



受託

次世代シーケンス解析受託サービス

専門のスタッフが Illumina 社の HiSeq, NextSeq または MiSeq を用いてシーケンスを行う受託サービスです。ライブラリー作製やデータ解析のみのご依頼も承ります。

※本サービスは研究用です。商用・臨床用には利用できません。

RNA-Seq 解析受託サービス

Web ページ番号検索 64720



mRNA や lincRNA の配列をシーケンスし、発現変動のある遺伝子を同定する受託サービスです。RNA-Seq は、融合遺伝子の検出や新規スプライス部位の検出、エクソンレベルでの発現差解析など豊富な情報が得られます。

ストランド特異的 RNA-Seq	センス鎖、アンチセンス鎖を区別しての解析が可能です。
微量試料からの RNA-Seq* (ヒト・マウスのみ対応)	RNA 換算で 10 pg (プロトコル上のインプット量は 10 pg~10 ng) からの使用に耐えるスペックとなっています。数十細胞からの解析実績があります (シングルセルについてはお問い合わせ下さい)。
rRNA 除去による RNA-Seq (ヒト, マウス, ラットのみ対応)	rRNA 除去により, poly-A を持つ mRNA だけでなく, non-coding RNA の解析も可能になります。また, RNA の分解が進んだ FFPE 試料からの解析も可能です。

*微量のため、試料の品質検査は行いません。total RNA (DNase 処理済) をご送付いただきます。

small RNA-Seq (microRNA-Seq) 解析受託サービス

Web ページ番号検索 64721



- 遺伝子発現に大きく影響を与えることが知られている miRNA や、スプライシングに関わるとされる snRNA などの small RNA を次世代シーケンサーにより網羅的に解析します。
- small RNA の発現量比較やターゲット遺伝子予測などを行います。

ChIP-Seq 解析受託サービス

Web ページ番号検索 64718



- ChIP-Seq 法により転写因子やその他のタンパク質が相互作用する DNA の特定部位を検出し、DNA-タンパク質間の相互作用を解析します。

■ChIP-Seq 解析の流れ

1. クロマチン免疫沈降 (ChIP) 試料の品質チェック
2. シーケンス用ライブラリー作製
3. HiSeq によるシーケンス
4. バイオインフォマティクス解析

エクソーム解析受託サービス

Web ページ番号検索 64722



- エクソン領域のみを濃縮して解析することにより、効率的にエクソン上の変異 (SNV (SNP) /InDel) を検出します。
- 既知の変異だけでなく、未知の変異についても同定することができ、希少疾患の原因遺伝子同定に威力を発揮します。

DNA メチレーション解析受託サービス

Web ページ番号検索 64719



- メチル化 DNA に特異的に結合するタンパク質、抗体を用いてメチル化 DNA を濃縮し、回収された DNA をシーケンスする解析受託サービスです。

■DNA メチレーション解析の流れ

1. 試料の品質チェック
2. メチル化 DNA の濃縮
3. シーケンス用ライブラリー作製
4. HiSeq によるシーケンス
5. バイオインフォマティクス解析

まずはお気軽にご相談下さい！

ご注文方法/価格などの詳細は、当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。

[メーカー: DNA]



受託・特注品担当

TEL 03-5684-1645

FAX 03-5684-6539

✉ jutaku@funakoshi.co.jp