

CytoScan® HD Array 受託解析サービス

特長・性能

- 染色体異常の検出と解析に特化したCNV解析用のアレイとして開発され、総数260万個を超えるコピー数解析用マーカーを搭載
- 約75万個のジェノタイピング可能なSNPにより、Genotype callを可能とし、さらにはヘテロ接合性消失(LOH)、片親性インダイソミー(UPD)、同組的領域、低レベルのモザイク現象とサンプルの不均一性などを検出可能
- Constitutional, Cancer, OMIM, RefSeq遺伝子が1枚のアレイに搭載

納品データ例

「Chromosome Analysis Suite (ChAS) Software」を用いて、解析を行います。本解析は、国際HapMap計画で集められた日本人を含むアジア人、アフリカ人、ヨーロッパ人(それぞれ90人ずつ)、計270人のゲノムサンプルをReferenceとして解析を行います。解析に使用するReferenceを日本人のみに変更する事もできます。

納品データ

- 生データ (.cel)
- 解析データ (.xlsx)
全染色体のCNVデータ
SNPタイピングデータ
- ChAS Software解析結果ファイル (.cychp)

Price

サービス内容	サンプル数	税別単価	カタログ#
CytoScan® HD Array 受託解析サービス	お問い合わせ	お問い合わせ	F-901835- (サンプル数)

Calls and annotation for ease of interpretation



A common intronic deletion polymorphism on CACNA1C gene can be identified as easily annotated.

ChAS karyoview screen

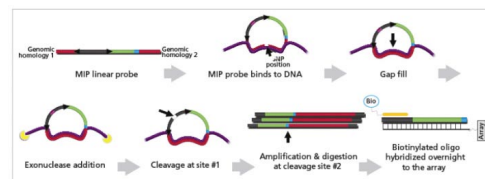


- Long contiguous stretches of homozygosity (LCSH) indicating regions identical-by-descent.
- Each LCSH segment is summarized, and individual thresholds can be selected by the user.

OncoScan™ FFPE Assay 受託解析サービス

特長・性能

- 固形腫瘍のホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) サンプルから、10コピー以上の高いダイナミックレンジでCNVを検出するだけでなく、LOHの検出、体細胞変異の解析を1回のアッセイで行うことが可能
- 高度に分解されたFFPEサンプルに最適化されたMolecular Inversion Probe (MIP) テクノロジーを使用することで、正確なターゲットDNAが増幅され、10年以上経過したFFPEサンプルから、高い信頼度の全ゲノムコピー数データを得ることが可能
- 約900個の癌遺伝子においてコピー数解析の解像度は50~100kb

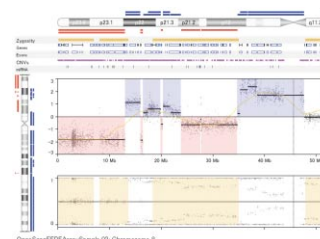


納品データ例

固形腫瘍サンプルの解析用に開発されたアルゴリズムにより、癌組織特有の10コピーを超えるCNV領域に対し、高い解像度で解析することができます。また、視覚的にわかりやすくアレール頻度を確認できるため、低レベルモザイクの増幅および欠失の検出・LOH・片親性ダイソミー・ホモ欠失の領域などが判断できます。

納品データ

- 生データ (.cel)
- 解析データ (.xlsx)
全染色体のCNVデータ
癌遺伝子の体細胞変異データ
- OncoScan™ Console解析結果ファイル (.oschp)



Price

サービス内容	サンプル数	税別単価	カタログ#
OncoScan™ FFPE Assay受託解析サービス	お問い合わせ	お問い合わせ	F-902293- (サンプル数)