRNAサンプル(1ng-1000ng total RNA input)から最低限のバイアスでillumina社の次世代シーケンサーに対応したライブラリーを調製可能です。下図は、6つの異なる市販のライブラリー調製キットとシーケンスバイアスを比較した結果を示しており、リアルタイムPCRの定量結果と比較してもRealSeq®-AC miRNA Library Kitが最も高い相関を示していることが分かります。

組織/細胞内 miRNA



バイアスが大幅に低く、検出miRNAの71.8%を正確に定量可能!!

他キットとのシーケンスバイアスを比較した文献はこちらからご確認ください。
<https://filgen.jp/Product/Bioscience4/RealSeq/index.htm#1>

キット内容 ※Magnetic Beadsは別途購入が必要です。

Adapter ligation Set
Adapter blocking Set
Circularization Set
Dimer removal Agent
Reverse transcription Set
Index PCR Set
RNase-Free Water
miRNA Control

製品名	品番 (12 反応分)	品番 (48 反応分)
RealSeq®-AC miRNA Library Kit	500-00012	500-00048
RealSeq®-AC size select beads ※AMPure™ XP Kit (Beckman Coulter)で代替可能です。	510-00012	510-00048



製品仕様

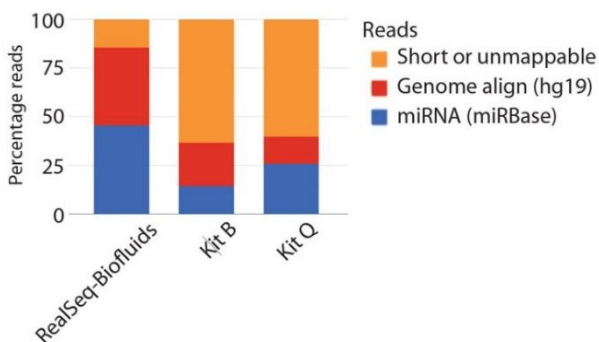
血漿などの生体液中のcf-miRNAをゲルフリーのプロトコルで正確かつ高感度な定量が可能なNGS(illumine)用ライブラリー調製キットです。



3つの異なるライブラリー調製キットを使用した血漿miRNAのプロファイリングの結果

200µLの血漿サンプルから抽出したRNAを使用して、3つのライブラリー調製のキットで検出されたmiRNAの性質ごとの割合を比較しました。すべてのヒトmiRNAを含むデータベース(miRBase)を使用してアラインされ、アラインされないリードは、さらにヒトゲノムデータベース(hg19)にアラインしました。

他キットと比較して多くの割合のRNAを同定可能!!



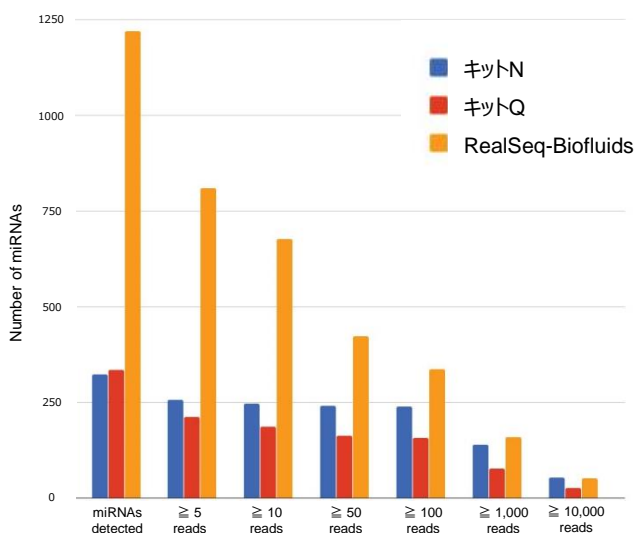
キット内容

- Adapter ligation Set
- Adapter blocking Set
- Circularization Set
- Dimer removal Agent
- Reverse transcription Set
- Index PCR Set
- Size select Beads
- HY4 Removal Agent
- RNase-Free Water
- miRNA Control

各製品の異なるカバレッジで検出されたmiRNA数とmiRNAリードの比率の比較

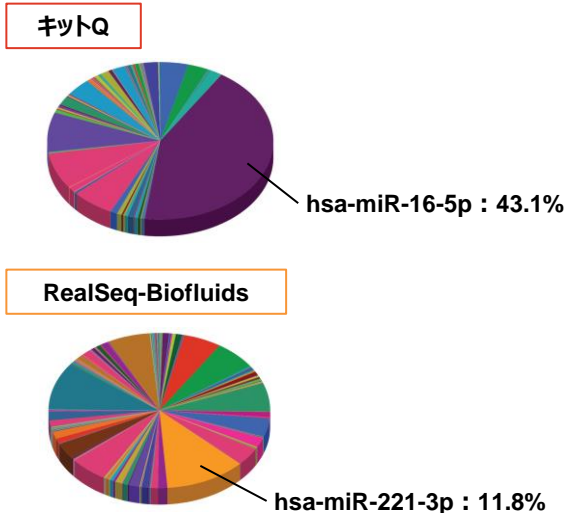
200µLの血漿サンプルを使用して、3つの異なるライブラリー調製キットでシーケン斯拉イブラリーを調製しました。シーケンシングカバレッジを正規化するために、リードは1,000万リードにサブサンプリングされ、シーケンシングリードはmiRBaseデータベースにアラインされました。

<各キットの異なるカバレッジで検出されたmiRNA数>



本キットを使用した場合、はるかに多い種類のmiRNAのシーケンスが可能であり、特にコピー数の少ないmiRNAでは顕著です。

<キットQと本製品で検出されたmiRNAリードのパーセンテージ>



サンプルを支配するmiRNAの割合から本キットを使用することでバイアスが少なく解析を可能にすることがわかります。

製品名	品番 (12 反応分)	品番(48 反応分)
RealSeq®-Biofluids Plasma/Serum miRNA Library Kit	600-00012	600-00048



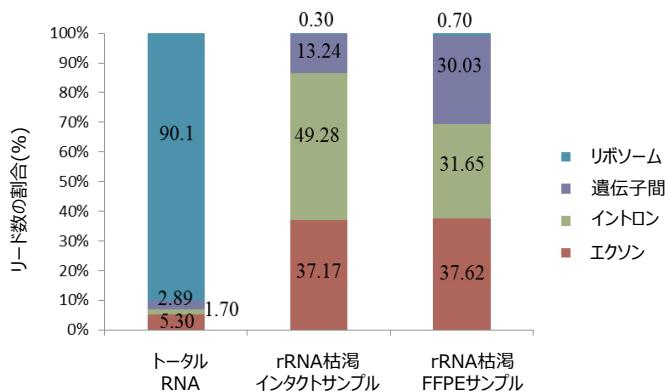
製品仕様

Seq-Star™ rRNA Removal Kit

酵素法を使用して、NGS RNA-seqライブラリー調製用のトータルRNAに含まれるrRNAを除去するキットです。ヒト、マウス、ラットのトータルRNAサンプルからの細胞質(5S、5.8S、18S、28S)およびミトコンドリア(12S、16S)リボソームRNAを効率的に枯渇させます。本キットは、インタクトなRNAサンプルまたは分解されたRNAサンプルに特に適しています。

- 高いrRNA枯渇効率
- ポリアデニル化RNA(mRNAなど)と非ポリアデニル化RNA(多くの長い非コーディングRNAなど)の両方の濃縮に最適
- インタクトRNAサンプルと分解されたRNAサンプル(FFPE RNAなど)の両方のrRNA除去に使用可能
- 磁気ビーズにより簡単にrRNA枯渇後のRNAを精製・収集
- シンプルで迅速な手順

<本キットでインタクトまたはFFPEサンプルから生成されたRNA-seqの結果>



オリゴ(dT)によるmRNA濃縮と比較して、本キットは、ポリアデニル化mRNAおよび非ポリアデニル化RNA転写物(多くの長い非コーディングRNAやアンチセンス転写物など)を保持しながらrRNAを選択的に消化しています。

また、固相でのオリゴヌクレオチド捕捉によるrRNA除去と比較して、本キットは、分解されたトータルRNA中の断片化されたrRNAも除去可能です。

Seq-Star™ poly(A) mRNA Isolation Kit

トータルRNAサンプルから高純度でインタクトなpoly(A)mRNAを分離するキットで、NGS RNA-seqライブラリーの調製に最適です。Poly(A)mRNAは、オリゴ(dT)コンジュゲート磁気ビーズによって濃縮されます。各反応で1~5μgのトータルRNAを精製できます。精製されたpoly(A)mRNAは少量で溶出され、沈殿不要ですぐに利用可能です。

- NGSライブラリーの準備とデータ品質のためのポリ(A)mRNAの高純度要件を満たすための2つのmRNA結合ラウンド
- 最適化されたバッファーとオリゴ(dT)ビーズによる、高いポリ(A)mRNA回収率
- シングルチューブと高スループットプレートフォーマットの両方の操作をサポート。遠心分離や沈殿不要
- 精製されたpoly(A)mRNAが少量で溶出され、RNA-seqライブラリー調製の準備が完了

<ワークフロー>



製品ラインアップ

製品名	サイズ	品番
Seq-Star™ rRNA Removal Kit	12 反応分	AS-MB-001
Seq-Star™ poly(A) mRNA Isolation Kit	24 反応分	AS-MB-006-01
	96 反応分	AS-MB-006-02



製品仕様

幅広いサンプルやアプリケーションに対応したNGSライブラリー調製キット

メチル化シーケンス、ChIP-Seq、などのアプリケーションに対応したキットの他、FFPE由来のDNA、RNA、低量DNAやcell-free DNAなど、様々なサンプルタイプに合わせたキットを幅広くご用意しています。

バイサルファイトシーケンス	メチル化CpG領域シーケンス	クロマチン免疫沈降 (ChIP-Seq)
古代DNA	FFPE由来DNA	RNA
cell-free DNA	PCRフリー	一本鎖DNA
		低量DNA

各ライブラリー調製キットにはライブラリー調製試薬、インデックスプライマー、PCRミックスが含まれています。インデックスプライマーはシングルインデックスもしくはユニークデュアルインデックスが付属します。価格変更なしでご希望のインデックスに変更することが可能です。

キット内容 ※製品により内容が異なる場合があります。詳細は各製品プロトコルをご確認ください。

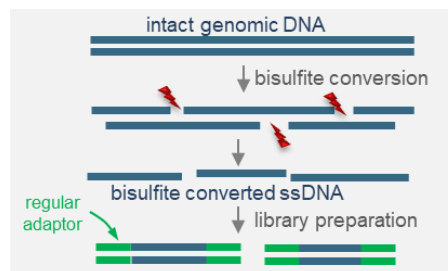
- ・ライブラリー調製試薬
- ・インデックスプライマー (シングルインデックス or ユニークデュアルインデックス)
- ・PCRミックス

ピックアップ - メチル化CpG領域ライブラリー調製キット (品番: 30102 / 30103)

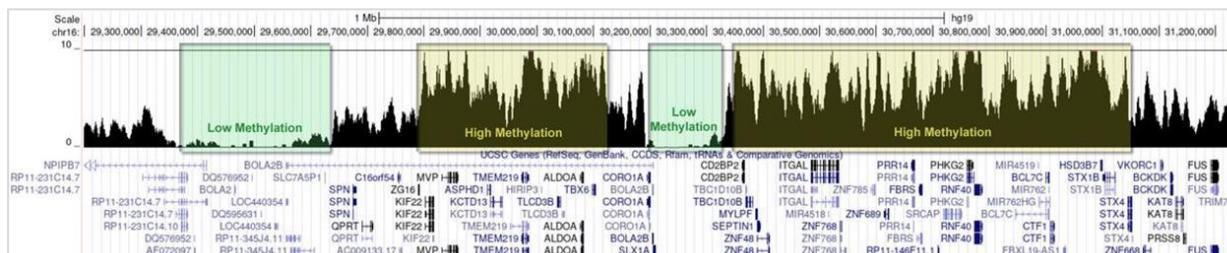
本製品は、バイサルファイト処理したDNAをサンプルとして、メチル化されたCpG領域を濃縮するため、シーケンスコストを大幅に削減します。バイサルファイトシーケンステクノロジーに基づいているため、単一塩基レベルで全ゲノムメチル化パターンを推定することが可能です。

- ・バイサルファイト処理によるライブラリーの損失を回避
- ・バイサルファイトシーケンスライブラリーの高い変換効率
- ・シンプルなワークフロー

バイサルファイトシーケンステクノロジーの概要



バイサルファイトシーケンス



製品ラインナップ

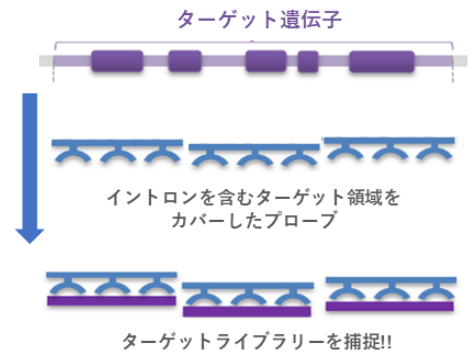
製品名	品番 (シングルインデックス)	品番 (ユニークデュアルインデックス)
NGS DNA Library Prep Kit	30021	30023
NGS Low Input DNA Library Prep Kit	30024	30025
NGS Cell-free DNA Library Prep Kit	30031	30033
ChIP-Seq Library Prep Kit	30034	30036
NGS FFPE DNA Library Prep Kit	30037	30039
NGS Single Stranded DNA Library Prep Kit	30082	30083
NGS Ancient DNA Library Prep Kit	30085	30086
Bisulfite Sequencing Library Prep Kit	30092	30093
NGS DNA Fragmentation & Library Prep Kit	30028	30030
PCR-free NGS DNA Library Prep Kit	-	30041
RNA Seq Library Prep Kit	30056	30057
Methylation Specific Bisulfite-Seq Library Prep Kit	30102	30103



概要

ターゲット遺伝子に対応するプローブを用いた、NGSターゲットシーケンスキットを販売しています。イントロンや隣接配列など、コーディング領域と非コーディング領域の研究に特に優れており、イントロン等を含むターゲット領域全域の構造変異やCNV等の検出が可能です。せん断DNAからターゲット遺伝子をキャプチャーしたライブラリーを調製する「ライブラリー調製 & キャプチャーキット」と、調製済みライブラリーからターゲット遺伝子をキャプチャーする「NGSライブラリーキャプチャーキット」を取り扱っています。

- 数百KBから数MBの連続した配列を解析可能
- エクソン、イントロン、5'調節領域、3'調節領域、および隣接領域全体をカバー
- 長いプローブ（200-300bp）による、高い特異性
- 反復配列を含むターゲット領域のより良いカバレッジ
- ターゲットライブラリーを濃縮することによりシーケンスコストの削減可能



独自の技術 エクソン、イントロン、5'、3'調節領域、隣接領域をカバーするpCATCH-Seqテクノロジー

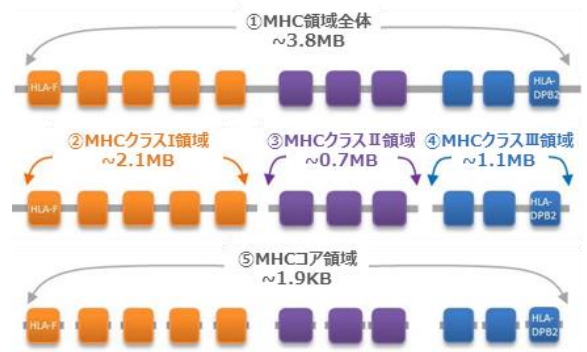
製品仕様

MHC Library Prep & Capture Kit

本製品は、CATCH-Seq テクノロジーに基づいてMHC/HLA遺伝子をキャプチャーするために開発されました。本キットを使用することで、エクソン、イントロン、5'調節領域、3'調節領域などを含むMHC遺伝子全領域のSNP、インデル、および構造変異体等を検出できます。下記のターゲットから選択可能です。

<MHCターゲット領域の選択肢>

- | | |
|--------------------|---------------------|
| ① 3.8MB MHC領域全体 | ④ 1.1MB MHCクラスIII領域 |
| ② 2.1MB MHCクラスI領域 | ⑤ 190kb MHCコア領域 |
| ③ 0.7MB MHCクラスII領域 | (22MHC遺伝子) |



LRC/KIR Library Prep & Capture Kit

本製品は、CATCH-Seq テクノロジーに基づいてLRC/KIR 遺伝子をキャプチャーするために開発されました。本キットを使用することで、エクソン、イントロン、5' 調節領域、3' 調節領域などを含む LRC/KIR 遺伝子全領域のSNP、インデル、および構造変異体等を検出可能です。



製品ラインアップ

製品名	品番 (24 反応分)	品番 (96反応分)
ライブラリー調製 & キャプチャーキット		
MHC Library Prep & Capture Kit	32012S	32012L
MHC Class I Library Prep & Capture Kit	32014S	32014L
MHC Class II Library Prep & Capture Kit	32016S	32016L
MHC Class III Library Prep & Capture Kit	32018S	32018L
MHC Core Library Prep & Capture Kit	32022S	32022L
LRC/KIR Library Prep & Capture Kit	32026S	32026L
NGSライブラリーキャプチャーキット		
MHC Capture Kit	32011S	32011L
MHC Class Capture Kit	32013S	32013L
MHC Class II Capture Kit	32015S	32015L
MHC Class III & Capture Kit	32017S	32017L
MHC Core Capture Kit	32021S	32021L
LRC/KIR Capture Kit	32025S	32025L



製品仕様

Breast Cancer Panel Library Prep & Capture Kit

本製品は、CATCH-Seq テクノロジーに基づいて、88の乳がん関連遺伝子をキャプチャーするために開発されました。本キットを使用することで、エクソン、イントロン、5' 調節領域、3' 調節領域などを含む乳がん関連遺伝子のSNP、インデル、および構造変異体等を検出可能です。

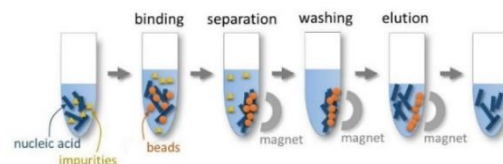
<乳がん関連遺伝子ターゲット領域>

ABCB1	ABCG2	AKT1	APC	AR	ATM	BAD	BAP1	MAPK1	MAPK3	MAPK8	MDM2	MGMT	MKI67	MLH1	MMP2
BCL2	BIRC5	BRCA1	BRCA2	CCND1	CCND2	CDH1	CDK2	MMP9	MUC1	MUC16	MYC	NEK2	NME1	NME2	NOTCH1
CDKN1A	CDKN1C	CDKN2A	CSF1	CTNNB1	CTSD	EGF	EGFR	NR3C1	PGR	PIK3CA	PIK3R1	PLAU	PTEN	PTGS2	PYGARD
EP300	ERBB2	ERBB3	ESR1	ESR2	FBXO32	FGFR1	FGFR2	RASSF1	RB1	RET	SERPINE1	SFN	SFRP1	SNAI2	SRC
FOXA1	GATA3	GLI1	GRB7	GSTP1	HIC1	ID1	IGF1	TFF3	TGFB1	THBS1	TP53	TWIST1	VEGFA	WEE1	XBP1
IGF1R	IGFBP1	IGFBP3	IL6	ITCH	JUN	KRT5	MAP3K1								

製品名	品番 (24 反応分)	品番 (96 反応分)
乳がん関連遺伝子 ライブラリー調製 & キャプチャーキット		
Breast Cancer Panel Library Prep & Capture Kit	32026S	32026L
乳がん関連遺伝子 NGSライブラリーキャプチャーキット		
Breast Cancer Panel Capture Kit	32025S	32025L

DNA/RNA精製用磁気ビーズ

固相可逆的固定 (SPRI) 磁気ビーズは、DNA/RNAに可逆的に結合するカルボキシル基でコーティングされた常磁性粒子で構成されています。本製品は、塩、dNTP、酵素、プライマー、アダプター、その他の不純物などの不要な成分を除去できます。RNaseを含まないため、DNA/RNAの両方の精製に使用可能です。



製品名	特長	品番
Magnetic Beads (DNA & RNA Purification)	<ul style="list-style-type: none"> • 100bp以上DNA断片 • 200bp以上RNA断片 • 150-800bpのサイズ選択可 	40051
Magnetic Beads (microRNA & Oligo Purification)	<ul style="list-style-type: none"> • 20-100bpDNA/RNA (miRNA、tRNA、RNA、dsDNA、ssDNA) 	40052
Magnetic Beads (PCR Purification)	<ul style="list-style-type: none"> • 80bp以上のPCR断片 • 30nt未満のプライマーの除去 	40053
Magnetic Beads (tRNA Purification)	<ul style="list-style-type: none"> • 70nt以上のtRNA (DNA/RNAハイブリッド、RNA、キメラオリゴ、dsDNA、ssDNA断片) 	40054
DNA Concentrator (Magnetic Beads)	<ul style="list-style-type: none"> • 30bp以上で90%以上の回収率 • 20-29bpの断片で80%以上の回収率 	40055

NGSライブラリー調製時に必要な消耗品

製品名	品番
illumina シークエンサー用インデックスプライマー	
Multiplexing Index Primers (illumina Platform)	32072
Multiplexing Unique Dual Index Primers (illumina Platform)	32076
定量キット	
NGS Library Quantification Standards with PCR Primers (illumina platform)	30012
NGS Library Quantification Standards with PCR Primers (Ion Torrent Platform)	30062
dsDNA Quantification Broad Range Kit for Qubit	40041
dsDNA Quantification High Sensitivity Kit for Qubit	40042
ssDNA Quantification Kit for Qubit	40043
RNA Quantification High Sensitivity Kit for Qubit	40044



概要

Mission Bio社のTapestri Platformは、ハイスループットなシングルセルDNA解析およびシングルセルマルチオミックス解析を可能にする画期的な製品です。

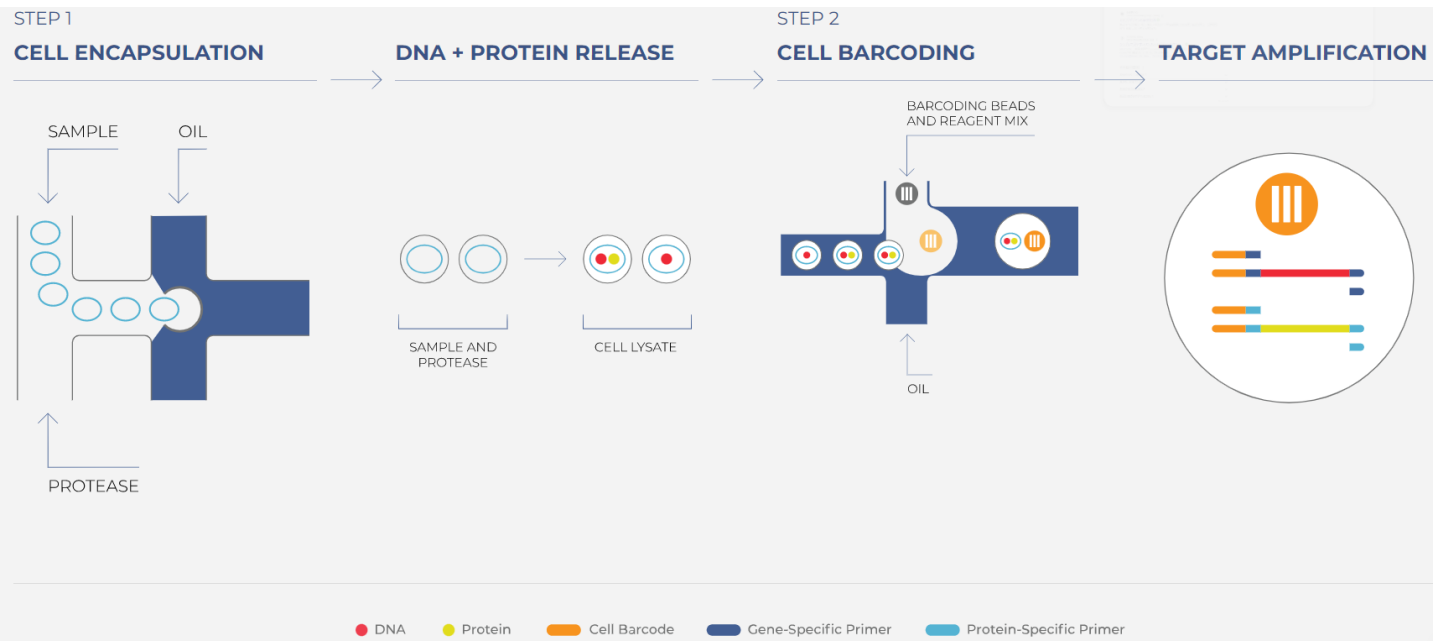
特長

- 最大1万シングルセルの優れたスループット
- 数百の標的DNA上の変異解析(SNV/Indel/CNV)を実現
- タンパク質発現情報も同時に取得可能(シングルセルマルチオミックス解析)
- 様々ながん遺伝子パネル、ユーザーが設計したカスタムパネル
- シングルセルDNAメチル化解析にも対応



解析原理

本製品は、マイクロ流路と細胞バーコードによって、最大10,000シングルセルの優れたスループットを可能にしています。これに、独自の2-stepワークフローが組み合わさることで、従来では困難であったハイスループットなシングルセルDNA解析を実現しています。BioLegend社のオリゴヌクレオチド標識抗体「TotalSeq™-D」で細胞を事前に染色するだけで、シングルセルマルチオミックス解析も可能です。新たに登場した手法により、本製品を使用してシングルセルDNAメチル化解析も対応するようになりました。



Point : 独自の2-stepワークフローでハイスループット・シングルセルDNA解析を実現 !

様々ながん研究用遺伝子パネルおよびカスタムパネル - TotalSeq™-D

Tapestri Platformの遺伝子パネルは、がんとの関連性が高い変異・領域にフォーカスするよう入念に精査されているため、解析時間と労力を節約します。また、ユーザー独自のカスタムパネルを作製することも可能です。タンパク質の解析に必要なBioLegend社のTotalSeq™-Dは、造血器腫瘍と関連する42のマーカを対象としたHeme Oncology Cocktailの他に、150種以上の抗体が用意されています。

DNA		PROTEIN
がん研究用	カスタム	BioLegend社製品
造血器腫瘍研究 (8種類) 固形がん研究 (3種類)	「Tapestri Designer」で設計	TotalSeq™-D Heme Oncology Cocktail TotalSeq™-D Catalog Antibodies



バイオインフォマティクスツール

4種類のバイオインフォマティクスツールを用意することで、カスタムパネルのデザインからデータ解析までをサポートします。

Tapestri Designer	Tapestri Pipeline	Tapestri Insights	Tapestri MOSAIC
カスタムパネル設計	二次解析用パイプライン	DNA解析	DNA + Protein解析

※ご利用にはインターネット接続が必要です。

アプリケーション

クローン進化

クローン進化の追跡
系統樹の再構築

腫瘍プロファイリング

腫瘍不均一性の解明
遺伝子変異の早期識別

治療抵抗性

治療に伴う治療抵抗性の
メカニズムの解明

疾患モデリング

疾患モデル作製時の
ゲノム編集評価

微小残存病変 (MRD)

寛解時のモニタリングで
MRDを追跡

クローン性造血 (CHIP)

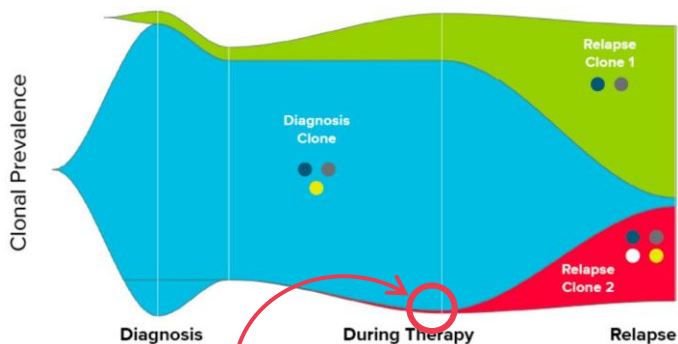
加齢によるクローン性造血と白
血病クローンの区別

遺伝子治療研究

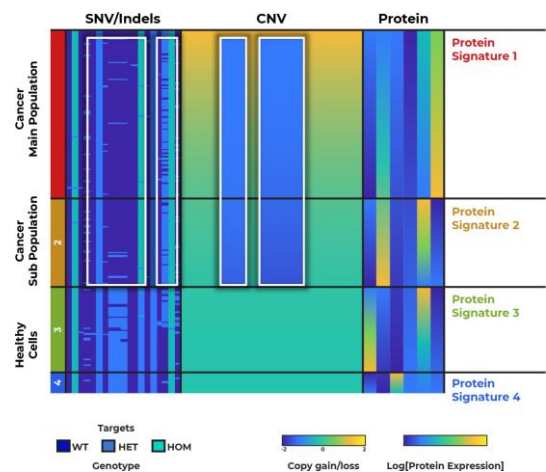
遺伝子治療の特徴の解明

シングルセルDNA解析およびシングルセルマルチオミックス解析の例

Point① 治療に伴うクローン進化を解明



Point② 治療抵抗性クローンを早期に検出



Point③ SNV/Indel/CNV/Proteinを比較

製品仕様

Tapestri Platformは、装置であるTapestri Instrument、遺伝子パネルやTotalSeq™-Dなどの試薬・消耗品、そしてバイオインフォマティクスツールから構成されています。各製品の価格や詳細については、お問い合わせください。



概要

NanoCellec Biomedical社は、軽量・コンパクトなベンチトップサイズのマイクロフルイデックス型セルソーター「WOLF/ WOLF G2 Cell Sorter」、およびシングルセルディスペンサー「N1 Single Cell Dispenser」を販売しています。本製品のストレスフリーソーティングは、細胞の生存率や増殖能の維持に役立ち、近年盛んなシングルセルシークエンスなどのシングルセルゲノム解析にも有用です。サンプル中からデブリや死細胞を除去と共に、なるべくストレスを与えずに生細胞をシングルセル化することで、優れたデータを得ることができます。小型のフローサイトメーターとしても利用できるため、シングルセルシークエンス以外にも抗体医薬品開発、培養細胞株作製、ゲノム編集など、様々な用途でお使いいただけます。

WOLF Cell Sorterの特長

<ストレスフリーソーティングとシースバッファの柔軟性で細胞の増殖能・生存率を維持>

WOLFのソーティング圧力は2psi未満であり、従来のセルソーターで一般的な圧力(20~70psi)よりも弱いため、細胞にかかるストレスを軽減します。また、シースバッファとして、PBSだけでなく、各細胞に合った培地も使用できます。これらのことは、細胞の増殖能と生存率の維持に役立ち、特にiPS細胞などのデリケートな細胞のソーティングに有益です。



<エアロゾルフリーで安全かつコンタミネーションフリー>

WOLFのソーティングは、カートリッジ内で行われるため、エアロゾルが発生しません。これにより、有害な試料を扱った際に発生する危険なエアロゾルへの曝露から、作業者を守ることができます。また、流路周辺部の汚染のリスクも回避します。カートリッジは交換式なため、常に清潔な流路でソーティングを行うことが可能です。

<ベンチトップサイズで簡単に操作できるセルソーター>

非常にコンパクトなデザインにより、実験スペースを大きくとることはありません。標準的なバイオセーフティキャビネット内に設置して使用することも可能です。初心者にもすぐに操作法を習得できるシンプル設計で、ソフトウェアもユーザー目線で開発されています。

WOLF G2 Cell Sorterの特長

<WOLF Cell Sorterの特長を維持しつつパフォーマンスを向上>

WOLF G2は、WOLFと同様に、ストレスフリーソーティングをエアロゾルフリーかつコンタミネーションフリーで行うことができます。また、レーザーを2本を搭載して最大9色まで対応することが可能であり、さらに感度も向上しています(< 250 MESF)。このように能力を向上しながらも、WOLF G2は大型化することなく、省スペースに設置することが可能です。



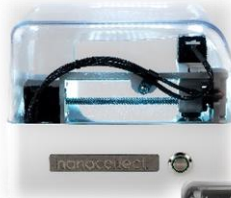
<4種類のモデルを用意>

WOLF G2は最大2本のレーザーを搭載することが可能で、4種のモデルが用意されています。目的に合わせてモデルを選択することができます。

N1 Single Cell Dispenserの特長

<ソーティングした細胞のシームレスなシングルセルディスペンスを実現>

N1は、WOLFおよびWOLF G2専用のシングルセルディスペンサーです。これらのセルソーターでソーティングした細胞をシームレスに96ウェルまたは384ウェルプレートに、シームレスにディスペンスすることが可能です。



<コンパクトながら優れたシングルセルディスペンス効率・生存率>

N1は、WOLFよりもさらにコンパクトなデザインですが、優れたシングルセルディスペンス効率を得ることができます。

<2種類のモデルを用意>

N1には、96ウェルプレートに対応した通常モデル、96ウェル/384ウェルプレートに対応するProモデルの2種が用意されています。



科学機器

マイクロフルイデックス型セルソーター & シングルセルディスペンサー



カートリッジの特長

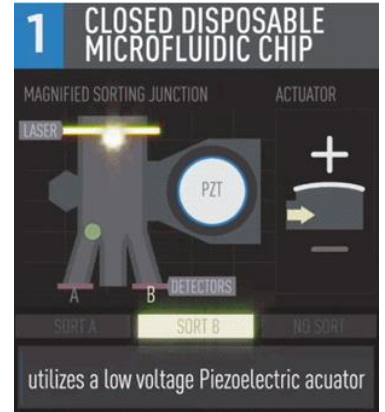
■ ストレスフリーソーティングを実現

WOLFおよびWOLF G2のソーティングにはカートリッジが使用されますが、この中にストレスフリーなソーティングの秘密があります。このカートリッジにはマイクロ流路とピエゾアクチュエーターが内蔵されており、これによって2 psi未満のソーティングが実現されています。ソーティングは、以下のような流れで行われます。

1. マイクロ流路を弱い力で流れる細胞にレーザーが照射されます。
2. 散乱光や蛍光に基づいて目的の細胞が検出されます。
3. ピエゾアクチュエーターが駆動し、各チャンネルに目的の細胞がソーティングされます。

■ 2種類のカートリッジ

WOLFやWOLF G2のみでソーティングを行う際に使用するバルクソーティング用のカートリッジ、N1を用いてシングルセルディスペンスを行うためのシングルセルソーティング用のカートリッジの2種類が用意されています。



アプリケーション

シングルセル ゲノミクス

- サンプルのクリーンアップ(デブリ、死細胞、ダブルットなどの除去)や目的細胞の濃縮
- シングルセルRNA-seqなど、シングルセルシーケンス用ライブラリー調製の前処理
- PCRプレートへのシングルセルソーティング

シングルセル クローニング

- 96ウェルまたは384ウェルプレートへのストレスフリーソーティングでシングルセルクローニングを効率化
- 使い捨て式のカートリッジでキャリーオーバーや装置のコンタミネーションのリスクを排除
- 抗体医薬品開発、培養細胞株作製、ゲノム編集培養細胞株作製

製品仕様

	WOLF Cell Sorter	WOLF G2 Cell Sorter	N1 Single Cell Dispenser
レーザー	488 nm	488 nm 488 & 637 nm 488 & 561 nm 405 & 488 nm	-
散乱光	Forward Scatter (FSC) Back Scatter (BSC)	Forward Scatter (FSC) Back Scatter (BSC)	-
蛍光チャンネル	525 ± 25 nm 585 ± 20 nm 665 Longpass	お問合せ	-
ソーティング方向	1または2方向ソーティング※	1または2方向ソーティング※	-
本体サイズ (W x D x H)	394 x 381 x 366 mm	458 x 345 x 376 mm	214 x 211 x 165 mm
重さ	20 kg	24.5 kg	2.5 kg

※シングルセルディスペンスの場合は1方向ソーティングにのみ対応します。

製品名	容量	品番
WOLF Cell Sorter	1台	F-NCB-120488
WOLF G2 Cell Sorter	1台	お問合せ
N1 Single Cell Dispenser Pro	1台	F-NCB-130384
N1 Single Cell Dispenser	1台	F-NCB-130096
Bulk Cartridge	10個	F-NCB-150410
Single Cell Cartridge	10個	F-NCB-150411
Calibration Beads (Dragon Green)	1個	F-NCB-170111

輸入販売元



フィルジェン 株式会社

【お問い合わせ】

〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

E-mail : biosupport@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(Apr.,2023)