

次世代シーケンス解析サービス (国外実施項目)

Cancer Precision Medicineでは、次世代シーケンス技術を用いたシングルセルRNAシーケンス、メタゲノムシーケンスの各解析サービスをご提供し、お客様の研究をサポートいたします。(実施施設: Theragen Etex)

シングルセルRNAシーケンス

10x GenomicsのChromiumシングルセル遺伝子発現システムを用い、細胞の特性解析および遺伝子発現プロファイリングを行います。不均一な細胞集団の特徴を詳細に評価することができます。

対象生物種

ヒト、マウス

納品方法

ファイル転送(FTP)

サンプル	使用試薬	解析細胞数	シーケンサー	データ量	データ解析	納期
調製済み細胞 ^{※1} 1×10 ⁶ cells~	Nextera DNA Library Prep Kit	<ul style="list-style-type: none"> 2000 cells 5000 cells 	NovaSeq 6000	1細胞あたりの 平均リード数: 20,000リード	データ解析なし	QC (5日間) +6週間
					データ解析あり	QC (5日間) +7週間

※1: サンプル調製方法は別紙をご参照ください。

納品物

■ 各共通: 解析報告書

■ データ解析なし: シーケンスデータ (Fastq)

■ データ解析あり: シーケンスデータ (Fastq)、

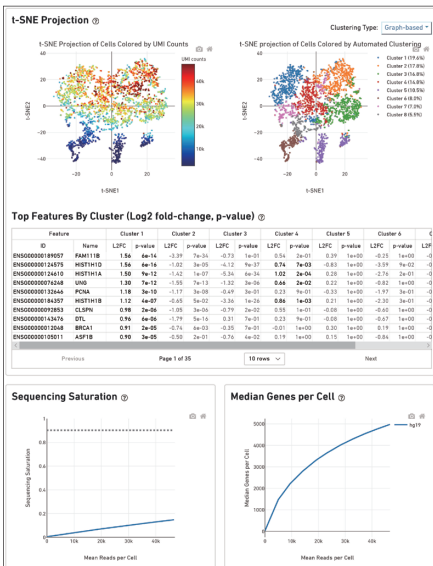
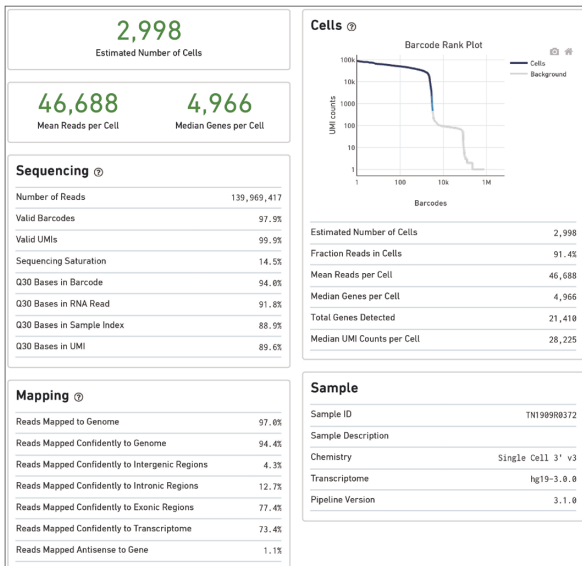
Cell rangersデータ (10x Genomicsによる解析)^{※2}、
Seurat R package (Theragen社独自のパイプラインによる解析)^{※3}

※2: マッピングデータ (BAM)、t-SNE Projection、遺伝子発現比較解析結果等

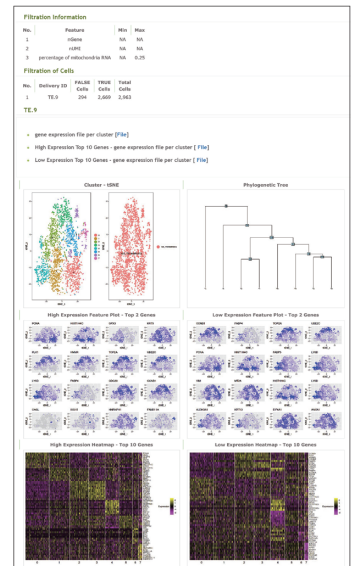
※3: クラスター間系統樹、ヒートマップ等

データ解析例

Cell rangersデータ



Seurat R package



メタゲノムシーケンス

メタゲノムシーケンスは、検体中に存在する様々な微生物のゲノムを同時に解析し、その生物種や存在比などを明らかにします。研究目的により、全メタゲノム配列を対象とする全メタゲノム解析と、16S rRNA遺伝子領域のみを対象とする16S rRNAシーケンスを選択いただけます。

対象生物種

ヒト

納品方法

ファイル転送(FTP)

全メタゲノム解析

検体中に存在する全メタゲノム配列を解析し、微生物の系統分類に加えて遺伝子組成の予測や機能解析を行います。

サンプル	使用試薬	シーケンサー	データ量	データ解析	納期
DNA 0.5 µg~	TruSeq Nano DNA Sample Prep Kit	NovaSeq 6000	4 Gb	通常データ解析	QC(2日間) +5週間

納品物

解析報告書、シーケンスデータ(Fastq)、微生物ゲノム配列、遺伝子予測・機能解析結果、系統分類結果(NCBIデータベース参照)

16S rRNAシーケンス

微生物16S rRNA遺伝子のV3、V4領域のみを対象として解析し、RDPおよびNCBIデータベースをもとに系統分類を行います。

サンプル	使用試薬	シーケンサー	データ量	データ解析	納期
DNA 0.1 µg~	16S amplicon PCR primers	MiSeq	100,000リード/サンプル(2×300 bp)	通常データ解析	QC(2日間) +6週間

納品物

解析報告書、シーケンスデータ(Fastq)、系統分類結果(α -diversityおよび β -diversity(RDP・NCBIデータベース参照))

RUO 本サービスは研究用途での活用を目的としております。診断・臨床用途にはご利用できません。



お問い合わせ先・サンプル送付先

株式会社 Cancer Precision Medicine
CPMクリニカルラボ 受託解析サービス

〒210-0821 神奈川県川崎市川崎区殿町3-25-10
Research Gate Building TONOMACHI2 1F
TEL: 044-201-8092 FAX: 044-201-8093
E-mail: support@cancerprecision.co.jp
HP: <https://www.cancerprecision.co.jp/>

取扱い店