

DNA解析用マイクロアレイ 受託解析サービス カタログ

Microarray Service for DNA Analysis

DNAメチル化解析

illumina Infinium[™] MethylationEPIC BeadChip 受託解析サービス

SNP(一塩基多型)解析

Affymetrix[™] Axiom[™] アレイ 受託解析サービス

illumina BeadChipアレイ 受託解析サービス

CNV(コピー数多型)解析

CytoScan[™] HD / 750K アレイ 受託解析サービス

OncoScan[™] CNV Plus Assay / CNV Assay 受託解析サービス

KaryoStat[™] / KaryoStat[™] HD Assay 受託解析サービス

Contents

DNAメチル化解析

03 ゲノムワイドなDNAメチル化を定量的に測定 illumina Infinium™ MethylationEPIC BeadChip 受託解析サービス

- ✓ 広範囲のCpGアイランド、遺伝子、エンハンサーをカバー
- ✓ illumina社独自の技術であるInfinium™ケミストリーによる一塩基レベルの解像度の解析
- ✓ 高い精度と再現性



SNP(一塩基多型)解析

05 目的に応じて多数のアレイをご用意！ヒト以外にも複数の動植物にも対応 Affymetrix™ Axiom™ アレイ 受託解析サービス

- ✓ Affymetrix社のAxiom™ アレイを多数用意し、ヒト以外にも複数の動植物に対応
- ✓ 大規模受託解析プロバイダーであるDNA Link社による、ハイコストパフォーマンス解析サービス
- ✓ 高品質かつ正確なデータを短納期で提供

多サンプル数向け



06 各種ジェノタイピングアレイを用意！低コストで高品質のデータを提供 illumina BeadChipアレイ 受託解析サービス

- ✓ illumina社の各種ジェノタイピングアレイを用意
- ✓ 大規模受託解析プロバイダー、DNA Link社によるハイコストパフォーマンスな解析サービス
- ✓ 高品質かつ正確なデータを短納期で提供

少サンプル数向け



CNV(コピー数多型)解析

07 がん遺伝子、OMIM遺伝子、RefSeq遺伝子など包括的に染色体異常を検出 CytoScan™ HD / 750K アレイ 受託解析サービス

- ✓ 全ゲノムを対象とした高精度コピー数変動 (CNV) 解析
- ✓ SNP情報を活用した LOH/UPD の包括的評価
- ✓ 微小異常のスクリーニングから詳細解析まで対応



08 約900個のがん遺伝子に対する高解像度な解析が可能 OncoScan™ CNV Plus Assay / CNV Assay 受託解析サービス

- ✓ 腫瘍サンプルに特化した高精度コピー数変動 (CNV) 解析
- ✓ SNP情報を用いた LOH/UPD/アレイベースのゲノム異常解析
- ✓ 腫瘍ゲノムの“全体像”を一度に把握



09 260万個超のコピー数解析マーカー搭載のPSC (多能性幹細胞) 核型解析用アレイ KaryoStat™ / KaryoStat™ HD Assay 受託解析サービス

- ✓ 全ゲノムのコピー数変動 (CNV) を高精度に
- ✓ iPS細胞・幹細胞のゲノム安定性を一括評価
- ✓ SNP情報を用いた LOH/UPD/アレル不均衡解析
- ✓ 核型解析の代替・補完として利用可能



10 RNA解析用のマイクロアレイ受託解析サービス・カタログのご案内

会社案内

フィルジェン株式会社 (Filgen, Inc.)



国内の開発・解析拠点からの技術提供および、 海外のテクノロジーを国内発信するメーカー兼輸入商社

フィルジェンはバイオサイエンスおよびナノサイエンス分野で事業展開する「メーカー兼輸入商社」です。メーカーとして理化学機器の開発や受託解析サービスを提供し、輸入商社としては海外の最先端の製品やサービスを扱い、医学・薬学・農学などに代表される生命科学、半導体をはじめとするナノテクノロジーなど、先進的な研究発展に貢献しています。

会社名	フィルジェン株式会社 (Filgen, Inc.)
設立日	2004年12月13日 (創業：2002年4月24日)
資本金	4000万円
決算期	10月31日
代表取締役社長	米田 英克
所在地	【本社】〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山一丁目1409番地

事業内容	<ul style="list-style-type: none">➢ 理化学研究機器の設計・製造・販売➢ 各種バイオサイエンス受託解析➢ 研究用試薬・機器・消耗品の輸入販売➢ バイオインフォマティクスソフトウェアの輸入販売
主要取引銀行	<ul style="list-style-type: none">➢ 愛知銀行 鳴海支店➢ 岡崎信用金庫 大高支店➢ 三井住友銀行 上前津支店➢ 三菱UFJ銀行 岡崎駅前支店
業務認可登録	<ul style="list-style-type: none">➢ 毒物劇物一般販売業登録 (登録番号：名毒劇第374号)➢ 毒物劇物輸入業登録 (登録番号：東海第10142号)➢ 麻薬等原料輸入業者業務届 (受理証明番号：愛知第51-188号)

最新コンテンツをお届けします

 **キャンペーン**
<https://filgen.jp/Top/Campaign.html>

 **無料サンプル**
<https://filgen.jp/Top/FreeSample.html>

 **メールニュース登録**
<https://filgen.jp/emailnews.htm>

 **X (旧Twitter)**
https://twitter.com/Filgen_Inc

 **Youtube**
https://www.youtube.com/channel/UCJIU-kXxzSKzeJ_RB-iAxiA

分野別カタログをご用意しています



フィルジェンでは、注目メーカーや研究分野での個別の製品カタログもご用意しています。資料請求や資料に関する不明点がありましたら、弊社までお問合せください。こんな資料が欲しい!などのリクエスト等もお待ちしております。



**PDF版
カタログはこちら!**
<https://filgen.jp/catalogue/>

illumina Infinium™ MethylationEPIC BeadChip

受託解析サービス



ゲノムワイドなDNAメチル化を定量的に測定！ 遺伝性疾患や希少疾患の研究、がん研究、分類に最適

illumina社のDNAメチル化ビーズアレイ「Infinium™ Methylation BeadChip」を用いた受託解析サービスです。DNAメチル化は、遺伝子発現の制御において重要な役割を果たしています。illuminaが10年以上にわたり提供してきたBeadArray™ technology を搭載した堅牢なマイクロアレイベースのツールは、ゲノムワイドなDNAメチル化を定量的に測定することができ、がん研究、遺伝性疾患、老化、分子疫学などの分野で、メチル化に基づくバイオマーカーの発見と応用を可能にしました。エピジェネティクス研究の新時代において、より多くの生物学的発見を可能にするために、専門家が選択した強化されたコンテンツを提供します。

広範囲のCpGアイランド、遺伝子、エンハンサーをカバーするロバストなメチル化プロファイルマイクロアレイ

- ✓ ヒトのメチロームの生物学的に最も重要な領域にある約935,000個の固有のメチル化部位をターゲットとするゲノムワイドなメチル化解析
- ✓ 単一ヌクレオチド分解能でのCpGの定量解析、リード深度とは無関係な精確かつ精度の高いメチル化測定
- ✓ エンハンサー・スーパーエンハンサー・CTCF・ATAC-seq/ChIP-seq 由来領域など、最新のエピゲノム知見を反映した新規プローブを大幅に追加
- ✓ カバレッジの特長
 - ・CpG island の90%以上をカバー
 - ・遺伝子領域も広くカバー：TSS200/TSS1500/UTR/Exon
 - ・Enhancer 系領域の強化

(表) CpGアイランドにおける高密度なカバー率

Feature	No. covered	% covered	Avg no. of loci/feature
Island	25,381	91%	5.4
North shore	25,115	90%	3.5
South shore	24,870	89%	3.6
North shelf	21,719	78%	2.1
South shelf	21,677	78%	2.1

(表) v2.0のゲノム領域のカバレッジ

Feature type	No. of features mapped	% features covered	Avg no. of loci/feature
RefSeq			
NM_TSS200 ^a	51,688	82%	2.8
NM_TSS1500	59,981	96%	5.6
NM_5' UTR	42,051	67%	1.7
NM_1stExon	44,471	71%	1.8
NM_3' UTR	39,407	63%	1.3
NM_Exonic	207,398	28%	0.5
NR_TSS200	12,706	68%	2.0
NR_TSS1500	15,961	86%	3.9
NR_1stExon	9810	53%	1.4
NR_Exonic	30,211	25%	0.5
GenCode Basic v41			
TSS200	160,572	79%	1.7
TSS1500	197,603	80%	3.9
5' UTR	61,823	59%	1.4
First Exon	118,516	47%	1.1
3' UTR	41,659	53%	1.2
Exonic	417,055	26%	0.5
Enhancers			
DNase hypersensitivity sites ^b	432,393	16%	0.2
FANTOM5 Enhancers ^c	23,852	84%	1.0
CisReg Site Evid 40-50 ^d	19,159	70%	1.3
CisReg Site Evid 50-60	21,609	67%	1.2
CisReg Site Evid 60-70	30,152	61%	1.1
CisReg Site Evid 70-80	66,446	47%	0.8
CisReg Site Evid > 80	153,712	19%	0.3
Cancer driver mutations			
Cancer driver mutations ^e	473	81%	0.8

V1.0からV2.0にアップグレードしました！

新規プローブ 18.6 万以上追加

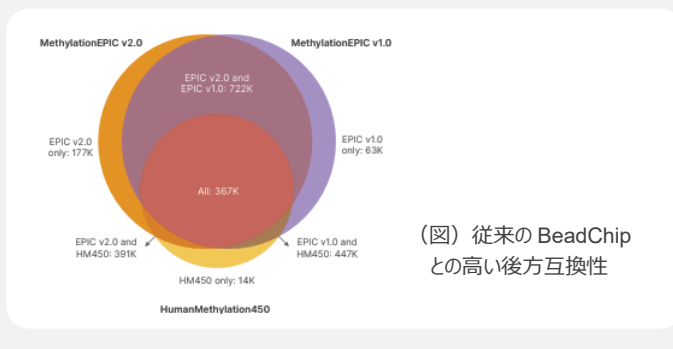
- ・複数の癌において、腫瘍サンプルと正常サンプルで同定された異なるメチル化部位
- ・ATAC-Seqによりヒト原発癌において同定された、アクセシ性が異なるクロマチン領域
- ・ChIP-seqにより同定された癌および細胞株サンプル中のエンハンサーおよびスーパーエンハンサー
- ・CpG islandのカバレッジ拡大
- ・一般的な癌ドライバー変異

不良プローブの除去

- ・SNP・クロスハイブリダイゼーション・マルチマッピングなどで除外されるプローブを削除し、解析品質を向上

高い後方互換性

- ・v1.0と72.2万CpGが共通
- ・HumanMethylation450 BeadChipとも大きく重複

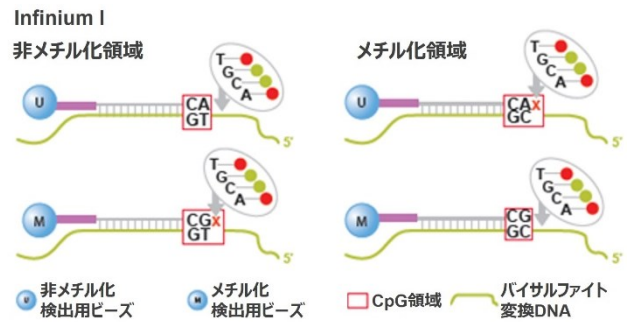


a. Distance in base pairs from transcriptional start site (TSS).
 b. From ENCODE v5: 2745580 DNase hypersensitivity sites genome-wide.
 c. Genomic regions identified as enhancers by the FANTOM5 project.
 d. From ENCODE v5: 87 studies with full data annotation.
 e. From: Bailey MH, Tokheim C, Porta-Pardo E, et al. Comprehensive Characterization of Cancer Driver Genes and Mutations. Cell. 2018;173(2):371-385.e18.

illumina社独自の技術であるInfinium™ ケミストリーによる一塩基レベルの解像度の解析

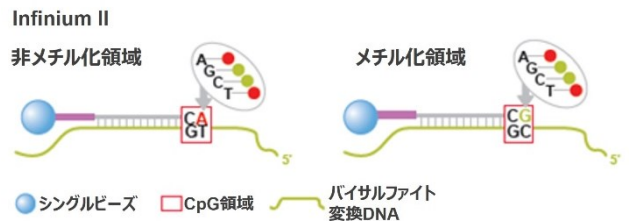
【Infinium I アッセイ】

Infinium Iアッセイでは、1つのCpGサイトに対して、1個の「非メチル化」DNA検出プローブ及び1個の「メチル化」DNA検出用プローブの合わせて2個のプローブが利用されます。各プローブの3'末端は、保護されたシトシン(メチル化デザイン)、またはバイサルファイトによる変換と全ゲノムの増幅によって生成するチミン塩基(非メチル化デザイン)のいずれかにマッチする様にデザインされています。



【Infinium II アッセイ】

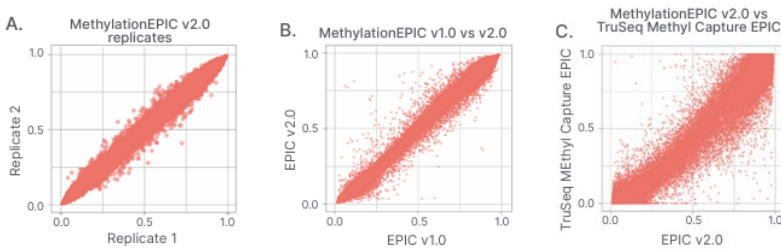
Infinium IIアッセイは、1個のターゲットサイトに対して、1個のプローブのみを使用する様にデザインされています。プローブの3'末端は、検出サイトのすぐ上流の塩基に相補的で、1塩基伸長の結果、「メチル化」Cまたは「非メチル化」Tに相補的な、標識されたGまたはAの塩基がそれぞれ付加されます。Infinium IIアッセイは、縮重オリゴヌクレオチドプローブを用いることにより、50merの配列内に別のCpGサイトが存在したとしても、最大3箇所まで存在しても、データに影響を及ぼさず、ターゲットに隣接するCpGサイトのメチル化状態とは関係なく、検出サイトでのメチル化状態を評価することが可能となります。



高い精度と再現性

Infinium アレイケミストリーでは、照会された各 CpG 部位に対して多数のビーズの複製が使用され、それぞれのビーズに数千のプローブが結合されています。その結果、Infinium メチル化アッセイは非常に高精度なメチル化測定を提供します。

このことは、癌細胞株を用いた内部実験によって証明されており、技術的複製間で 99% 以上の再現性を示しました (図 3A)。さらに、Infinium メチル化アッセイでは、1% 未満の偽陽性率で 0.2 のベータ値の差を検出することができるため、高い分析感度が達成されています。実験では、Infinium MethylationEPIC v2.0 および v1.0 BeadChip のオーバーラップアッセイ (図 3B) とメチル化シーケンスデータ (図 3C) の高い相関性も示されました。Infinium BeadChips で得られる精度と正確さのレベルは、100x 以上の高いシーケンス深度でのみ得られることが研究で示されています。



(図3) Infinium MethylationEPIC v2.0 BeadChipにおける高い再現性、後方互換性、およびシーケンスデータとの相関性

アレイ詳細

対象種	ヒト
総マーカー数※	> 935,000 ※解析対象となったメチル化部位
チップ1枚あたりのサンプル数	8
必要 input DNA量	250 ng

特殊なサンプルタイプ	FFPE組織
アッセイ原理	Infinium HD
対応機器	iScan, NextSeq 550 systems

サービス情報

サービス名	動物種	数量	品番
Infinium™ MethylationEPIC BeadChip 受託解析サービス	ヒト	8サンプル単位	F-DN-EPIC-サンプル数

※マウスサンプルも対応可能です。お気軽にお問い合わせください。

【サンプル情報】

サンプルタイプ	必要量	O.D. 260/280	O.D. 260/230
ゲノムDNA	>1.5µg(>30µL)、濃度: 50ng/µL	>1.7	>1.5

Affymetrix™ Axiom™ アレイ 受託解析サービス



目的に応じて多数のアレイをご用意！ヒト以外にも複数の動植物に対応

本サービスで使用するAxiom™ Genotyping Solutionは、検証済みのSNPで構成されるAxiom™ Genomic Databaseからコンテンツを選択した、レディーメイド又はカスタムメイドのアレイプレート、専用の試薬キット、データ解析ツール及びGeneTitan™ Multi-Channel(MC) Instrumentを利用して完全に自動化されたワークフローで構成されています。



- ✓ Affymetrix™社のAxiom™ アレイを多数用意し、ヒト以外にも複数の動植物に対応
- ✓ 大規模受託解析プロバイダーである DNA Link 社による、ハイコストパフォーマンス解析サービス
- ✓ 高品質かつ正確なデータを短納期で提供

一覧にないアレイもございますので
弊社までお問い合わせください

マイクロアレイ ラインアップ (一例)

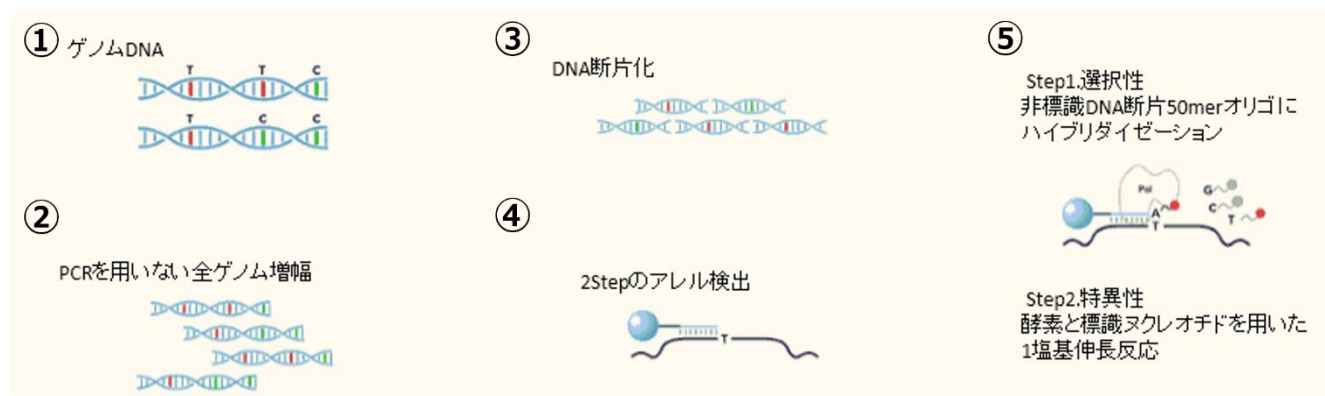
Axiom™ Genome-Wide Exsome 319 Array Plate	非同義SNPと同義SNP、ならびにスプライシングと停止コドンのバリエーションを含めた30万を超えるコーディングSNPを搭載。1000ゲノムプロジェクト Phase Iのドラフトエクソームコールから得られた約3万のSNPとインデルを搭載。疾患関連の機能性バリエーションをスクリーニングするための最適なアレイ。
Axiom™ Genome-Wide Human Origins 1 Array Plate	11種の現代のヒト集団および初期のヒト科生物の62.9万個のSNPを搭載。ヒトや人種分布の起源・進化研究用にHarvard Medical School Dept of GeneticsのDr. David Reichと共同で開発されたアレイ。
Axiom™ Genome-Wide ASI 1 Array Plate	東アジア人 (ASI) のゲノムの共通配列にみられる頻度の高いアレルと頻度の低いアレルについてゲノムカバー率が最大化
Axiom™ Asia Precision Medicine Research Array	南アジアおよび東アジア集団からの>54万マーカーを含むゲノムワイド関連研究(GWAS)補完モジュール。一般疾患および希少疾患に関連する変異を広範にカバー。
Axiom™ Genome-Wide EAS 1 Array Plate(World Array 2)	疾患に関連した頻度の高い変異および頻度の低い変異をカバーし、GWAS、レプリケーション、ファインマッピングを一度にできる様にデザインされたアレイプレート。ヨーロッパ人種と東アジア人種での遺伝的カバレッジを最大化する様にマーカーを選択。
Carrier Scan™ Assay	600の疾患に関する600遺伝子における6,000以上の構造および配列変異を評価。
Axiom™ Biobank Plus Genotyping Array	ヒト遺伝学分野の第一人者によって設計され、大規模なサンプルコホートのハイスループットかつ高付加価値なジェノタイピングを実現。GWAS用マーカー、Exomeマーカーに加え、薬理ゲノムマーカー、移植研究に特化したコンテンツ、自己免疫疾患および炎症との関連が示唆されているマーカーなどを含む。
Axiom™ miRNA Target Site Genotyping Array	miRNAのターゲットサイトのジェノタイピングが可能な唯一の市販アレイ。miRNAプロモーター、miRNAシードサイト、miRNAターゲットバインディングサイトなどにある、既知および予測されるSNPやインデルマーカーを搭載。

各種ジェノタイピングアレイを用意！低コストで高品質のデータを提供

Infiniumアッセイテクノロジーによるillumina社のジェノタイピングアレイは、優れたデータ品質と高密度のゲノムカバレッジを実現します。専門家が選定したコンテンツを搭載する Ready-to-useなBeadChipや特定のアプリケーション向けにコンソーシアムで開発されたコンテンツアレイ、あるいはカスタムアレイなど、特定の研究ニーズに合わせたアレイをお選びいただけます。これらのBeadChipアレイは、大量サンプル研究用の高スループットマルチプレックス処理をサポートし、低コストで高品質のデータを提供します。

- ✓ illumina社の各種ジェノタイピングアレイを用意
- ✓ 大規模受託解析プロバイダー、DNA Link社によるハイコストパフォーマンスな解析サービス
- ✓ 高品質かつ正確なデータを短納期で提供

Infiniumアッセイ ワークフロー



マイクロアレイ ラインナップ (一例)

一覧にないアレイもございますので弊社までお問い合わせください

アレイ名	生物種	マーカー数	カスタムマーカー数	アレイ説明
Infinium Asian Screening Array-24	ヒト	659,184	50,000	東アジアの母集団における大規模な遺伝学的研究およびファーマゲノミクスのための、強力で費用対効果の高いジェノタイピングマイクロアレイ
Infinium Japanese Screening Array-24	ヒト	736,847	50,000	Infinium Asian Screening Array-24 v1.0 BeadChipからの49万以上のゲノムワイドバックボーンマーカー、および日本のヒト疾患を専門にする研究者などから提供されたおよそ10万の日本人特異的マーカーなど、日本人に最適化されたコンテンツ
Infinium Global Diversity Array-8	ヒト	1,825,277	175,000	臨床研究用バリエーションの卓越したカバレッジと、遺伝型スクリーニング用に最適化された多民族ゲノムワイドなコンテンツを組み合わせたBeadChip
Infinium OmniExpress-24	ヒト	713,599	30,000	3つのHapMapフェーズすべてから最適化されたタグSNPコンテンツは、最も多くの共通SNPバリエーションを捕捉し、形質や疾患との新たな関連性の発見を促進するために戦略的に選択されています
Infinium Omni5Exome-4	ヒト	500,000	120,000	この高密度アレイは、一般、中間、希少なSNPを卓越したカバレッジを提供し、International HapMapプロジェクトおよび1000ゲノムプロジェクトから選ばれた強力なタグSNPを活用。全ゲノムの遺伝子型解析およびコピー数変異(CNV)解析のための機能的エクソニックコンテンツを提供
BovineHD	ウシ	777,962	N/A	ウシゲノム全体に均一に広がる777,000を超えるSNPが特長。
Infinium CanineHTS	イヌ	170,000	N/A	あらゆる犬種の遺伝的バリエーションに対応し、種内関連解析、CNV解析およびSNP解析に適したアレイ。

CytoScan™ HD / 750K アレイ 受託解析サービス



がん遺伝子、OMIM遺伝子、RefSeq遺伝子など包括的に染色体異常を検出

本解析サービスで使用するCytoScan™ HD Array およびCytoScan™ 750K Array は、細胞遺伝学研究において、重要な染色体異常の検出と解析を、他のどの技術よりも高い信頼性で行うことができるCNV解析用アレイです。微量ゲノムサンプルから染色体のコピー数解析実験を行い、データ解析結果をご返却します。Thermo Fisher Scientific社製専用解析ソフトウェア「Chromosome Analysis Suite (ChAS)」で、お客様自身の要件に基づくデータ解析とカスタムレポート作成をシンプルに行うことができます。

applied biosystems
by Thermo Fisher Scientific

Authorized Service
Provider

実現 できる
解析



- ✓ **全ゲノムを対象とした高精度コピー数変動 (CNV) 解析**
微小欠失・重複を含むゲノム構造異常を、全ゲノムスケールで高感度に検出。
- ✓ **SNP情報を活用した LOH/UPD の包括的評価**
腫瘍ゲノムなどのヘテロ接合性消失や片親性ダイソミーを網羅的に解析。
- ✓ **微小異常のスクリーニングから詳細解析まで対応**
数kb～数十kbレベルの異常まで検出可能 (アレイにより解像度は異なる)。

アレイの特長

CytoScan HD アレイ — 最も高精度なゲノム構造解析

- ✓ 約260万プローブを搭載した最高密度アレイ微小欠失
- ✓ 重複 (数kb) まで検出可能SNPプローブも豊富で、LOH/UPD解析の精度が高い

CytoScan 750K アレイ — コストと性能のバランスが良い標準アレイ

- ✓ 約75万プローブの中密度アレイ
- ✓ 全ゲノムのCNV/LOH解析に十分な解像度ルーチンQCやスクリーニング用途に最適



主要スペック	CytoScan HD	CytoScan 750K
コピー数マーカーの数		
コピー数マーカーの総数	2,696,550	750,344
非多型マーカーの数	1,953,246	546,916
SNPマーカーの数	743,304	200,428
遺伝子型を同定可能なSNPマーカー総数	749,157	200,550
ゲノムビルド		
常染色体マーカー	2,491,915	702,222
偽常染色体マーカー	4,624	994
遺伝子内マーカー	1,410,535	386,011
遺伝子間マーカー	1,286,015	364,333
マーカー間隔の平均 (塩基対)		
遺伝子内 (以下のすべての遺伝子内)	880	3,195
遺伝子間 (非遺伝子バックボーン)	1,737	5,526
全体 (遺伝子及び非遺伝子バックボーン)	1,148	4,181

※ Thermo Fisher Scientific社の各アレイデータシートより引用しています。

サービス情報

サービス名	サンプル数	品番
CytoScan™ HD 受託解析	10サンプル以上で受付	F-901835- (サンプル数)
CytoScan™ 750K 受託解析		F-901859- (サンプル数)

OncoScan™ CNV Plus Assay / CNV Assay 受託解析サービス



約900個のがん遺伝子に対する高解像度な解析が可能

本解析サービスで使用するOncoScan™ CNVおよびCNV Plus Assayは、固形腫瘍のホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)サンプルから全ゲノムのコピー数解析を可能にし、CNVとLOHの検出、約900個のがん遺伝子に対する高解像度な解析、癌で頻繁に検査される体細胞変異の有無判定を高い信頼性で行うことができるCNV解析用アレイです。

FFPEに由来する微量のDNAサンプルから、染色体のコピー数解析実験を行い、データ解析結果をご返却します。Thermo Fisher Scientific社製 専用解析ソフトウェア「Chromosome Analysis Suite (ChAS)」で、より分かりやすく異常領域を可視化でき、お客様自身の要件に基づいたデータ解析が可能です。



Authorized Service Provider

実現できる解析



- ✓ 腫瘍サンプルに特化した高精度コピー数変動 (CNV) 解析
FFPE由来の分解DNAでも安定した性能を発揮し、腫瘍特有の増幅・欠失領域を高感度に検出。
- ✓ SNP情報を用いた LOH/UPD/アレイベースのゲノム異常解析
腫瘍のクローン進化やゲノム不均一性の評価に有用な、LOH・UPD・アレイベースのアレル不均衡解析に対応。
- ✓ 腫瘍ゲノムの“全体像”を一度に把握
広範なゲノム異常を網羅的に解析し、腫瘍のゲノムプロファイルを短時間で取得。

アレイの特長

OncoScan CNV Plus Assay — がん関連領域を強化した拡張アッセイ

- ✓ CNV Assay の解析範囲に加え、がん関連遺伝子領域をさらに拡張
- ✓ 腫瘍のドライバー異常や治療標的候補の探索に有効

OncoScan CNV Assay — 腫瘍ゲノムの“全体像”を捉える標準アッセイ

- ✓ 腫瘍特有の増幅/欠失/LOH を網羅的に解析
- ✓ 腫瘍のゲノム不均一性やクローン構造の把握に有用
- ✓ バイオマーカー探索、腫瘍分類、薬剤反応性研究に最適



解析例

Thermo Fisher Scientific社製専用解析ソフトウェア「Chromosome Analysis Suite (ChAS)」データ解析例

※Thermo Fisher Scientific社のOncoScan CNV and CNV Plus Assaysチラシより引用しています。



図. ChASソフトウェアにおけるOncoScan CNVアッセイデータのlog₂比およびBAF表示
cnLOH (黄色の四角)、CN欠失 (赤色の四角)、およびCN増加 (濃い紫色の四角、実線または点線) を示しています。

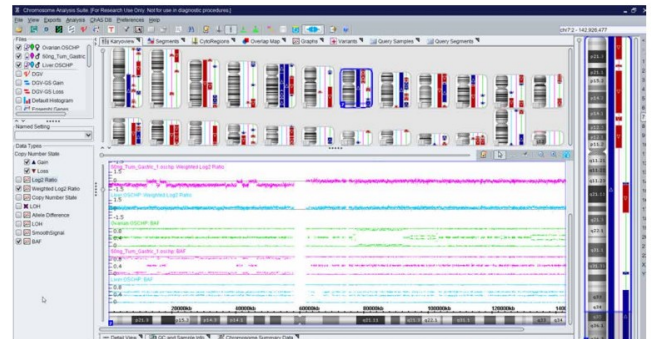


図. ChASソフトウェアのkaryoviewで表示したOncoScan CNVアッセイデータ
コピー数増加は青色、コピー数減少は赤色で示しています。

サービス情報

サービス名	サンプル数	品番
OncoScan™ CNV Plus Assay 受託解析	10サンプル以上で受付	F-902293- (サンプル数)
OncoScan™ CNV Assay 受託解析		F-902695- (サンプル数)

KaryoStat™ / KaryoStat™ HD Assay

受託解析サービス



260万個超のコピー数解析マーカー搭載PSC(多能性幹細胞)解析用アレイ

近年ではES細胞、iPS細胞などを始めとした再生医療研究が大きな注目を集めています。KaryoStat™およびKaryoStat HD Assayは、PSC(多能性幹細胞)解析用のアプリケーションとして開発されたアレイで、総数260万個を超えるコピー数解析用マーカーを搭載しており、うち約75万個は99%を上回る精度で遺伝子型を完全に同定できるSNPを搭載しているため、染色体異常を正確に検出し、全ゲノムカバレッジなジェノタイピングが行えるアッセイです。Thermo Fisher Scientific社製 専用解析ソフトウェア「Chromosome Analysis Suite (ChAS)」で、お客様独自の要件に基づくデータ解析とカスタムレポート作成をシンプルに行っていただくことができます。



Authorized Service Provider

実現できる解析



- ✓ **全ゲノムのコピー数変動 (CNV) を高精度に**
検出数十kbレベルの欠失・重複を含むゲノム構造異常を、全ゲノムスケールで解析。
- ✓ **iPS細胞・幹細胞のゲノム安定性を一括評価**
G-band法では見逃される微小異常も検出。
- ✓ **SNP情報を用いた LOH/UPD/アレル不均衡解析**
アレル構成の変化を捉え、コピー数だけでは分からないゲノム異常も明確化。
- ✓ **核型解析の代替・補完として利用可能**
染色体全体の構造異常を迅速にスクリーニング

核型解析 vs マイクロアレイ

核型解析vsマイクロアレイ	核型解析	Karyo Stat HD (本サービス)
解像度	>10mb	25kb
LOH(ヘテロ接合性欠失)	-	+++
Copy neutral LOH (コピー数の変化のないLOH)	-	+++
Copy number (コピー数) gain/loss	+ (大きな異常)	+++
モザイク	+	+++

アレイの特長

KaryoStat™ HD Assay — 微小異常まで捉える高分解能ゲノム解析アッセイ

- ✓ 高分解能ゲノムカバレッジにより、25-50 kb のコピー数変化を高い特異性で検出
- ✓ 99%以上の感度を有し、微小なゲノム異常や低レベルモザイクを視覚化
- ✓ 260万を超えるコピー数マーカーを搭載し、OMIM™ および RefSeq の全遺伝子領域をカバー

KaryoStat™ Assay — G-band核型解析の代替となる全ゲノムQCアッセイ

- ✓ G-band核型解析の代替として利用でき、全ゲノムをカバーした染色体異常検出が可能
- ✓ 異数性/微細なコピー数変化/モザイク現象を研究用途で高感度に検出



主要スペック	KaryoStat™ HD Assay	KaryoStat™ Assay
Gain	> 25~50kb	> 2Mb
ロス	> 25~50kb	> 1Mb
ヘテロ接合性の欠如 (AOH)	> 1Mb	> 5Mb
SNP	可	可
カバレッジ	最高	低

サービス情報

サービス名	サンプル数	品番
KaryoStat™ HD Assay 受託解析サービス	10サンプル以上からの受注受付	F-905404- (サンプル数)
KaryoStat™ Assay 受託解析サービス		F-905403- (サンプル数)

RNA解析もお任せください！

RNA解析用のマイクロアレイ受託解析サービスも承っています。
お気軽にご相談ください。

遺伝子発現解析

- ✓ GeneChip™ アレイ
 - Clariom™ D Assay (包括的トランスクリプトーム解析)
 - Clariom™ S Assay (遺伝子レベルでの全トランスクリプトーム発現プロファイリング解析)
 - Exon ST Array (全ゲノム規模のエクソンレベル解析)
 - Gene ST Array (多くの生物種の全転写産物発現解析)
 - 3'IVT Array (3'末端ゲノム発現解析)

ノンコーディングRNA 解析

- ✓ GeneChip™ miRNAアレイ
- ✓ LncRNA (長鎖ノンコーディングRNA) アレイ
- ✓ small RNA (スモールRNA) アレイ
- ✓ SE-LncRNA (スーパーエンハンサー長鎖ノンコーディングRNA) アレイ
- ✓ LncPath™ Pathway LncRNA (パスウェイ別長鎖ノンコーディングRNA) アレイ
- ✓ CircRNA (環状RNA) アレイ
- ✓ T-UCR (転写超保存領域) アレイ
- ✓ piRNA (PIWI結合RNA) アレイ
- ✓ DoG RNA (遺伝子下流転写物) アレイ
- ✓ GlycoRNA (糖鎖修飾RNA) アレイ

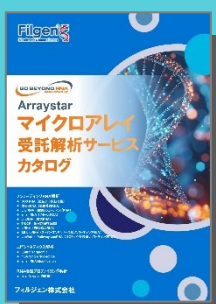
エピジェネティクス解析

- ✓ Epitranscriptomic アレイ
- ✓ m6A Single Nucleotide アレイ
- ✓ Small RNA Modification アレイ

RNA構造プロファイリング解析

- ✓ rG4 (RNA G-四重鎖) アレイ

併せてご覧ください！



Arraystar社 マイクロアレイ受託解析サービス カタログ

【掲載内容】

- ノンコーディングRNA解析
- エピジェネティクス解析
- RNA構造プロファイリング解析

ダウンロードはこちら



https://filgen.jp/Product/Bioscience/Arraystar/Arraystar_Microarray_Service_Catalog_2026.pdf

【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。

販売元



フィルジェン 株式会社

受託解析部

【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 : support@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(Mar.,2026)