

# 次世代シーケンス サービス&製品 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

# サービス&製品

## SERVICE & PRODUCTS

### 受託解析サービス

#### ゲノミクス

ヒト/動植物全ゲノムシーケンス受託解析サービス	3
動植物 de novo ゲノムシーケンス受託解析サービス	4
SLAF-Seq 受託解析サービス	5
Hi-C Genome Assembly 受託解析サービス	6-7
Hi-C シーケンス受託解析サービス	8
CytoTerra® Cytogenomics 受託解析サービス	9
eccDNA-seq 受託解析サービス	11-12

#### 遺伝子パネル解析

ヒト全エクソームシーケンス受託解析サービス	13
リキッドバイオプシー用 OptiSeq™ がんパネル解析サービス	14

#### メタゲノミクス

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	15
ショットガンメタゲノムシーケンス受託解析サービス	16
16S/18S/ITS アンプリコンシーケンス受託解析サービス (ショートリード)	17
16S/18S/ITS アンプリコンシーケンス受託解析サービス (PacBio)	18
細菌/真菌全ゲノムリシーケンス受託解析サービス	19
細菌ゲノムde novo assembly 受託解析サービス	20
真菌ゲノムde novo assembly 受託解析サービス	21-22

#### エピゲノミクス

全ゲノムバイサルファイトシーケンス (WGBS) 受託解析サービス	23
ChIP-Seq 受託解析サービス	24
RRBS (Reduced Representation Bisulfite Sequencing) 受託解析サービス	25
ATAC-Seq 受託解析サービス	26
Hi-C クロマチン相互作用受託解析サービス	27-28
(h)MeDIP-Seq with lncRNA Promoter 受託解析サービス	29-30
R-loop profiling (DRIPc-Seq) 受託解析サービス	31-32

#### トランスクリプトミクス

真核生物用 mRNA-Seq 受託解析サービス	33
原核生物用 mRNA-Seq 受託解析サービス	34
メタトランスクリプトームシーケンス受託解析サービス	35
small RNA-Seq 受託解析サービス / Exosome small RNA-Seq 受託解析サービス	36
CircRNA-Seq 受託解析サービス	37
Long non-coding RNA-Seq 受託解析サービス	38
PacBio Iso-Seq 受託解析サービス	39
全トランスクリプトームシーケンス受託解析サービス	40
tRNA-Seq 受託解析サービス	41-42
tRF&tRNA-Seq 受託解析サービス	43-44

## 受託解析サービス

### シングルセル解析

シングル核 RNA シークエンス (snRNA-seq / 10x Genomics Chromium) 受託解析サービス .....45-46

### 空間トランスクリプトミクス

空間トランスクリプトーム (BMKMANU) 受託解析サービス .....47-49

空間トランスクリプトーム (10x Genomics Visium) 受託解析サービス .....50-52

### エピトランスクリプトミクス

RNA修飾シークエンシング受託解析サービス (m6A、m5C、m1A、ac4C、m7G、Ψ) .....53-54

### トランスラトミクス

Ribosome Profiling 受託解析サービス .....55-56

### レパトア解析

Reptor™ 免疫レパートリーシークエンス受託解析サービス .....57-58

### 抗体プロファイリング解析

PHIP-Seq Antibody Profiling 受託解析サービス .....59-60

## バイオインフォマティクス・ソフトウェア

CLC Genomics Workbench / CLC Genomics Workbench Premium .....61

機能ゲノミクス解析ソフトウェア - OmicsBox .....62

遺伝統計解析ソフトウェア - SNP & Variation Suite .....63

クリニカルシークエンス解析ソフトウェア - VarSeq® .....64

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 - BBrowserX Pro / SpatialX / Talk2Data .....65

## 試薬・消耗品

NGS RNA-seqライブラリー調製キット .....66

ターゲットシークエンス用ライブラリー調製キット .....67-68

cfDNA・がんパネルライブラリー調製キット ATOMSeq® テクノロジー .....69

cfDNA・がんパネルライブラリー調製キット XCeloSeq Targeted cfDNA Enrichment Kit .....70

RealSeq®-AC miRNA Library Kit .....71

RiboMarker® RNA Fragmentomics Library Preparation Kit .....72

各種次世代シークエンス用ライブラリー調製キット .....73

MHC Library Prep & Capture Kit / LRC/KIR Library Prep & Capture Kit .....74

## 科学機器

組織分散装置 TissueGrinder .....75

マイクロフルイディクス型セルソーター WOLF® G2 Cell Sorter .....76

シングルセルDNA/マルチオミクス解析プラットフォーム Tapestry Platform .....77-78



概要

既知の参照ゲノムを持つ種の各個体の全ゲノム配列決定を行い、個体または集団のゲノム配列の差異を特定します。一塩基多型 (SNP)、挿入欠失 (InDel)、構造変異 (SV)、およびコピー数変異 (CNV) の同定が可能です。

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、およびバイオインフォマティクス解析を実施いたします。

**ライブラリー調製**  
対応生物種：ヒト・動植物  
ライブラリー種類：標準 (PCRあり) またはPCR-free

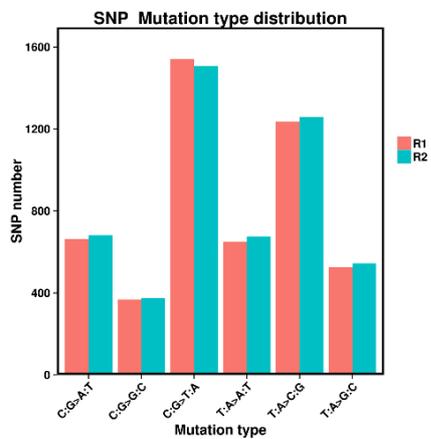


**次世代シーケンス反応**  
[シーケンスプラットフォーム]  
・ショートリード：Illumina NovaSeq または MGI DNBSEQ-T7  
・ロングリード：Nanopore Promethion P48 または PacBio Revio

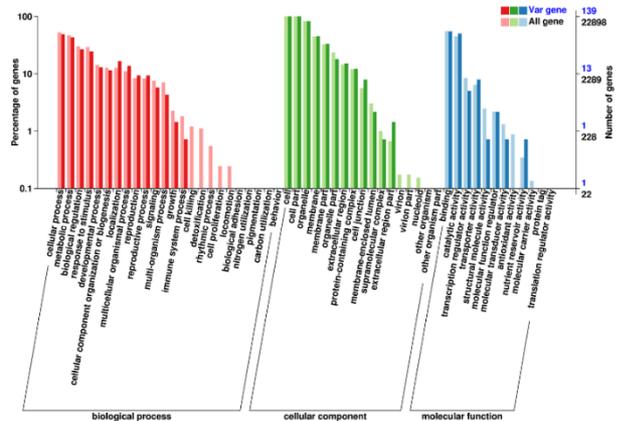
**有償オプション**  
**バイオインフォマティクス解析**  
[解析内容 (提携先解析パッケージ)]  
・データQC  
・参照ゲノムへのアライメント  
・変異同定 (SNP、InDel、SV、CNV)  
・変異の機能アノテーション

解析データ例

サンプル間のSNPコール



同定されたバリエーションを持つ遺伝子の機能アノテーション - Gene Ontology



サンプル条件

サンプルタイプ	プラットフォーム	必要量 (Qubit®)	濃度	液量	純度 (NanoDrop™)
ゲノムDNA	Illumina / MGI	標準ライブラリー (PCRあり) : $\geq 60$ ng *PCR-freeライブラリーをご希望の場合はお問合せください。	$\geq 1$ ng/ $\mu$ L	$\geq 60$ $\mu$ L	分解、コンタミがないこと。 メインバンドが鮮明であること。
	Nanopore	$> 4$ $\mu$ g/flow cell	$\geq 80$ ng/ $\mu$ L	$\geq 50$ $\mu$ L/flow cell	OD260/280=1.7-2.2 OD260/23 $\geq 1.5$ 分解およびコンタミがないこと。
	PacBio	$> 10$ $\mu$ g/flow cell	$\geq 100$ ng/ $\mu$ L	$\geq 100$ $\mu$ L/flow cell	OD260/280=1.7-2.2 OD260/23=1.8-2.5 分解およびコンタミがないこと。



### 概要

参照ゲノムがない生物種において、全ゲノムを構築するサービスです。ロングリードシーケンシングの導入と普及により、リード間のオーバーラップが増加し、ゲノムアセンブリが大幅に向上しました。高いヘテロ接合性、高い反復領域比率、倍数体、そして反復エレメント、異常な GC 含有量、または高い複雑性を示す領域など、ショートリードシーケンシングのみでは通常アセンブルできない様な困難なゲノムを扱う場合に特に有効です。



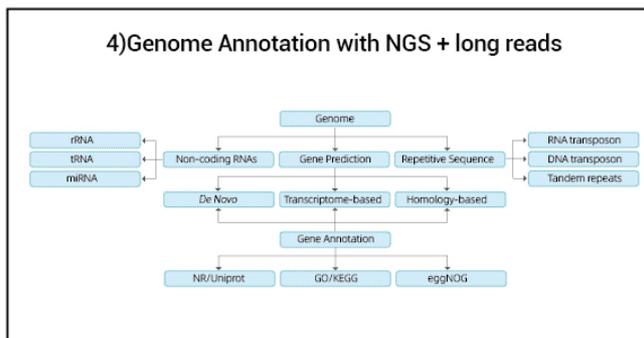
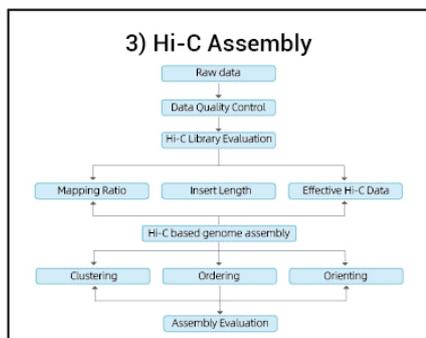
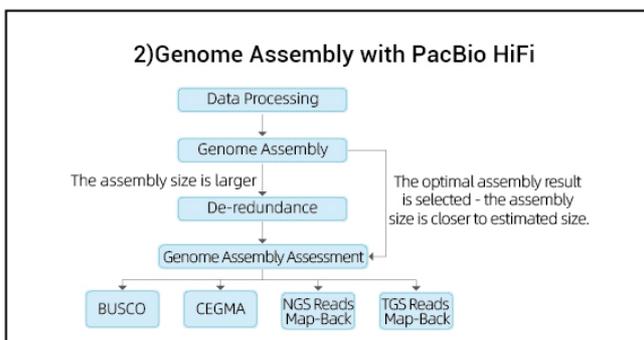
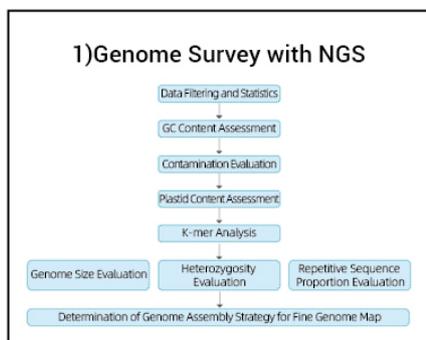
### サービス内容

作業内容：サンプル QC チェック、ライブラリー調製、シーケンシング作業、バイオインフォマティクス解析

#### <ワークフロー>



#### <データ解析内容>



### サンプル条件

#### ・Genome Survey および Genome assembly 用

解析種類	サンプルタイプ	濃度	必要量 (Qubit®)	純度
Genome Survey	ゲノム DNA	≧ 1 ng/μL	≧ 60 ng	分解およびコンタミがないこと
Genome assembly (PacBio)	ゲノム DNA	≧ 50 ng/μL	≧ 20 ng/flow cell	OD260/280 = 1.7-2.2 OD260/230 = 0.8-2.5 分解およびコンタミがないこと

※ Hi-C assembly 用はお問合せください。

#### ・Genome annotation 用

プラットフォーム	サンプルタイプ	濃度	量	RIN	純度
Illumina	Total RNA	≧ 20 ng/μL	≧ 1 μg	≧ 6	OD260/280 = 1.7-2.5 OD260/230 = 0.5-2.5 5 ≧ 28S / 18S ≧ 1
PacBio	Total RNA	≧ 100 ng/μL	≧ 1.5 μg	≧ 8	
Nanopore	Total RNA	≧ 100 ng/μL	≧ 1.2 μg	≧ 7.5	

## 概要

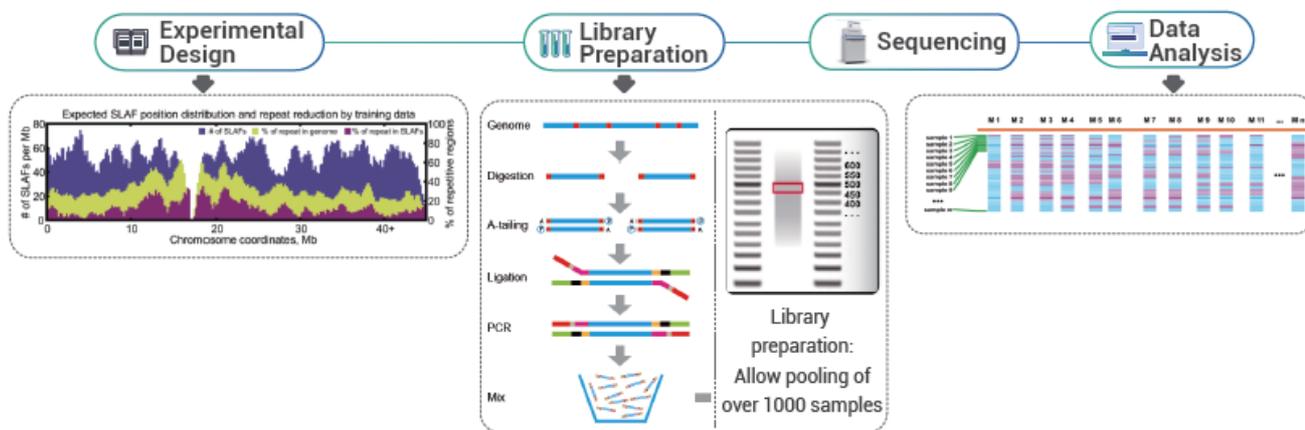
大規模集団におけるジェノタイプ解析は、遺伝的関連研究の基本ステップであり、機能的遺伝子探索や進化解析などのための遺伝的基盤を提供します。このような研究では、全ゲノムのディープシーケンスの代わりに、Reduced Representation Genome Sequencing (RRGS) を採用することで、遺伝子マーカー探索において妥当な効率を維持しながらサンプルあたりのシーケンシングコストを最小限に抑えることが可能です。RRGS は、DNA を制限酵素で消化し特定の断片サイズ範囲に焦点を当て、ゲノムの一部のみをシーケンシングすることでこれを実現します。様々な RRGS 手法の中でも、特定遺伝子座増幅断片シーケンス (Specific-Locus Amplified Fragment Sequencing : SLAF-Seq) はカスタマイズ可能で高品質なアプローチです。



BMKGene 社が独自に開発したこの方法は、プロジェクト毎に制限酵素セットを最適化します。これにより、反復領域を効果的に回避しながらゲノム全体に均一に分布する相当数のSLAFタグ (配列決定対象のゲノムの 400~500 bps 領域) が生成され、最適な遺伝子マーカーの発見が保証されます。

## 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) から次世代シーケンス、バイオインフォマティクス解析まで実施いたします。



### 【作業内容】



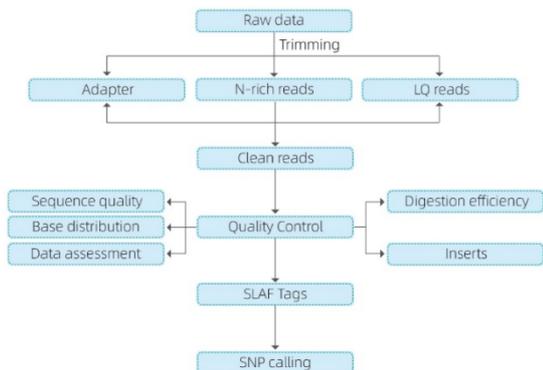
1. サンプル QC チェック
2. In Silico プレデザイン：複数の制限酵素の組み合わせをスクリーニングし、SLAF タグの均一な分布を生成するものを見つけます。
3. パイロット実験：3 サンプルで 3 つの酵素の組み合わせをテスト。9 つの SLAF ライブラリーから、各プロジェクトに最適な制限酵素の組み合わせを選択
4. SLAF ライブラリー作製
5. シーケンス作業
6. バイオインフォマティクス解析

### 【シーケンスパラメーター】

解析の種類	推奨母集団規模	シーケンス条件 (推奨)	
		タグシーケンスの深度	タグ数
遺伝子地図	両親とその子孫 (> 150)	両親：20 x WGS 子孫：10 x	ゲノムサイズ： < 400Mb : WGS 推奨
ゲノムワイド関連シーケンス解析 (GWAS)	≥ 200サンプル	10 x	< 1Gb : 100K tags 1-2Gb : 200K tags > 2Gb : 300K tags
遺伝的進化	≥ 30サンプル 各サブグループ：10サンプル~	10 x	最大 500K tags



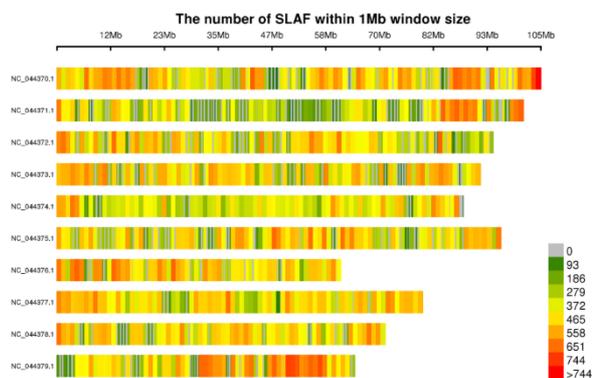
【データ解析パイプライン】



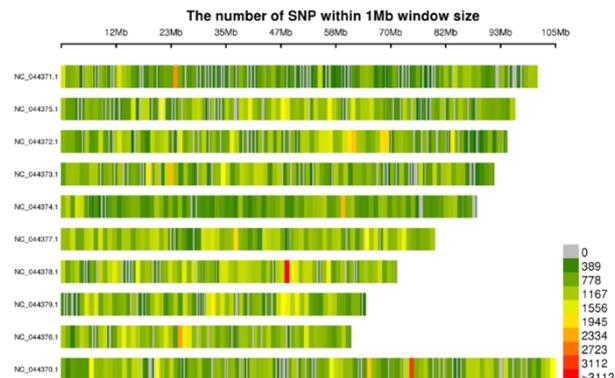
1. データQC
2. SLAF タグの開発  
参照ゲノム有りの場合：マッピング  
参照ゲノム無しの場合：クラスタリング
3. SLAF タグの解析：統計、ゲノム全体の分布
4. マーカーの検出：  
SNP、InDel、SV および CNV コーリングとアノテーション

解析データ例

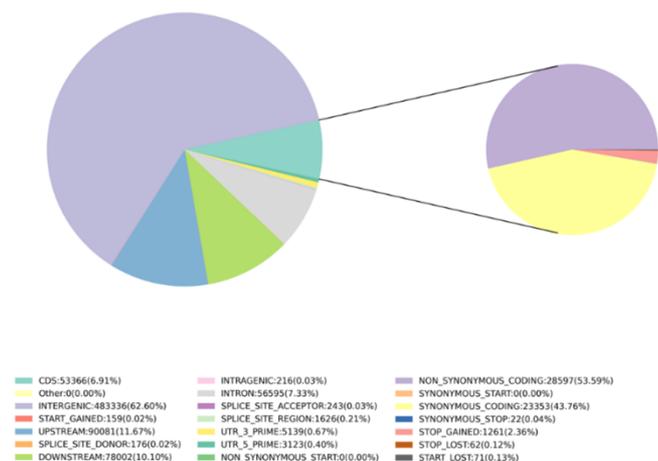
染色体上の SLAF タグの分布



染色体上の SNP の分布



SNPアノテーション



サンプル条件

サンプルタイプ	必要量 (Qubit®)	液量	濃度	純度 (NanoDrop™)
ゲノム DNA	≥ 160 ng	≥ 30 μL	≥ 5 ng/uL	O.D.260/280=1.6-2.5 分解およびコンタミがない



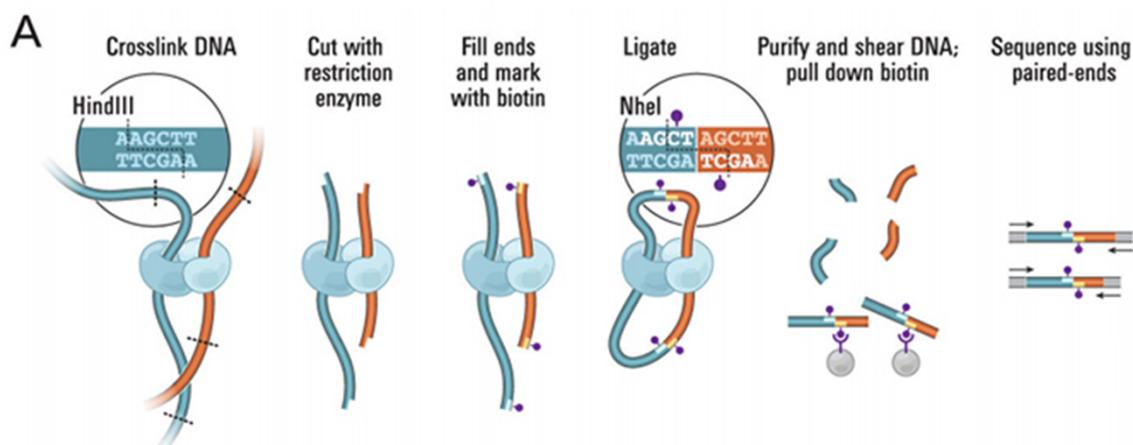
### 概要

Hi-C シークエンスは、近接性に基づく相互作用の探査とハイスループットシーケンスを組み合わせた手法で、染色体の配置を把握するためにデザインされました。相互作用の強度は、染色体上の物理的距離と負の相関があると考えられています。Hi-C データに基づいて、ドラフトゲノム内のアセンブルされたコンティグのクラスタリング、順序付け、方向付け、そしてそれらを特定の染色体に割り当てることで、染色体レベルのゲノムアセンブリを可能にします。



### サービス内容

ご送付頂いた組織サンプルのクロスリンク、ライブラリー調製、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。



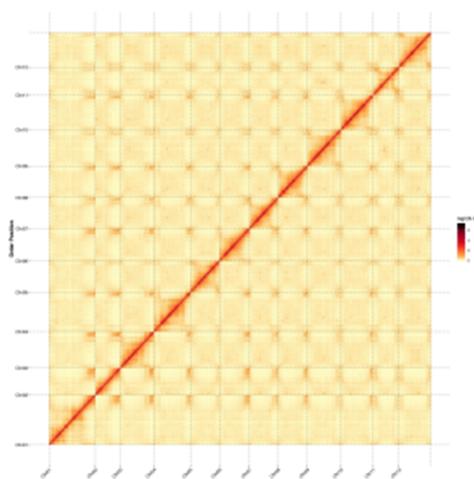
- ◆ 組織サンプルで受入れ：ホルムアルデヒドでクロスリンクし、DNA とタンパク質の相互作用を保存
- ◆ 制限酵素による切断、そして付着末端の修復が行われ、その際にビオチンが付加されます。その後、相互作用を保持したまま、得られた平滑末端を環状化します。続いて DNA はストレプトアビジンビーズでプルダウンされ、その後のライブラリー調製のために精製されます。
- ◆ シークエンス条件：illumina Novaseq, PE150

### 解析データ例

Hi-C ライブラリー QC - Hi-C 有効相互作用ペアの推定

Library	Type	Number	Ratio(%)
Unknown	Unique Paired Alignments	151,422,445	100
Hi-C Fragment	Valid Interaction Pairs	82,951,643	54.78
Valid Pairs	Dangling End Pairs	53227628	35.15
Invalid Pairs	Re-ligation Pairs	2,528,673	1.67
Singleton	Self-cycle Pairs	887,496	0.59
Dangling end	Dumped Pairs	11,827,005	7.81
Self Circle			
Dumped Pairs			

アセンブリ後の評価 - ビン間の信号強度のヒートマップ



Hi-Cアセンブリ - 統計

ScfNum	ScfLen	ScfN50	ScfN90	ScfMax	CtgNum	CtgLen	CtgN50	CtgN90	CtgMax	GC(%)
31,607	990,158,507	22,175,826	9,252	40,971,832	60,311	899,130,047	38,563	6,648	321,902	43.41

### サンプル条件

動物の内臓	動物の筋肉	哺乳類の血液	家禽/魚の血液	植物 (新鮮な葉)	培養細胞	昆虫
≧ 2 g	≧ 20 g	≧ 2 mL	≧ 2 mL	≧ 3 g	≧ 1x10 <sup>7</sup>	≧ 2 g



受託解析  
サービス

## ゲノミクス Proximo™ Hi-C シークエンス受託解析サービス

### 概要

Phase Genomics 社の Proximo™ Hi-C シークエンス受託解析サービスでは、Phase Genomics 社 Proximo Hi-C キットを用いたライブラリー調製およびシーケンシングを行います。Proximo キットはサンプル種類に合わせてカスタマイズされた試薬が含まれており、より確実な解析結果をもたらします。最適化された 5 種類のキット (ヒト、動物、植物、真菌、微生物) によって、あらゆる生物種に対して確かな結果を提供します。



### 特長

- サンプル種類に特化した試薬
- 高分子 DNA の抽出が不要
- 高品質で長距離のシーケンスデータ
- 1キットあたり使いやすい 2パック
- ショートリード対応 : illumina または Element シークエンス対応のライブラリー調製
- ※ 受託サービスでは illumina シークエンサーにてデータ取得を行います

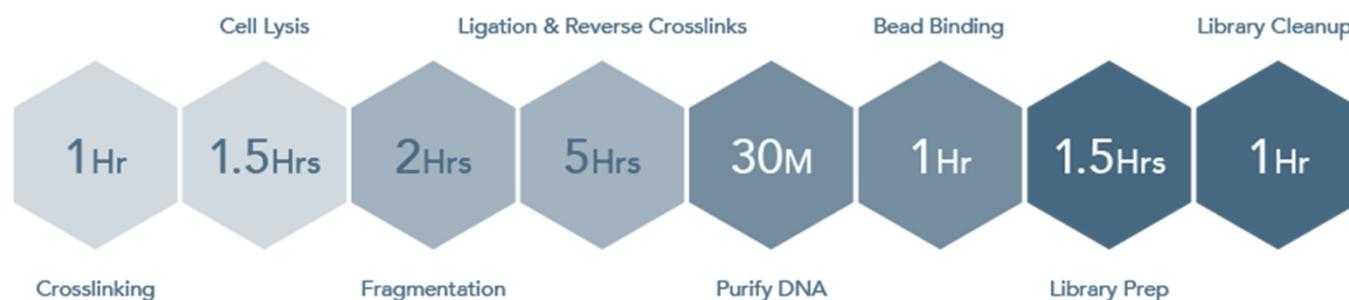


### 解析の流れ

組織サンプルから FASTQ ファイル取得までのサービスです。



受託サービスの他、Proximo Hi-C kit をご購入いただくことも可能です。近接ライゲーションライブラリー調製は、ワークフローの中でも特殊な部分です。Phase Genomics 社の Proximo Hi-C ライブラリー調製キットは、高分子量 (HMW) DNA の抽出を必要としない、効率的なされたプロトコルを提供します。8ステップのライブラリー調製ワークフローは下記の通りです。



本キットは、デュアルインデックスの近接ライゲーションライブラリーを生成し、illumina または Element シークエンサーにてシーケンス可能です (受託サービスでは、illumina シークエンサーでデータ取得を行います)。本ライブラリーは約 5,000 万 ~ 1 億のペアエンドリード取得を必要とします。

なお、Hi-C ゲノムスキャフォールディング解析においては、全ゲノムシーケンスによるドラフトアセンブリデータが必要となりますこと、ご注意ください。

※ 本サービスには、ゲノムスキャフォールディング解析は含まれておりません。

### ご提供いただくサンプルおよび情報

- Draft assembly (FASTA 形式) : Hi-C ライブラリー QC チェック用
- 固定済みサンプル

例) 植物の葉 : 0.5 g、動物組織 : 0.5 g、培養細胞 :  $1 \times 10^8$  個、血液細胞 : 250  $\mu$ L

\*組織サンプルを送付いただく場合、生物種によっては輸出・輸入制限のある場合がありますこと、予めご了承ください。



## 概要

Phase Genomics 社独自の Genomic Proximity Mapping™ (GPM) テクノロジーと AI ベースの計算ツールを基盤とする CytoTerra プラットフォームは、従来のアプローチに伴うギャップや課題を解消し、ゲノムランドスケープの包括的な全体像を提供します。NGS ベースの単一アッセイで、標準的な細胞遺伝学解析、FISH、CMA を組み合わせたものよりも高解像度で、幅広い染色体異常を特徴づけることができます。



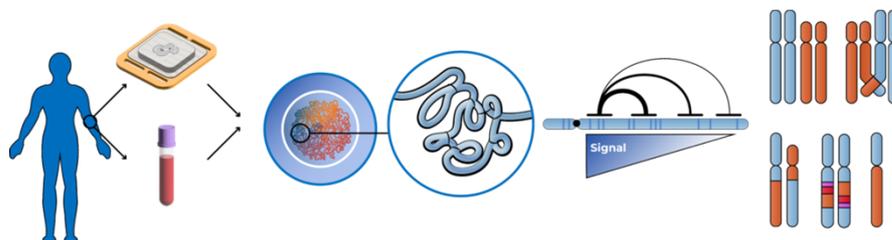
### <特長>

- 高解像度な NGS ベースの単一アッセイで、ゲノムワイドな染色体異常の検出
- ブレークポイントコール (逆位、転座、挿入など) とリージョナルコール (欠失、重複、コピーニュートラルなヘテロ接合性喪失、倍数性など)
- 血液や FFPE 組織を含む多種多様なサンプルタイプからの包括的な細胞遺伝学的情報により、腫瘍学および遺伝病研究における新たな知見が得られる
- サンプルからレポートまでを統合したサービス：高度な NGS 経験は不要

## サービス内容

### 遺伝子地図のトポグラフィーを明らかにする

CytoTerra® Cytogenomics プラットフォームは、従来の細胞遺伝学のゲノムワイドな構造変異検出能力と、染色体マイクロアレイおよび FISH の分子レベルの精度を、単一の強力な NGS ベースのアッセイに統合します。

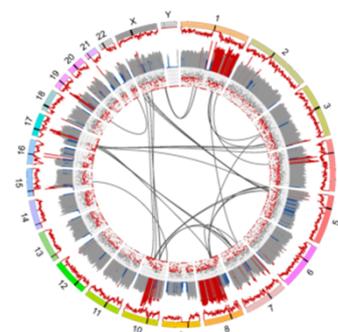


近接ライゲーションは、組織、血液、その他のサンプルから、短距離、長距離、超長距離の細胞内 DNA コンタクト (上図の黒い円弧) を捕捉するために使用されます。同一細胞に由来するキメラ接合部を回収し、ショートリードシーケンスライブラリーを作製後、ペアエンドシーケンスを行います。近接ライゲーションシグナルは、ゲノム上の任意の2つの遺伝子座間のゲノム距離が短くなるにつれて増加します。AI 駆動型の CytoTerra ソフトウェアは、この固有の情報を高い信頼性で推定し、主要タイプの染色体異常をゲノムワイドに検出することを可能にします。

### 容易な解析を実現する統合バイオインフォマティクス

CytoTerra® Curator は、細胞遺伝学的データの管理を簡素化します。バイオインフォマティクスに関する予備知識は必要ありません。Curator は、CytoTerra プラットフォームで生成されたデータをレビュー、修正、可視化できるデータキュレーションプラットフォームです。

データが CytoTerra プラットフォームにアップロードされると、Phase Genomics 社のバリエーションコーラスイートによって処理され、染色体異常の可能性のある領域をハイライト表示するコールセットが生成されます。これらのコールセットは Curator 上で視覚化および操作でき、ボタンをクリックするだけでレビューやレポート作成が可能です。



- **レビュー**：CytoTerra プラットフォームで生成されたバリエーションコールを表示し、コントロールゲノムと比較することで、ブレークポイントや領域バリエーションの解釈を容易にします。
- **修正**：Curator の組み込みツールを利用して、関心領域の選択、ヒートマップのアノテーション付け、染色体異常の特定などを行い、独自のコールセットを生成します。
- **レポート**：選択したコールセットから、論文発表に適した視覚化やレポートを作成します。

## 解析の流れ

本プラットフォームは、出生前または出生後の粗サンプルから始まり、標準的な国際命名規約 (International System for Human Cytogenetic Nomenclature : ISCN) および塩基配列に基づいた表記法による包括的で実用的なレポート作成までを行う、Sample-to-Report サービスです。

生体試料からプロキシミティライゲーションライブラリーを調製

illuminaプラットフォームでペアエンドシーケンス

独自の計算ツールを用いて、完全自動化されたクラウドベースの解析

※ 別途ライブラリー調製キット (RUO) のご用意もございますので、ご興味ございましたら、お問合せください。



## 解析データ例

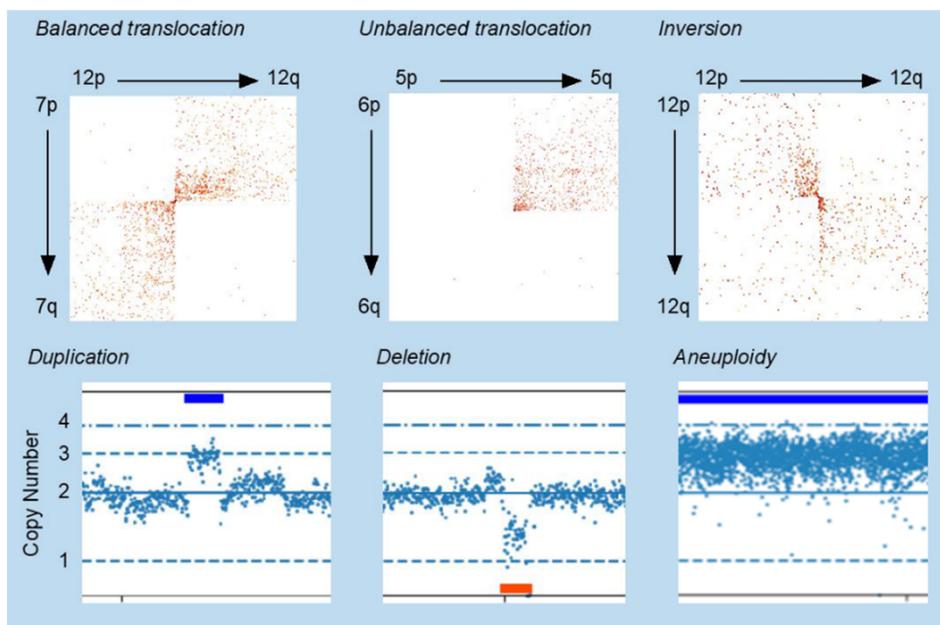
### 高い特異性と感度で染色体異常を解析

インтакт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。下図では、174 Mb のコンタミナントシーケンスが除外されています。

Feature/Abnormality	CytoTerra® Platform	WGS	Chromosomal Microarray	FISH	Karyotyping
Genome-wide detection	Yes	Yes	Yes	No	Yes
Unbalanced chromosomal alterations (deletion/duplication/amplification)	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Balanced rearrangements (translocation/inversion/insertion)	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Chromothripsis (cth)	Yes	Yes	Yes	No	No
Complex rearrangements	Yes	No	No	No	No
Resolution	High	High	Medium	Medium	Low

### 単一のアッセイで主要な構造変異クラスをすべて評価

不均衡型転座、均衡型転座、複合型転座など、さまざまな種類の染色体異常の代表例（可視化）。図の上段にある均衡型転座、不均衡型転座、および逆位は、近接相互作用マトリックス上の特定のパターンによって示され、CytoTerra の計算ツールを使用して検出が可能です。重複、欠失および異数性（下段の例）もこのプラットフォームで検出し、カバレッジプロットングスクリプトを使用して可視化することができます。



## サンプル条件

### クロマチン架橋処理済みサンプル

全血、リンパ球、白血病血液、線維芽細胞、新鮮凍結組織および FFPE 組織、骨髄吸引液、羊膜細胞（直接採取または培養）、絨毛膜絨毛（直接採取または培養）、胎児組織（POC：product of conception）および胎児剖検組織に対応しています。その他サンプルタイプとの適合性については、弊社までお問合せください。



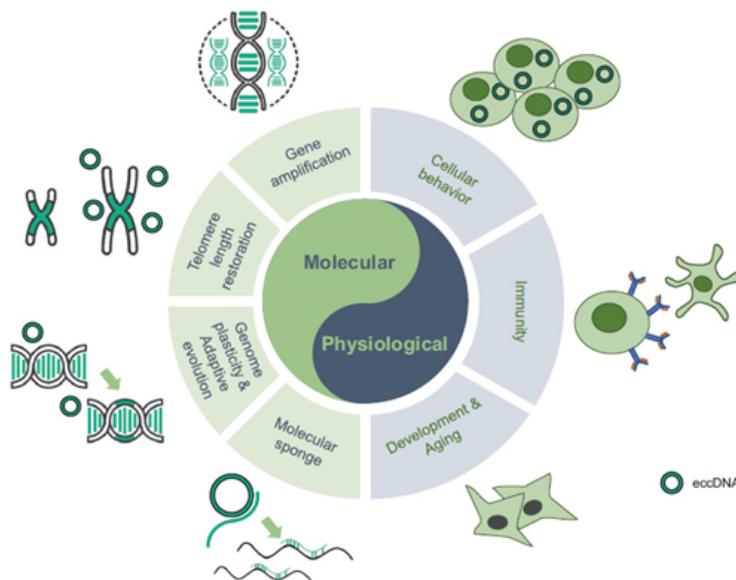
### 概要

DNA サンプル中には、圧倒的な量の直鎖状染色体 DNA と環状ミトコンドリアDNA (mtDNA) が存在しており、NGS 解析においてこれらは、染色体外環状 DNA (Extrachromosomal circular DNA : eccDNA) の取得リード数を大幅に減らす可能性があるため、eccDNA-Seq ではこれらを除去する必要があります。本解析では、制限エンドヌクレアーゼ切断によって環状 mtDNA を線形化し、線形化された mtDNA と直鎖状染色体 DNA を直鎖 DNA 特異的エキソヌクレアーゼによって消化することで、サンプル中の eccDNA を無傷のまま濃縮します。ローリングサークル増幅 (RCA) によって eccDNA を増幅し、eccDNA のシグナルとデータ品質を大幅に向上させます。本サービスでは micro-eccDNA と mega-eccDNA を同時にプロファイリング可能です。



### なぜ eccDNA を研究するのか？

eccDNA は、通常の染色体 DNA の外側に存在する二本鎖環状 DNA 分子の一種で、ヒトの正常組織、癌組織、体液、およびその他の真核細胞に広く存在しています。長さにより、micro-eccDNA (10 kb 未満) と mega-eccDNA (10 kb 以上) の2つの主要なカテゴリに分類されます。micro-eccDNA は、正常組織のゲノムの任意の領域から、またはプログラム細胞死の副産物として生じることがあります。これらの実態は、通常遺伝子を持たず、細胞内での増幅または増殖選択を受けていません。染色体外 DNA (ecDNA) という用語は、非常に大きな mega-eccDNA、すなわちクローン的に遺伝し、自己複製し、増幅し、癌細胞でのみ選択される大きなクローン性環状 DNA 分子 (10 kb ~ 数 Mb) を指すのによく使われます。これらには、がん遺伝子、薬剤耐性遺伝子、またはモバイルスーパーエンハンサーなどが頻繁に存在し、癌にとって進化的な選択的優位性をもたらしています。eccDNA は多様な分子的 (遺伝子増幅、テロメア長回復など) および生理学的 (免疫、老化など) プロセスを制御し、様々な疾患と密接に関連しており、優れた診断および予後マーカーとなり得ます。近年、eccDNA は、がん研究における大きなブレイクスルーおよび研究ホットスポットの 1 つになっています。



<eccDNA 関連疾患に関する参考文献>

Zhao, Y., et al. (2022) "Extrachromosomal circular DNA: Current status and future prospects" Elife 11([PMID: 36256570])

### サービス内容

本サービスは、ゲノム DNA ~ データ解析までのフルパッケージとなっています。

mtDNA の線状化および線状 DNA の除去後、  
RCA およびライブラリー調製  
対応生物種：ヒト、マウス、ラット

QC

QC

QC

#### 次世代シーケンス反応

[シーケンスプラットフォーム]

NovaSeq 6000、または NextSeq 500、PE150

シーケンス量：130 M reads (20 Gb) / サンプル

#### バイオインフォマティクス解析

[解析内容]

- ・シーケンスデータの QC
- ・ゲノム参照データベースへのリードマッピングとアライメント
- ・eccDNA 解析 (eccDNA の分類、アノテーション、ゲノム全体の染色体分布)
- ・eccDNA 発現変動解析
- ・発現変動 eccDNA 遺伝子のボルケーノプロット図
- ・発現変動 eccDNA 遺伝子の GO / Pathway 解析



## 解析データ例

### <アノテーション付き eccDNA データ表>

Type	Length	Soft clipped reads	Discordant pairs	Circle score	Chrom	Start	End
Mega-eccDNA	97,562,003	74	54	2733	Chr2	68799831	166361834
Mega-eccDNA	50,181,084	245	180	8117.43	ChrX	29724616	79905700
Mega-eccDNA	45,636,984	155	78	5603	Chr2	68533526	114170510
Mega-eccDNA	28,348,253	410	608	14514.49	ChrX	79870366	108218619
Micro-eccDNA	9,863	413	396	15689	Chr6	106157513	106167376
Micro-eccDNA	9,636	48	174	851.06	Chr4	169181379	169191015
Micro-eccDNA	9,403	179	124	7004	Chr13	86180618	86190021

Type	Gene ID	Overlap size	Gene ratio	Gene symbol	CancerDriverGene DB	Gene biotype	Gene locus
Mega-eccDNA	ENSG00000058085	58889	100%	LAMC2	TAG	Protein_coding	chr1:183155373-183214262:+
Mega-eccDNA	ENSG00000163041	10168	100%	H3-3A	NCGv7;AC	Protein_coding	chr1:226249552-226259720:+
Mega-eccDNA	ENSG00000158715	22658	100%	SLC45A3	IntOGen-DriverGenes;AC	Protein_coding	chr1:205626979-205649637:-
Mega-eccDNA	ENSG00000143184	5464	100%	XCL1	DriverDBv3;AC	Protein_coding	chr1:168545843-168551307:+

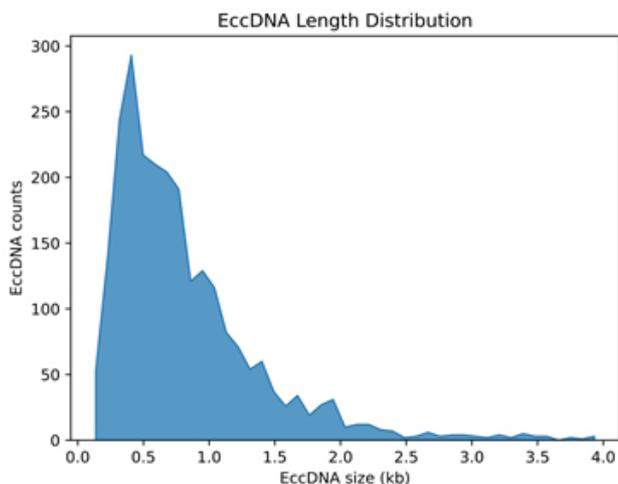


図3. eccDNA サイズ分布のヒストグラム

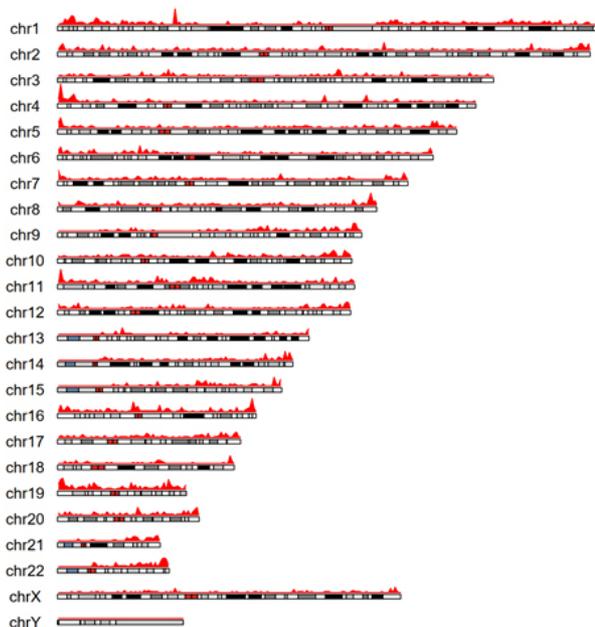


図4. ゲノム全体の eccDNA の分布

## サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最少量	濃度	純度
ゲノム DNA	> 3 µg	> 1 µg	> 20 ng/µL	O.D. <sub>260/280</sub> : > 1.7 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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。



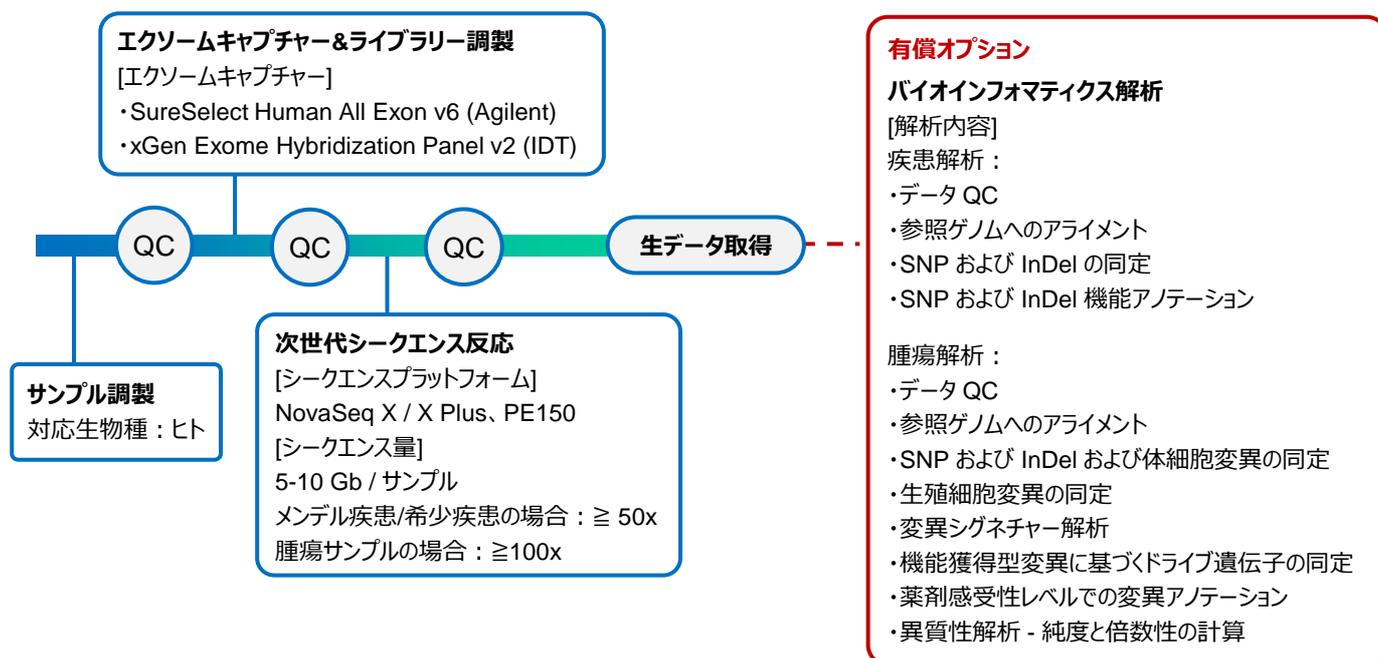
### 概要

ヒト全エクソームシーケンシング (hWES) は、疾患の原因となる変異を正確に特定するための、費用対効果の高い強力なシーケンシング手法として広く認められています。エクソンは、ゲノム全体の約 1.7 %を占めるに過ぎませんが、タンパク質全体の機能プロファイルを直接反映することで重要な役割を果たします。特にヒトゲノムでは、疾患に関連する変異の 85 %以上がタンパク質コード領域内で発現しています。様々な研究目的に対応できるように、2つの異なるエクソンキャプチャー戦略を備えた包括的かつ柔軟なサービスを提供します。



### 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。2種類のエクソームパネルからご選択いただけます。



### 解析データ例

以下は腫瘍解析例です。

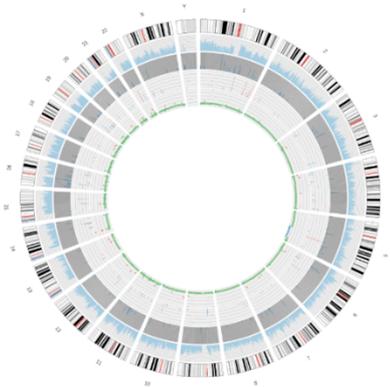


図1. Circos プロット：体細胞変異の同定と分布

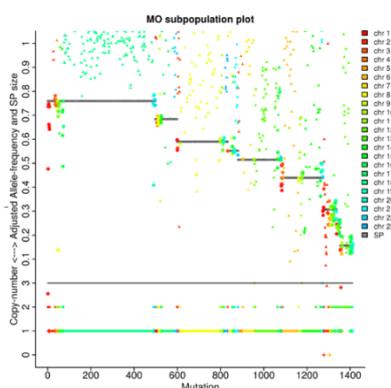


図2. クローン系統解析

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量 (Qubit®)	液量	濃度	純度
ゲノム DNA	≥ 300 ng	≥ 15 µL	≥ 20 ng/µL	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.8~2.0、分解やコンタミがないこと



受託解析  
サービス

## 遺伝子パネル解析 リキッドバイオプシー用 OptiSeq™ がんパネル解析サービス

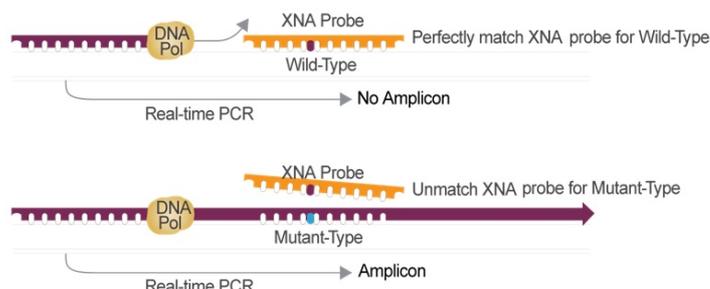
### 概要

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 シークエンスリードは、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。



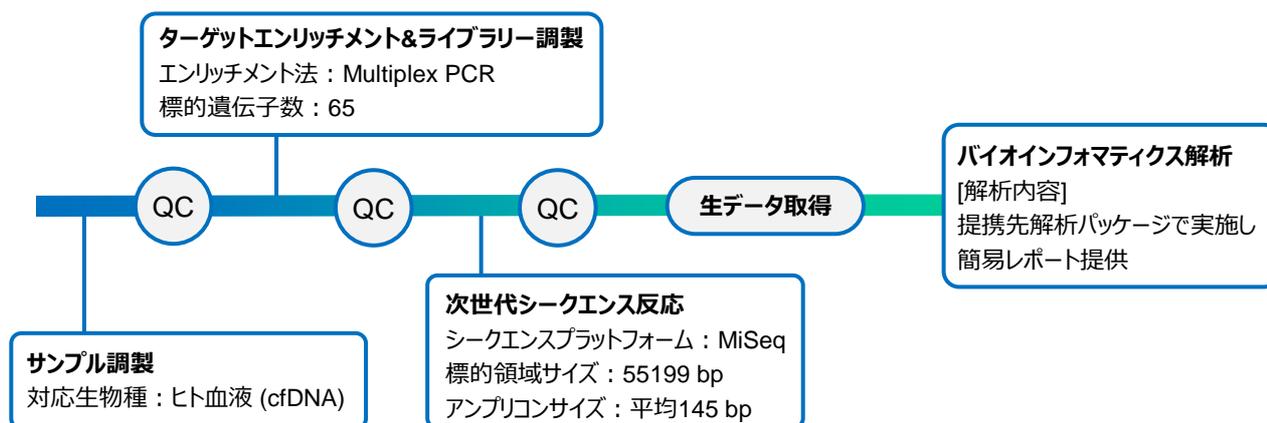
### XNAテクノロジー

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

本解析サービスで利用されるがんパネルは、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

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	≧ 2 μg	≧ 20 μL	≧ 20 ng/μL	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.8~2.0



受託解析  
サービス

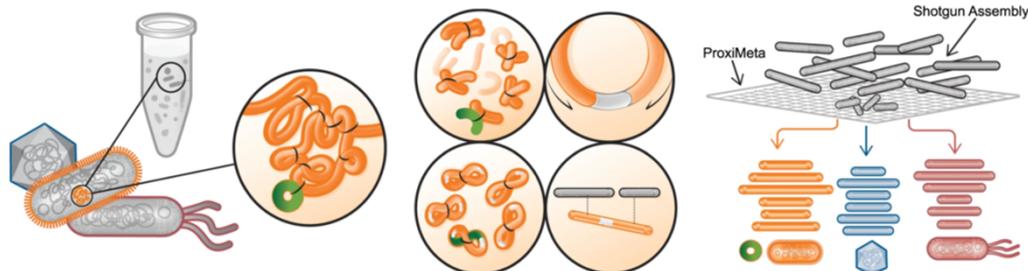
メタゲノミクス

ProxiMeta™ 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

## 概要

ProxiMeta™ メタゲノムデコンボリューションプラットフォームは、メタゲノムおよび微生物学研究におけるパラダイムシフトをもたらします。Phase Genomics 社の最適化されたキットで生成された近接ライゲーションデータと、ショートリードまたはロングリードのショットガンシーケンスデータを組み合わせることで、高品質なメタゲノムをアセンブルし、可動性遺伝子要素と宿主を関連付けます。16S ベースの技術、ピニング、培養に頼ることなく、マイクロバイオームから直接高品質なゲノムをアセンブルし、菌株化解像度の知見を得ることができます。

近接ライゲーション (Hi-C) ライブラリーは、単一の混合微生物サンプルから作製されます。相互作用は、クロスリンク、消化、そしてキメラジャンクションの作成によって捕捉され、ショットガンアセンブリを用いて配列決定・解析され、染色体とプラスミドを完全なゲノムへとデコンボリューションします。



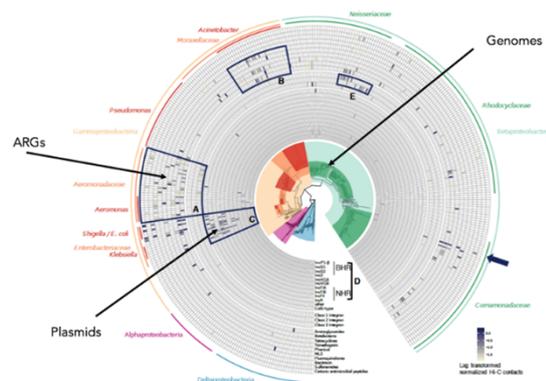
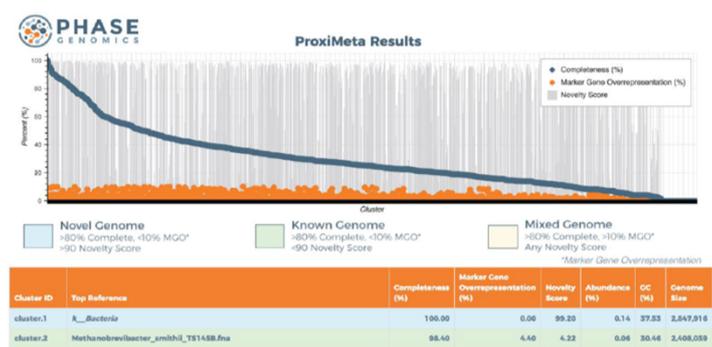
## サービス内容

ProxiMeta プラットフォームは、粗メタゲノムサンプルから分析データに至るまでの sample-to-analysis ソリューションを提供します (下図参照)。



サンプルから解析までのフルサービスの他、ProxiMeta Kit をご購入いただくことも可能です。なお、現在、ProxiMeta kit はバンドル版として提供されており、無料のオンライン ProxiMeta メタゲノムデコンボリューション解析が含まれています。メーカーサイトにアクセスして登録、ファイルのアップロード、解析の実行、またはサンプルレポートの閲覧を行っていただけます。

## 解析データ例



ProxiMeta は、単一のサンプルから新規および既知の微生物の完全なゲノムをデコンボリューションし、アセンブルします。

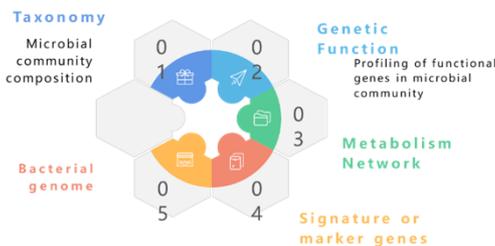
近接ライゲーションはインタクトな細胞で行われるため、可動性遺伝子要素 (MGE) と宿主の相互作用も捕捉されます。MGE には、プラスミド、トランスポゾン、抗生物質耐性遺伝子 (ARG) が含まれます。

## ご提供いただくサンプルおよび情報

- Draft assembly (FASTA 形式) ※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おります。
- 固定済みサンプル : > 100 万 ~ 200 万細胞  
例) 糞便サンプル : 50 ~ 100 μL
- ※ その他サンプルタイプについてはお問合せください。
- ※ 生物種によっては、輸出・輸入制限がある場合がありますこと、予めご了承ください。

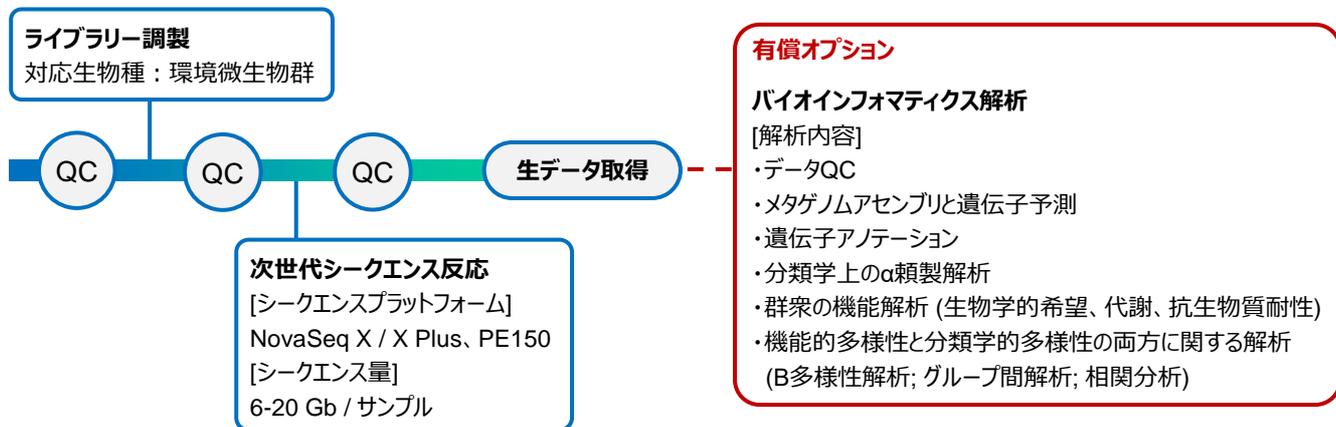
### 概要

NGSによるショットガンメタゲノムシーケンシングでは、分類学的プロファイリングのみならず、種の多様性、存在量ダイナミクス、複雑な集団構造に関する詳細な洞察を提供することで、環境サンプルに埋め込まれたこれらの複雑なゲノムランドスケープの研究を可能にします。ショットガンメタゲノクスは分類学研究の枠を超えて、機能ゲノミクスの視点も提供し、コード化された遺伝子と生態学的プロセスにおけるそれらの推定される役割の探索を可能にします。



### 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

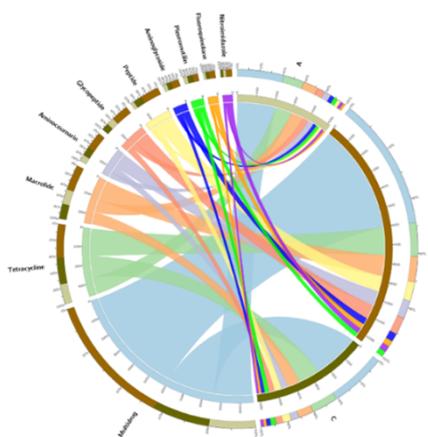


図1. 機能解析：CARD 抗生物質耐性

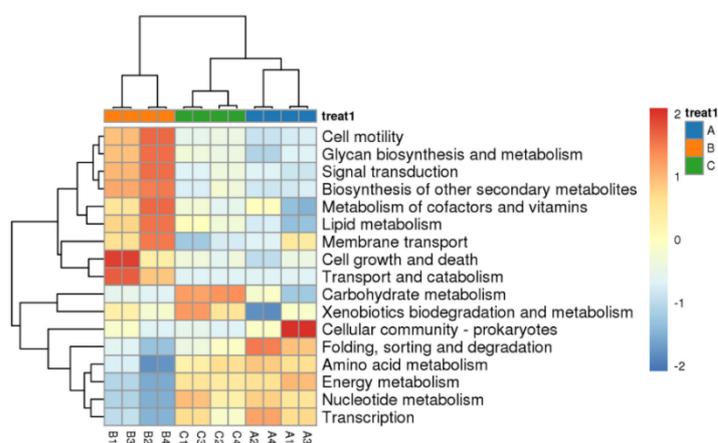


図2. KEGG 代謝パスウェイの差分解析：有意なパスウェイのヒートマップ

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量 (Qubit®)	液量	濃度	純度
ゲノム DNA	≧ 60 ng	≧ 30 μL	≧ 2 ng/μL	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.6~2.5

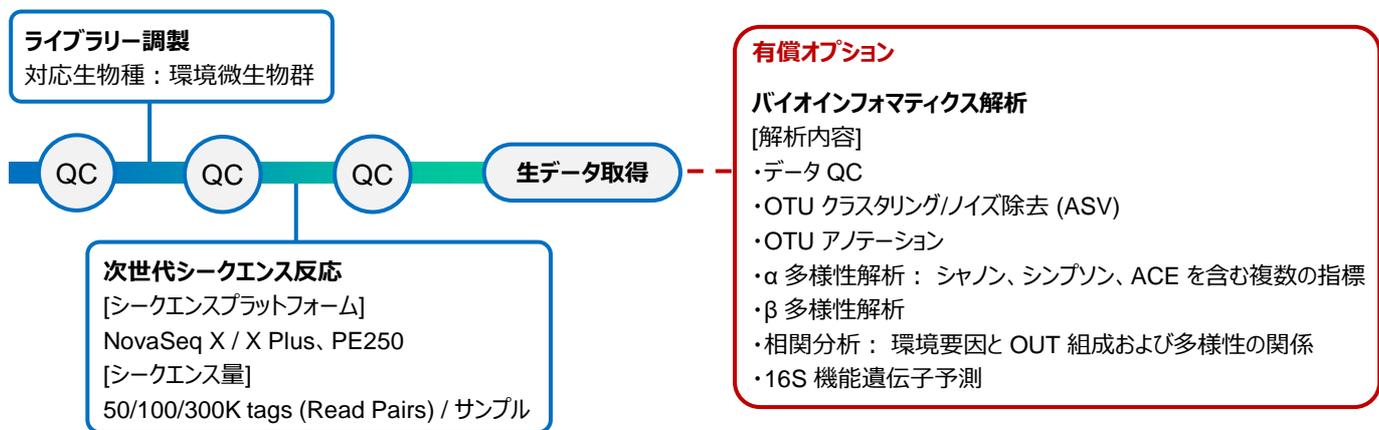
概要

16S、18S、および Internal Transcribed Spacer (ITS) 遺伝子マーカーを標的としたショートリードによるアンプリコンシーケンスは、微生物群集内の系統発生、分類、および種の存在量を解明する強力な手法です。このアプローチでは、ハウスキーピング遺伝子マーカーの超可変領域をシーケンシングします。16S (細菌)、18S (真菌)、および ITS (真菌) 遺伝子のシーケンシングにより、豊富な種だけでなく、希少種や未同定種も同定することができます。極めて重要なツールとして広く採用されているアンプリコンシーケンシングは、ヒトの口腔、腸、便およびそれ以外の多様な環境における微生物組成の差異を同定する上で重要な役割を果たしています。



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

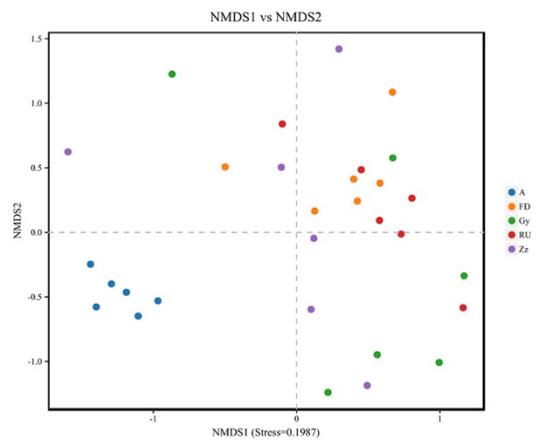
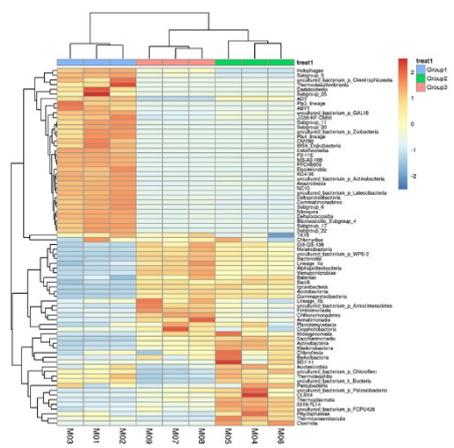
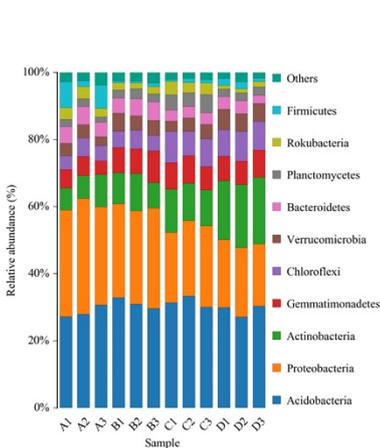


図1. 分類学的分布のヒストグラム

図2. 分類学的存在量クラスティングヒートマップ

図3. β 多様性

サンプル条件

サンプルタイプ	必要量 (Qubit®)	液量	濃度	純度
ゲノム DNA	≥ 0.6 μg	≥ 40 μL	≥ 2 ng/μL	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.6~2.5





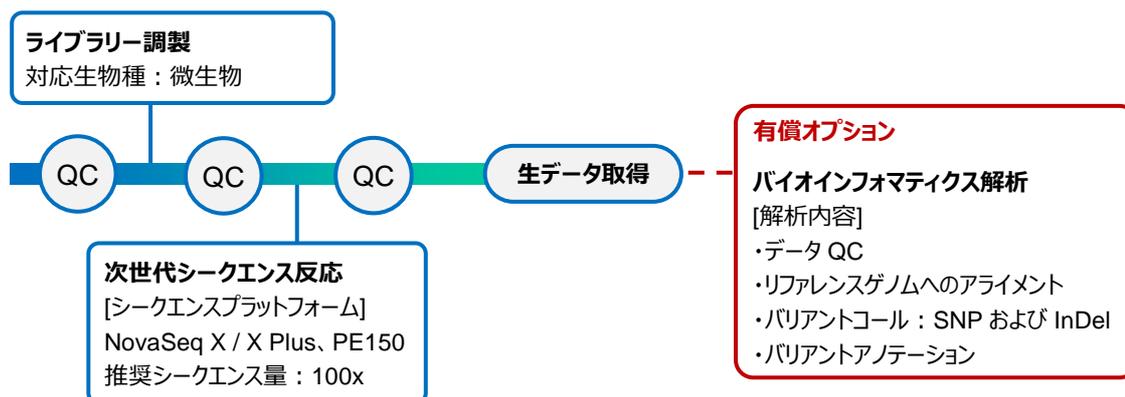
### 概要

細菌および真菌の全ゲノムリシーケンスは、微生物ゲノムの完全化と比較を可能にし、微生物ゲノミクスの発展に極めて重要です。これにより、発酵工学、産業プロセスの最適化、二次代謝経路の探索が促進されます。さらに、真菌および細菌のリシーケンスは、環境適応の理解、菌株の最適化、そして遺伝的進化のダイナミクスの解明に極めて重要であり、医療、農業、環境科学に広範な影響を与えます。



### 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

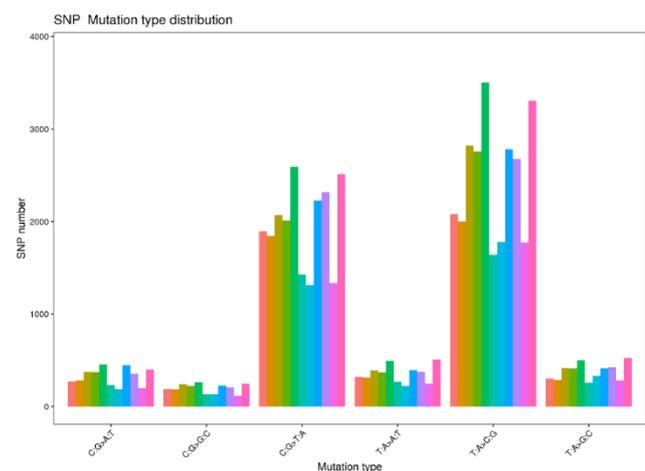


図1. バリエーションコール：SNP タイプ

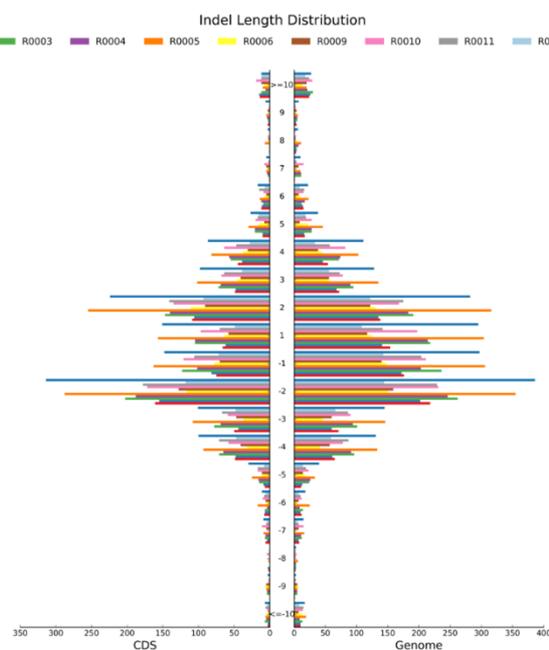


図2. バリエーションコール：InDel の長さ分布

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量 (Qubit®)	液量	濃度
ゲノム DNA	≧ 120 ng	≧ 40 μL	≧ 1 ng/μL

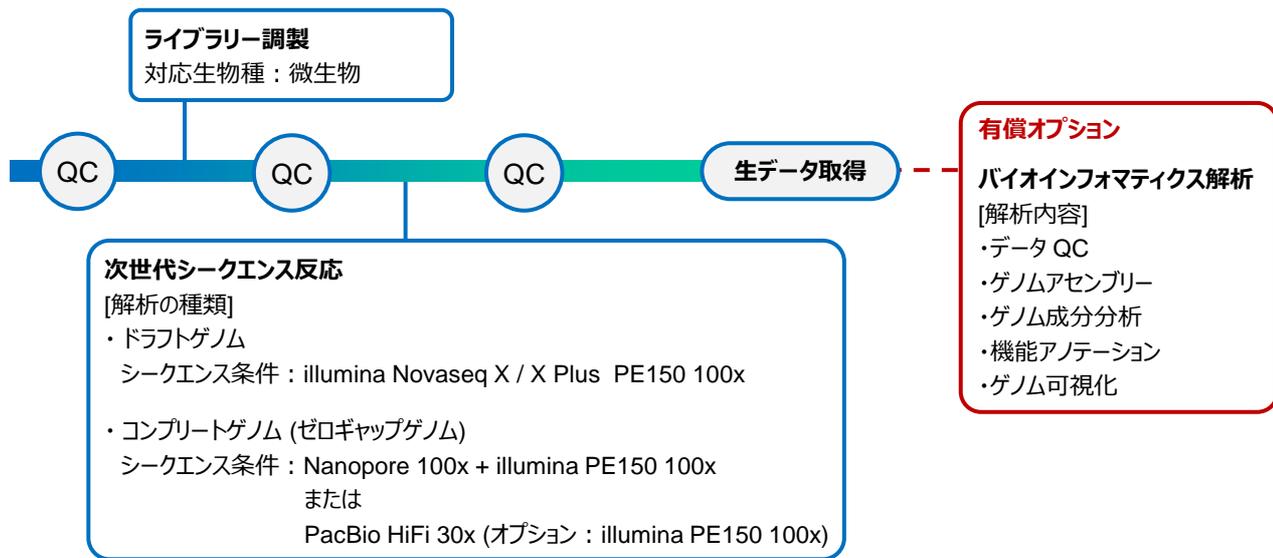
概要

細菌ゲノム de novo assembly 受託解析ではアセンブリ用の Nanopore や PacBio などのロングリードシーケンス技術と、アセンブリの検証や ONT リードのエラー修正のためのイルミナのショートリードシーケンスを組み合わせ、ギャップゼロを保证する完全な細菌ゲノムアセンブリを提供しています。本サービスにより、様々な遺伝学のおよびゲノム研究のための高精度なリファレンスゲノムの開発が可能になります。



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

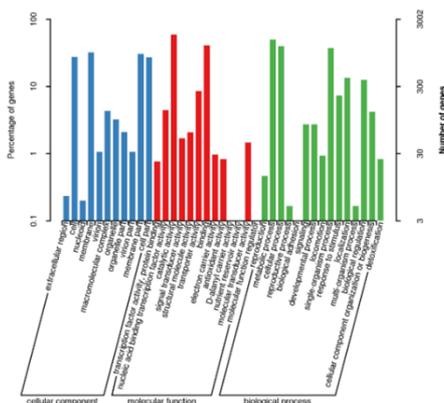


図1. 遺伝子アノテーション: GO

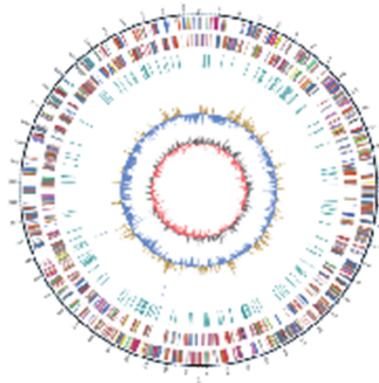


図2. ゲノムの視覚化: Circos plot

- A: DNA processing and modification(2)
- B: Chromatin structure and dynamics(1)
- C: Energy production and conversion(24)
- D: Cell cycle control, cell division, chromosome partitioning(24)
- E: Anabolic transport and metabolism(537)
- F: Nucleotide transport and metabolism(121)
- G: Carbohydrate transport and metabolism(412)
- H: Coenzyme transport and metabolism(173)
- I: Lipid transport and metabolism(25)
- J: Translation, ribosomal structure and biogenesis(1281)
- K: Transcription(774)
- L: Posttranslational modification of protein(374)
- M: Cell wall/membrane/envelope biogenesis(162)
- N: Cell motility(3)
- O: Acetylation, methylation, protein kinase cascades(157)
- P: Inorganic ion transport and metabolism(354)
- Q: Secondary metabolite biosynthesis, transport and catabolism(23)
- R: Central carbon metabolism in glycolysis(1)
- S: Function unknown(1479)
- T: Signal transduction mechanism(162)
- U: Intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport(13)
- V: Defense mechanism(26)
- W: Extracellular structure(0)
- X: Nuclear structure(0)
- Z: Cytoskeleton(1)
- Not CG annotated(1700)

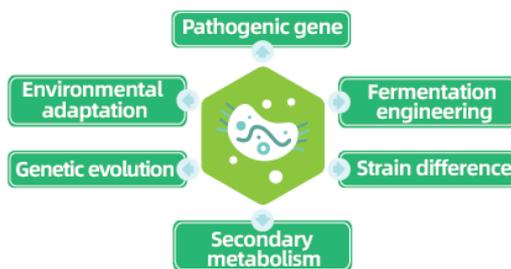
サンプル条件

サンプルタイプ	プラットフォーム	必要量 (Qubit®)	濃度	液量	OD比		Nanodrop/Qubit
					260/280	260/230	
ゲノム DNA	PacBio	≥ 2.4 µg *2 µg DNA/1 Gb data	≥ 20 ng/uL	≥ 40 µL	1.7-2.2	1.0	0.8-2.5
	Nanopore	≥ 4 µg	≥ 40 ng/uL	≥ 40 µL	1.7-2.2	1.0-3.0	0.8-2.5
	illumina	≥ 0.12 µg	≥ 1 ng/uL	≥ 40 µL	1.7-2.2	-	-



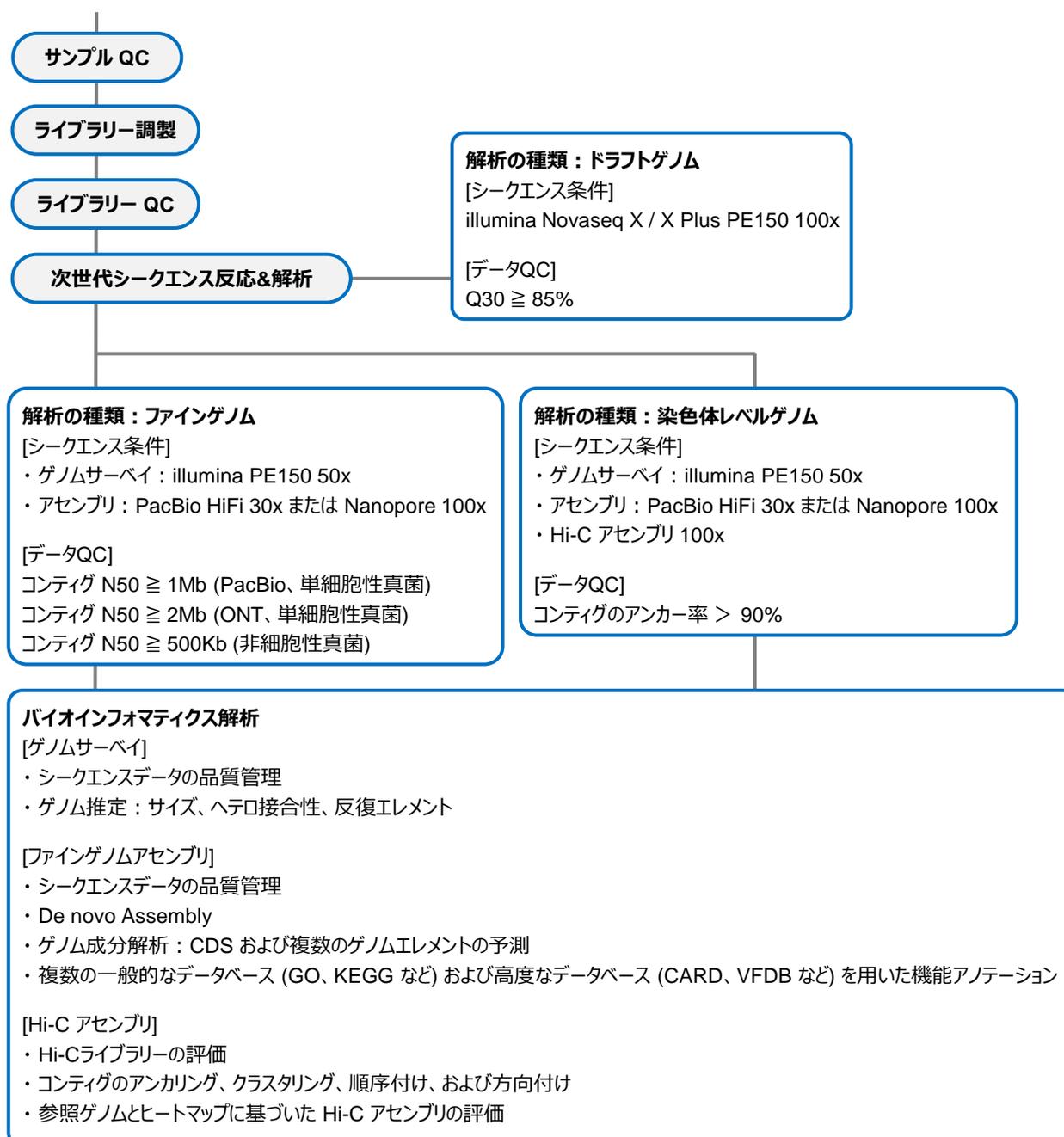
### 概要

本サービスでは、illumina のショートリードシーケンシングのみで真菌のドラフトゲノムを作成します。またショートリードシーケンスと Nanopore または PacBio によるロングリードシーケンシングを組み合わせることで、より長いコンティグを持つ、より精密な真菌ゲノムを得ることができます。さらに、Hi-C シーケンシングと組み合わせることで、機能がさらに向上し、染色体レベルの完全ゲノムの取得が可能になります。



### 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。





解析パイプラインとデータ例

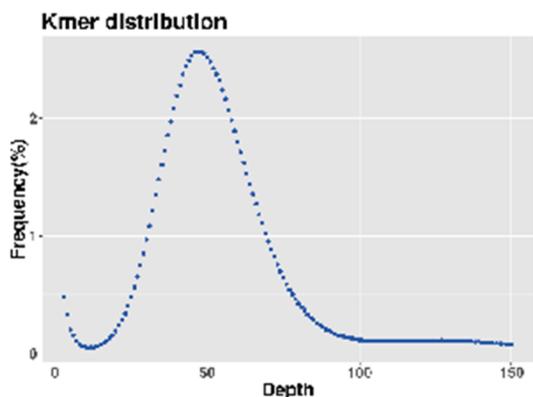
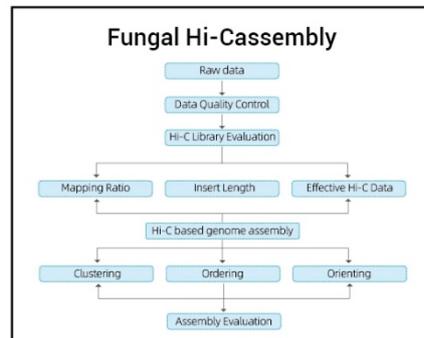
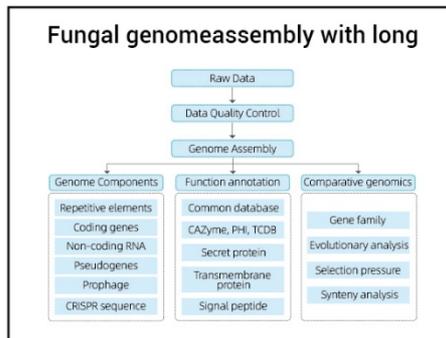
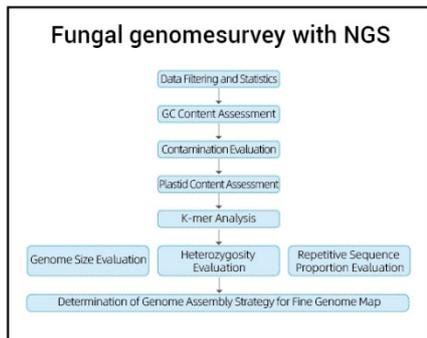


図1. ゲノムサーベイ : k-mer 分布

Nr Homologous Species Distribution

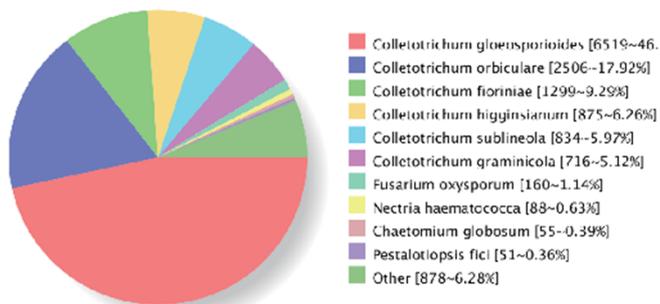


図2. Nr 相同種の分布

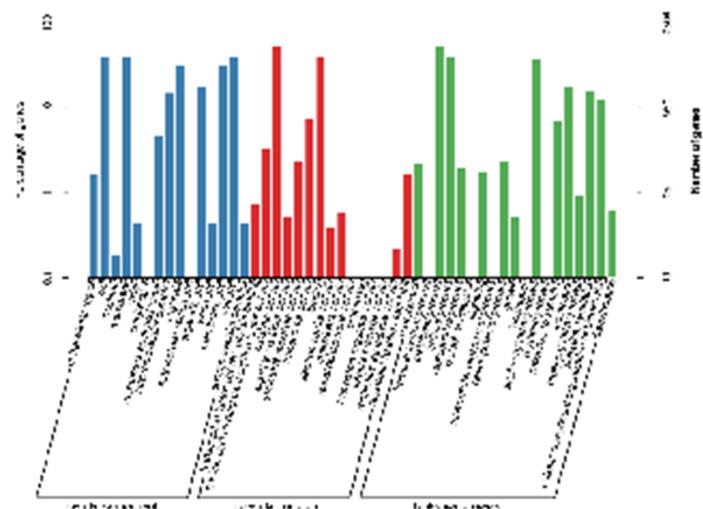


図3. ゲノムアセンブリ : 機能遺伝子アノテーション (GO)

サンプル条件

サンプルタイプ	プラットフォーム	必要量 (Qubit®)	濃度	液量	OD比		Nanodrop/Qubit
					260/280	260/230	
ゲノム DNA	PacBio	≥ 2.4 μg *2 μg DNA/1 Gb data	≥ 20 ng/μL	≥ 40 μL	1.7-2.2	1.0	0.8-2.5
	Nanopore	≥ 4 μg	≥ 40 ng/μL	≥ 40 μL	1.7-2.2	1.0-3.0	0.8-2.5
	illumina	≥ 0.12 μg	≥ 1 ng/μL	≥ 40 μL	1.7-2.2	-	-

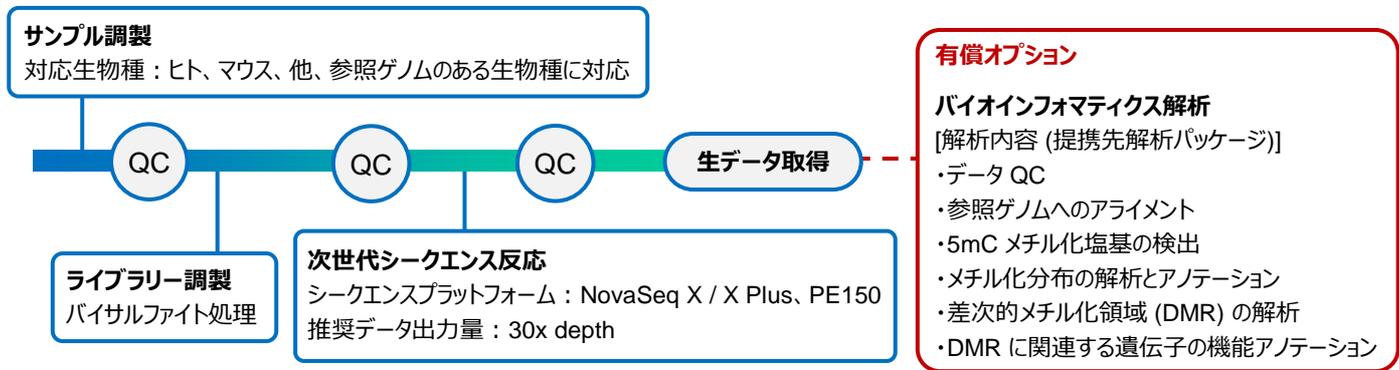


概要

全ゲノムバイサルファイトシーケンス (Whole Genome Bisulfite Sequencing : WGBS) は、DNA メチル化、特に遺伝子発現と細胞活動の極めて重要な制御因子であるシトシンの 5 位 (5-mC) を詳細に調査するためのゴールドスタンダードな手法です。WGBS の基本原理は、バイサルファイト処理によってメチル化されていないシトシンをウラシル (C→U) に変換する一方、メチル化されたシトシンはそのまま残すというものです。この技術は一塩基の解像度を有するため、メチロームを包括的に調査し、癌をはじめとする様々な病態に関する異常なメチル化パターンを明らかにすることができます。WGBS を用いることで、ゲノム全体のメチル化ランドスケープに関する比類ない洞察を得ることができます。

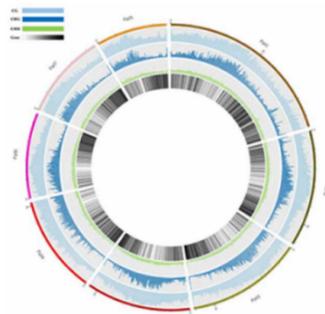
サービス内容

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)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。

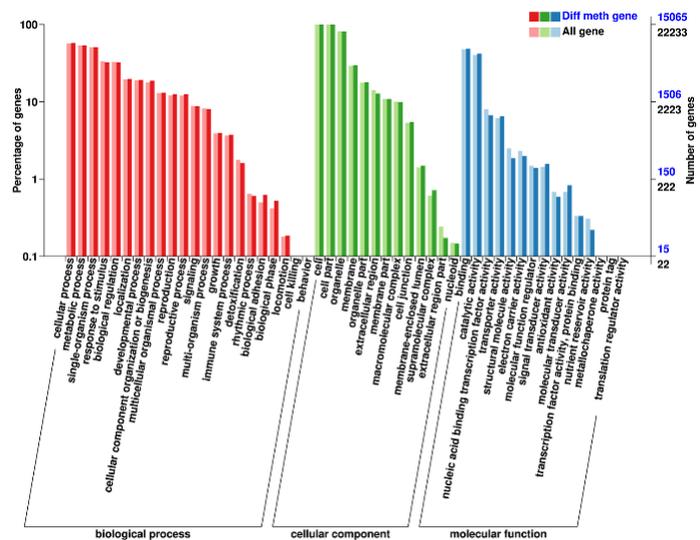


解析データ例

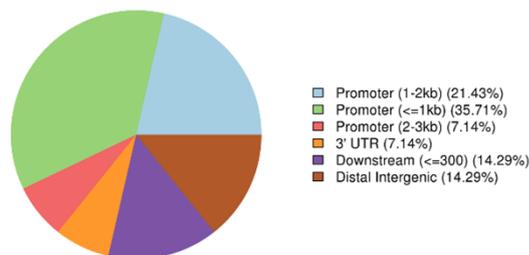
メチル化マップ：ゲノム全体における 5mC メチル化の分布



差別的メチル化領域：関連遺伝子のアノテーション (Gene Ontology)



高度メチル化領域のアノテーション



サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	液量	濃度	純度
ゲノム DNA	≧ 800 ng	≧ 160 μL	≧ 5 ng/μL	DNA分解、RNAのコンタミがないこと



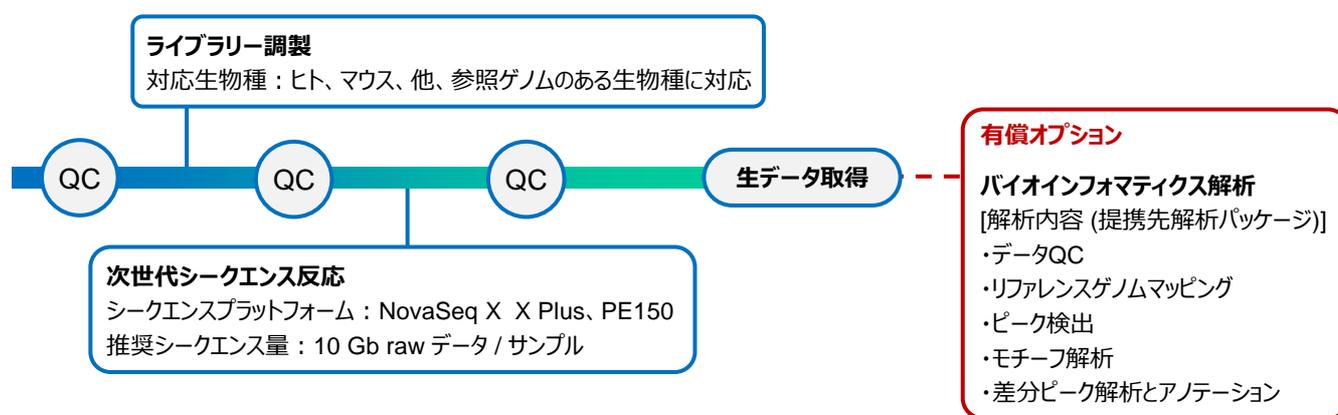
### 概要

クロマチン免疫沈降法 (Chromatin Immunoprecipitation : ChIP) は、抗体を利用して DNA 結合タンパク質とそれに対応するゲノムターゲットを選択的に濃縮する技術です。NGS との組み合わせにより、ヒストン修飾、転写因子、その他の DNA 結合タンパク質に関連する DNA ターゲットのゲノムワイドなプロファイリングが可能になります。この動的なアプローチにより、様々な細胞種、組織、状態における結合部位の比較が可能になります。ChIP-Seq の用途は、転写制御や発生経路の研究から疾患メカニズムの解明まで多岐にわたり、ゲノム制御のランドスケープを理解し、治療に関する知見の進展に欠かせないツールとなっています。



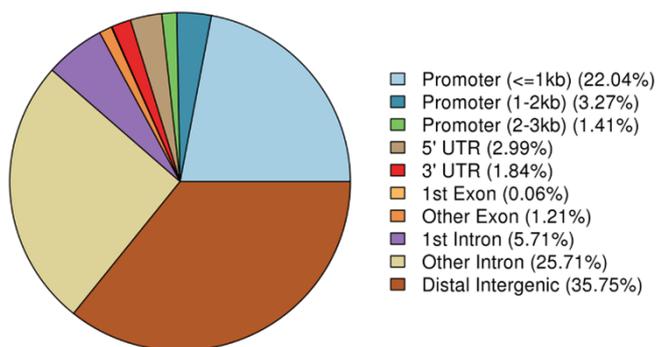
### サービス内容

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。

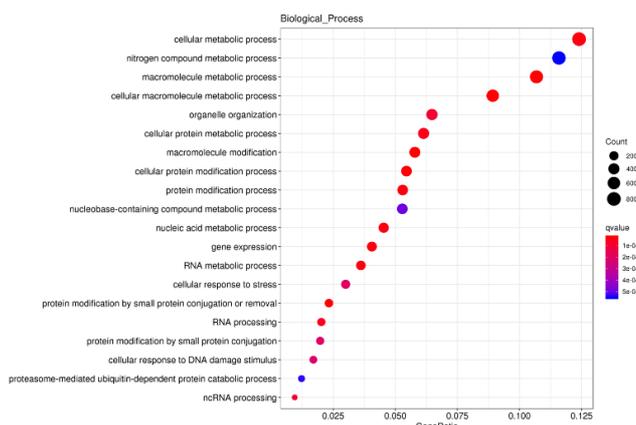


### 解析データ例

ピーク領域の分類



ピーク関連遺伝子の機能エンリッチメント (KEGG)



### サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	液量	濃度	その他
ChIP 濃縮 DNA フラグメント	≧ 40 ng	≧ 20 μL	≧ 2 ng/μL	メインピーク：100 bp~750 bp のメインピーク



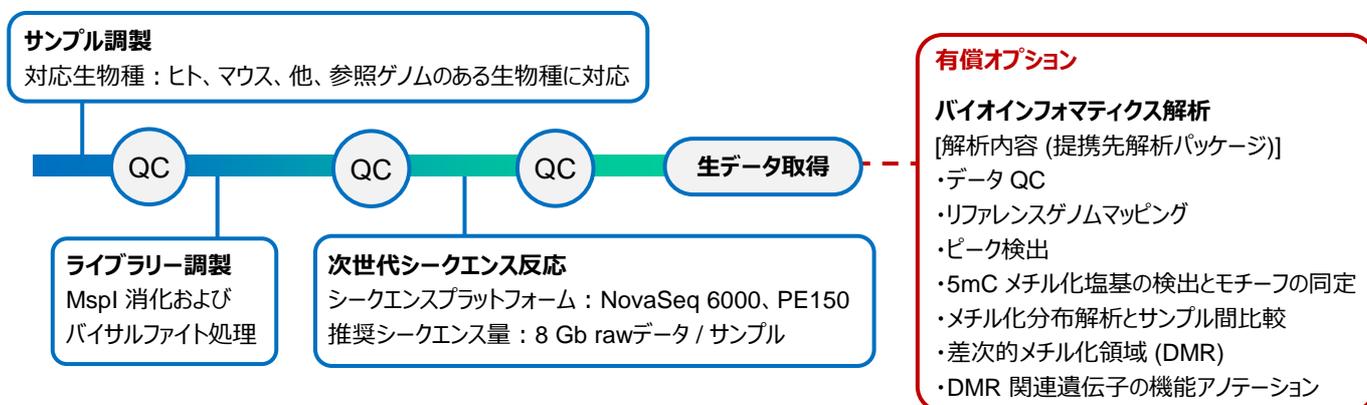
### 概要

Reduced Representation Bisulfite Sequencing (RRBS) は、DNA メチル化研究において、全ゲノムバイサルファイトシーケンシング (WGBS) に代わる費用対効果の高い効率的な手段として登場しました。WGBS は、ゲノム全体を 1塩基の解像度で調べることで包括的な知見を提供しますが、その一方でコストの高さが制限要因となる場合があります。RRBS では、MspI 切断による CpG アイランドリッチ領域の濃縮と、それに続く 200-500/600 bps フラグメントのサイズ選択によりゲノムの代表的な部分を選択的に解析することで、CpG アイランドに近接した領域のみがシーケンシングされ、CpG アイランドから離れた領域は解析から除外されます。このプロセスとバイサルファイトシーケンスを組み合わせることで、DNA メチル化の高解像度検出を可能にしたコスト効率の高い DNA メチル化プロファイリング解析です。



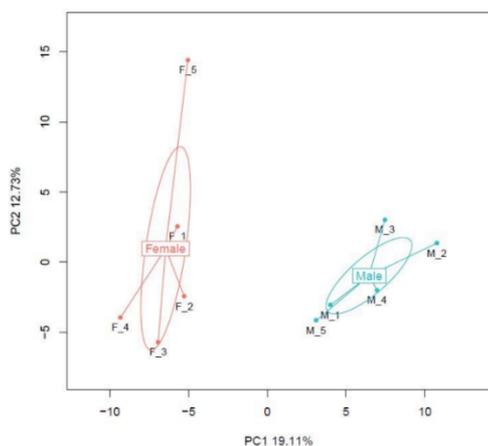
### サービス内容

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。

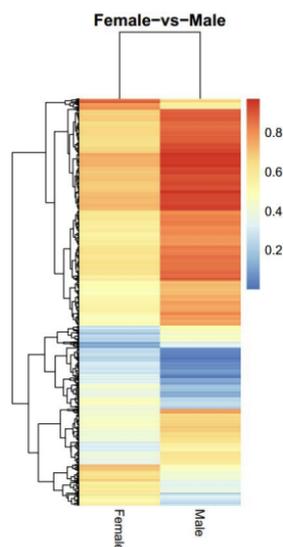


### 解析データ例

サンプル比較：主成分分析



DMR解析：ヒートマップ



### サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	液量	濃度	純度
ゲノム DNA	≧ 2 μg	≧ 60 μL	≧ 30 ng/μL	DNA分解、RNAのコンタミがないこと



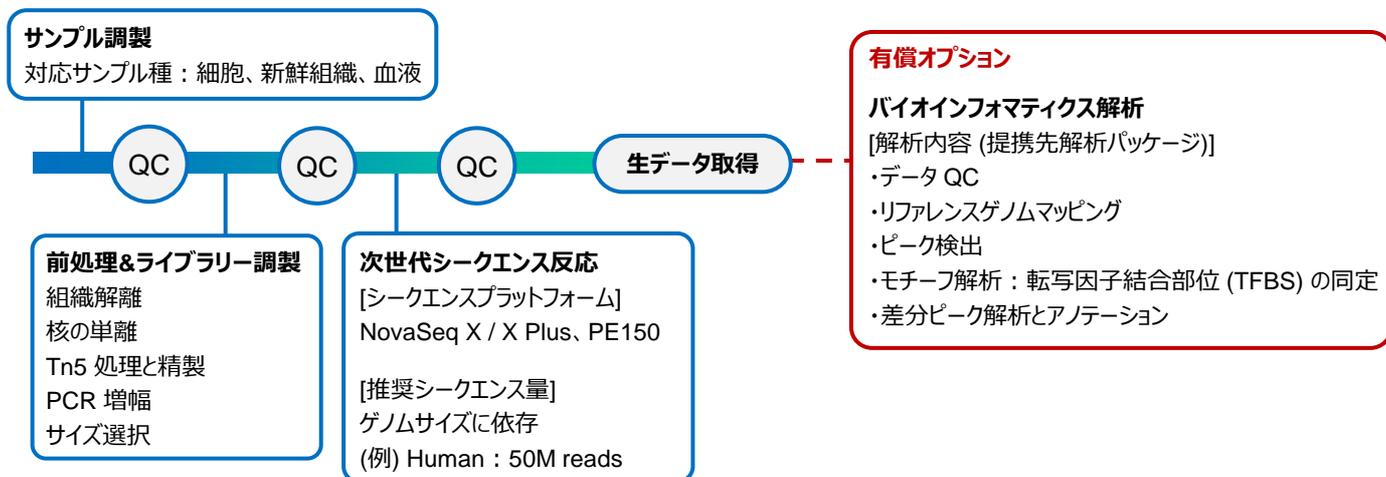
### 概要

ATAC-Seq (Assay for Transposase-Accessible Chromatin Sequencing) は、ゲノムワイドなクロマチンアクセシビリティ解析に使用されるハイスループットシーケンス技術です。この方法では、高活性 Tn5 トランスポザゼを使用して、シーケンシングアダプターを挿入することにより、オープンクロマチン領域の断片化とタグ付けを同時に行うことで、特定の時空間条件下でオープンクロマチン領域の包括的な同定を可能にします。ATAC-Seq は、転写因子結合部位や特定のヒストン修飾領域のみに焦点を当てた方法とは異なり、アクセス可能なクロマチンランドスケープの全体像を提供します。これらのオープンクロマチン領域をシーケンスすることにより、活性制御配列および潜在的な転写因子結合部位である可能性が高い領域を明らかにし、ゲノム全体にわたる遺伝子発現の動的調節に関する貴重な知見を提供します。



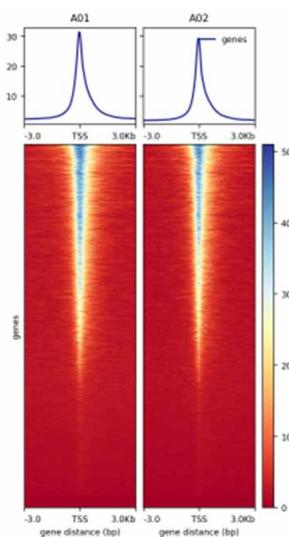
### サービス内容

DNA 抽出、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。また、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応いたします。

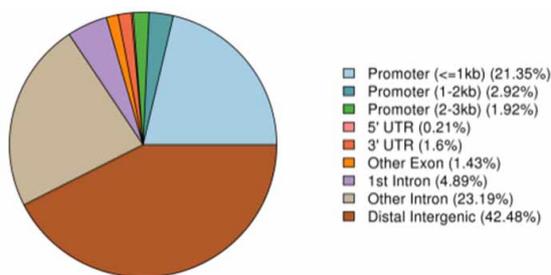


### 解析データ例

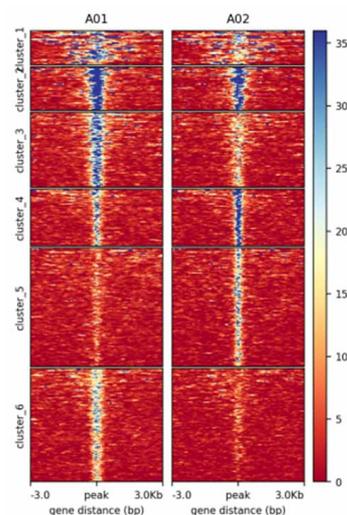
TSS および隣接領域 (±3 kb) における ATAC リード分布のヒートマップ



異なるゲノム構成要素におけるオープンクロマチン領域の分布



グループ間のピークコールの差。



### サンプル条件

細胞	新鮮組織	血液
≥ 1 x 10 <sup>6</sup> cells	≥ 200 mg	≥ 4 mL



### 概要

Hi-C は、近接性に基づく相互作用の探査とハイスループットシーケンシングを組み合わせることで、ゲノム構成を捕捉する様に設計された方法です。この方法は、ホルムアルデヒドによるクロマチン架橋に基づいており、続いて酵素消化と再ライゲーションすることにより、共有結合した断片のみがライゲーション産物を形成します。これらのライゲーション産物をシーケンシングすることで、ゲノムの 3 次元構成を調べることができます。Hi-C によって、緩く詰まっており転写活性が高いゲノム部分 (A コンパートメント、ユークロマチン)と、より密に詰まっている領域 (B コンパートメント、ヘテロクロマチン) の分布を調べることができます。また、Hi-C は折り込まれた構造を持ち、類似した発現パターンを持つ可能性が高いゲノム領域であるトポロジカルドメイン (Topologically Associated Domains : TADs) を特定したり、タンパク質によって互いに固定され、しばしば制御エレメントが濃縮された DNA 領域であるクロマチンループを同定したりするためにも使用できます。



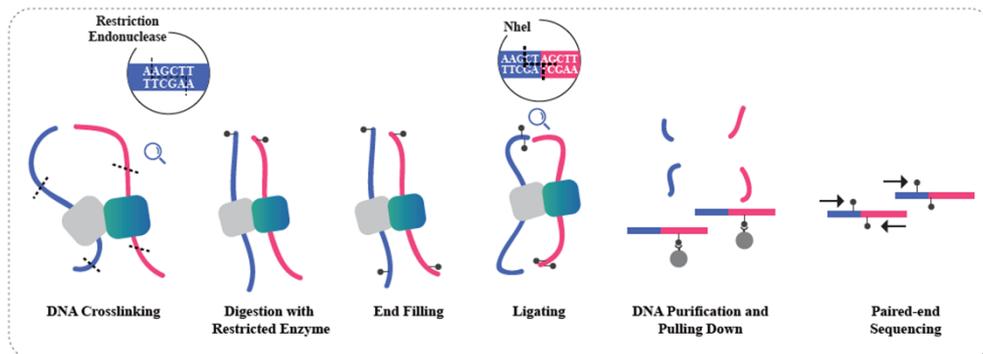
### サービス内容

ご送付頂いた組織サンプルのクロスリンク、ライブラリー調製、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。

#### <サンプル調製>

対応サンプル種：動物組織、全血、真菌、植物 (若い組織)、培養細胞

#### <前処理～シーケンシング>

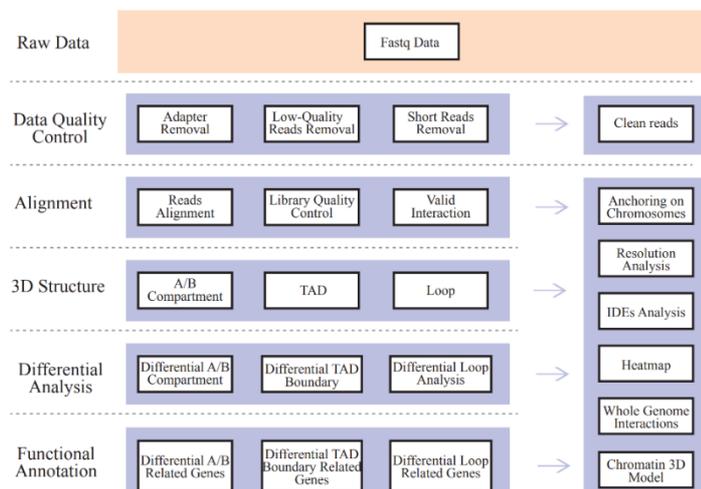


#### 次世代シーケンス反応

シーケンスプラットフォーム：NovaSeq X / X Plus、PE150 推奨シーケンス量：Chromatin Loop：150x、TAD：50x

<データ解析内容> ※パッケージの解析内容は、業務提携先のパイプラインの変更・更新等により、変更される場合があります。

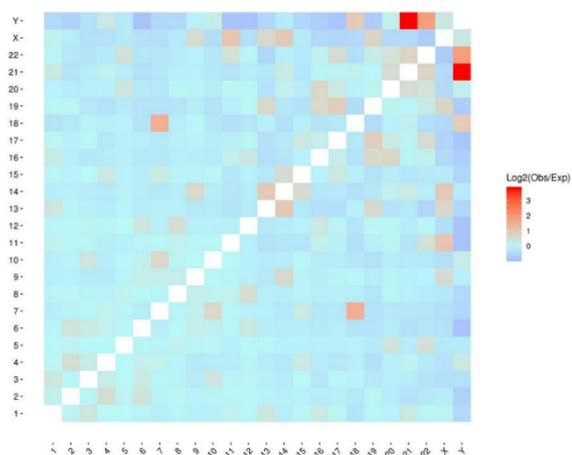
1. Raw データ QC
2. マッピングおよび Hi-C ライブラリー QC：有効な Hi-C 相互作用ペアと相互作用減衰指数 (Interaction Decay Exponents : IDEs)
3. ゲノムワイド相互作用プロファイリング：シストランス解析および Hi-C 相互作用マップ
4. A/B コンパートメント分布の解析
5. TAD およびクロマチンループの同定
6. サンプル間の 3D クロマチン構造要素の差異解析と関連遺伝子の機能アノテーション



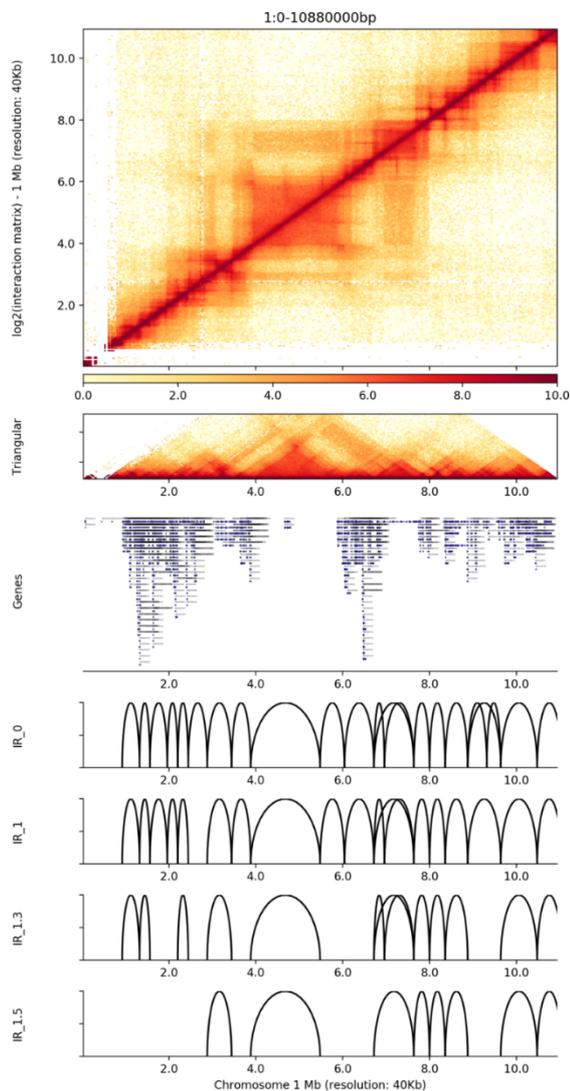


### 解析データ例

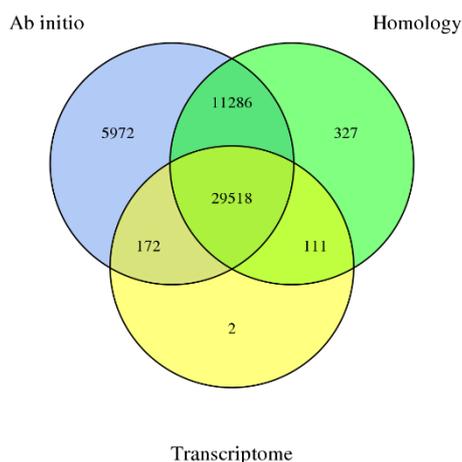
サンプル間の染色体相互作用のヒートマップ



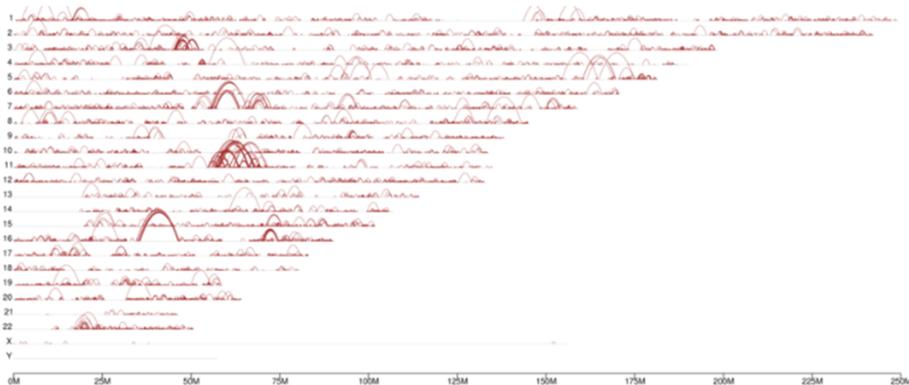
TAD の視覚化



A/B コンパートメントの全ゲノム分布



クロマチンループの全ゲノム分布



### サンプル条件

動物組織	全血	真菌	植物-若い組織	培養細胞
≧ 2 g	≧ 2 mL	≧ 1 μg	1 g / アリコート 2-4 アリコートの提出を推奨	≧ 1 x 10 <sup>7</sup>

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)。

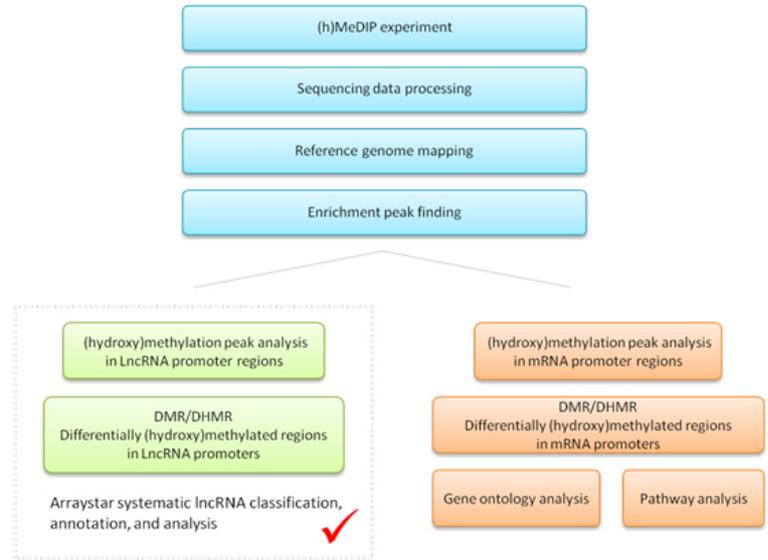
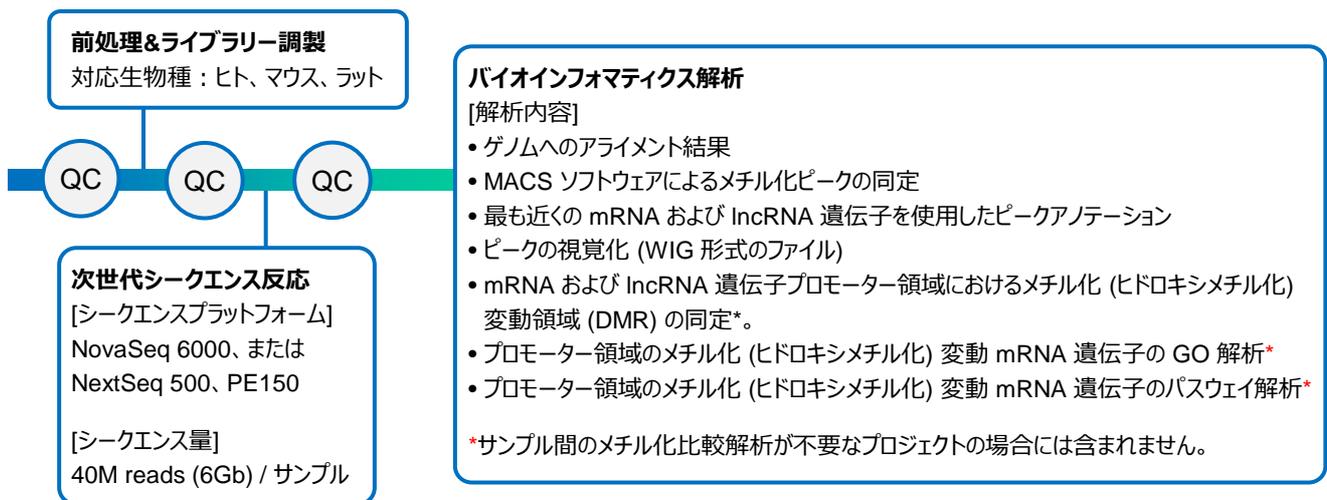


図1. tRF&tiRNA の機能および疾患との関連

サービス内容

本サービスは、ゲノム 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 (-2000 bp 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
ANKK01A	-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	chr1:149288021-14928884	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)。

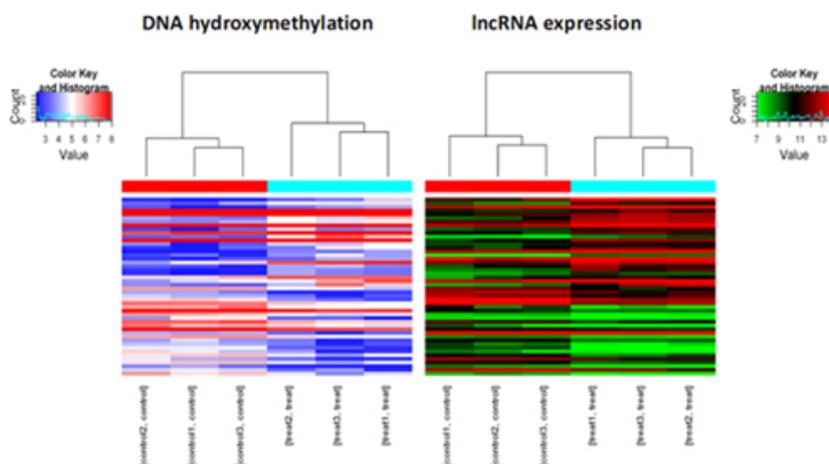


図3. hMeDIP-Seq と lncRNA 発現アレイプロファイリングを統合解析し、クラスタリングヒートマップを示す様に、lncRNA プロモーターのヒドロキシメチル化と lncRNA 遺伝子発現の関係を明らかにしたものです。

### lncRNA プロモーターメチル化 (ヒドロキシメチル化) の視覚化

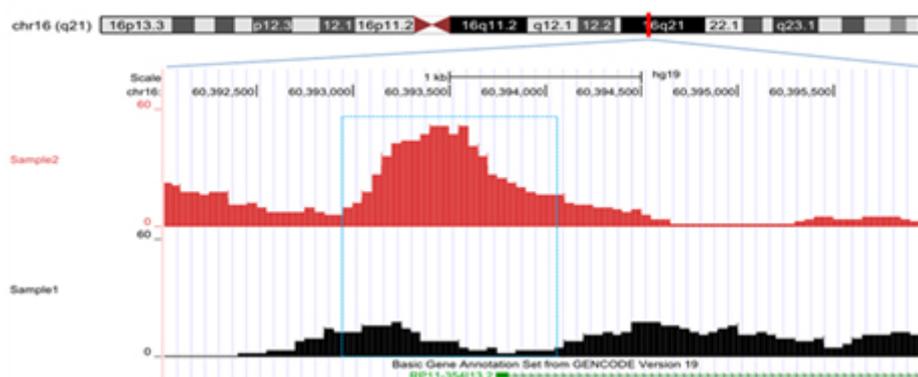


図4. hMeDIP-Seq データから得られたヒドロキシメチル化ピークを Genome Browser 上で視覚化します。

## サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	純度
ゲノム DNA	> 5 µg	> 2 µg	> 20 ng/µL	O.D. <sub>260/280</sub> : > 1.7 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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

R-loop profiling (DRIPc-Seq) では、ゲノムにおける lncRNA / mRNA の組織化された R-loop の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 を特異的に免疫沈降させ、R-loop に含まれる RNA 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。

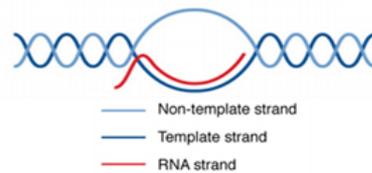


図1. R-loop の構造

R-loop による DNA メチル化と mRNA の転写の制御

通常、BAMBI (TGFb 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、TGFb シグナル伝達上昇、ALS 進行につながります (図2)。

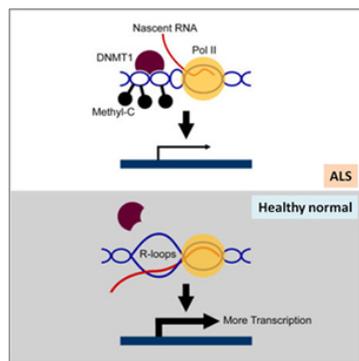


図2. 健康な正常細胞では、BAMBI プロモーターの R-loop が転写を促進します。ALS 細胞では、セナタキシン変異がプロモーターの R-loop 形成と BAMBI 転写を抑制します。

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。

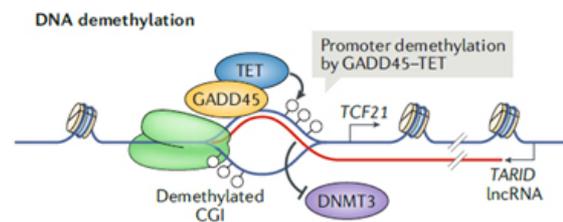


図3. アンチセンス lncRNA TARID は、R-loop を形成し TCF21 プロモーターの脱メチル化と TCF21 mRNA の転写を制御します。

サービス内容

本サービスは、ゲノム DNA ~ 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。

S9.6 抗体による DNA・RNA 免疫沈降およびライブラリー調製  
対応生物種：ヒト、マウス、ラット

QC

QC

QC

次世代シーケンス反応

[シーケンスプラットフォーム]

NovaSeq 6000、または NextSeq 500、PE150

[シーケンス量]

40 M reads (6Gb) / サンプル

バイオインフォマティクス解析

[解析内容]

- シークエンスデータのQC
- ゲノム参照データベースへのリードマッピングとアライメント
- R-loopピーク解析：R-loopピーク分類、gene feature 上の分布とエンリッチメントおよび遺伝子本体内での分布
- R-loopピークの変動解析
- 変動メチル化ピークのボルケーノプロット図
- 有意差のある R-loop ピークを含む遺伝子の GO / Pathway 解析



## 解析データ例

### ピークコールとアノテーション

統計的に優れた 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_Information								Adjacent_Gene_Information		
Peak_Name	Peak_Locus	Peak_Direction	Source_of_RNA_in_R-loop	RNA_type	Peak_Width	log <sub>2</sub> FC	p-value	Adjacent_Gene_Name	Gene_type	Peak_Classification
peak_8976	chr3:1284669 76-128467472	+	DNAJB5-AS1	lncRNA	497	3.15	0.015	DNAJB5	protein_coding	Promoter
peak_8976	chr3:1284669 76-128467472	+	DNAJB5-AS1	lncRNA	497	3.15	0.015	DNAJB5-AS1	lncRNA	GeneBody
peak_7653	chr10:800852 61-80085955	+	TMEM254	protein_coding	695	1.69	0.047	TMEM254	protein_coding	GeneBody
peak_4563	chrX:7383645 3-73836927	-	XIST	lncRNA	475	2.18	0.035	XIST	lncRNA	GeneBody
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...

### 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4. 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。

Proportion of peaks over gene features

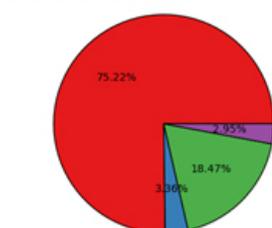


図5. 遺伝子特徴分類における R-loop ピークの割合を示します。

Peak enrichment in gene features

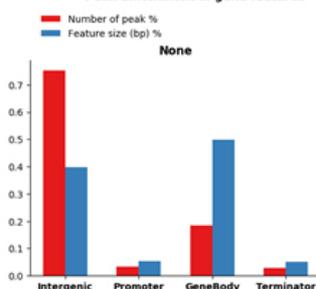


図6. 遺伝子特徴における R-loop ピークの濃縮度と、機能サイズに対して正規化されたランダム偶数分布の比較を表します。

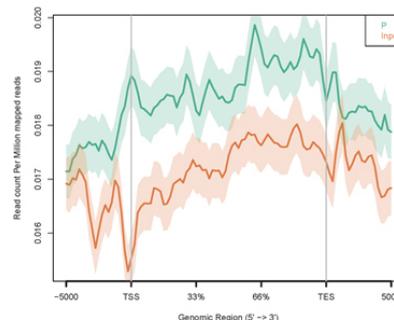


図7. 遺伝子本体上の R-loop ピーク分布を示します。X 軸は転写開始点 (TSS) と転写終了点 (TES) 間の遺伝子本体 (遺伝子本体の長さを 100 %に標準化) を表しています。Y 軸はマッピングされた 100 万リードあたりのリードカウントを示します。

## サンプル条件

サンプルタイプ	最小量	濃度	純度
ゲノム DNA*	> 10µg	> 20ng/µL	O.D. <sub>260/280</sub> : > 1.7 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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。

\* フェノールクロロホルムで抽出してください。

\* R-loop 構造の破壊を避けるため、抽出作業中にボルテックスをしないでください。



### 概要

mRNA シークエンシングは、汎用性の高い技術であり、特定条件における細胞内のすべての mRNA 転写産物の包括的なプロファイリングを可能にします。その幅広い応用により、この最先端のツールは複雑で多様な遺伝子プロファイル、遺伝子構造、および多様な生物学的プロセスに関連する分子メカニズムを明らかにします。基礎研究、臨床診断、医薬品開発に広く採用されている mRNA シークエンシングは、細胞動態や遺伝子制御の複雑さに関する洞察を提供し、様々な分野でその可能性に対する好奇心を刺激します。



### 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。

#### 有償オプション

##### バイオインフォマティクス解析

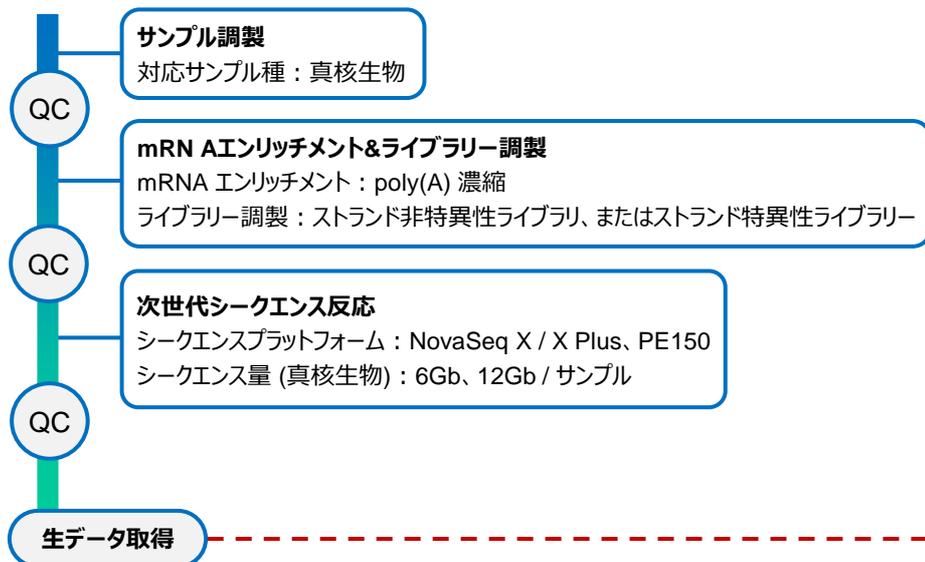
[解析内容]

参照ゲノム配列あり：

- ・データ QC
- ・参照ゲノムへのリードマッピング
- ・転写産物の構造解析
- ・遺伝子発現解析
- ・発現変動解析

参照ゲノム配列なし (de novo)：

- ・データ QC
- ・de novo トランスクリプトームアセンブリ
- ・遺伝子機能アノテーション
- ・CDS 予測
- ・SSR 解析
- ・遺伝子発現解析
- ・相関解析 (生物学的複製のみ)
- ・変動発現解析
- ・変動発現遺伝子のエンリッチメント解析
- ・タンパク質相互作用解析



### 解析データ例

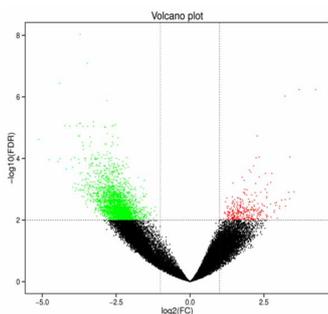


図1. 遺伝子発現レベル

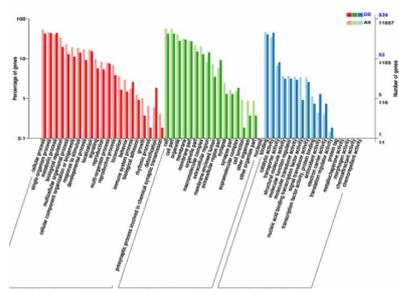


図2. 発現変動解析 (DEG)

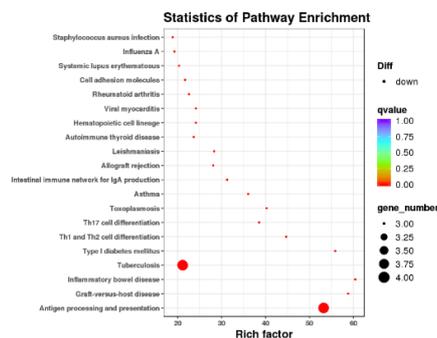


図3. DEG のボルケーノプロット

### 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。

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 0.4 μg	≧ 40 μL	≧ 10 ng/μL	動物：≧ 6.8 植物：≧ 6.3 5.0≧28S/18S≧1.0	O.D. <sub>260/280</sub> ：1.7-2.5 O.D. <sub>260/230</sub> ：0.5-2.5 RNA分解、DNAのコンタミがないこと



受託解析  
サービス

## トランスクリプトミクス 原核生物用 mRNA-Seq 受託解析サービス

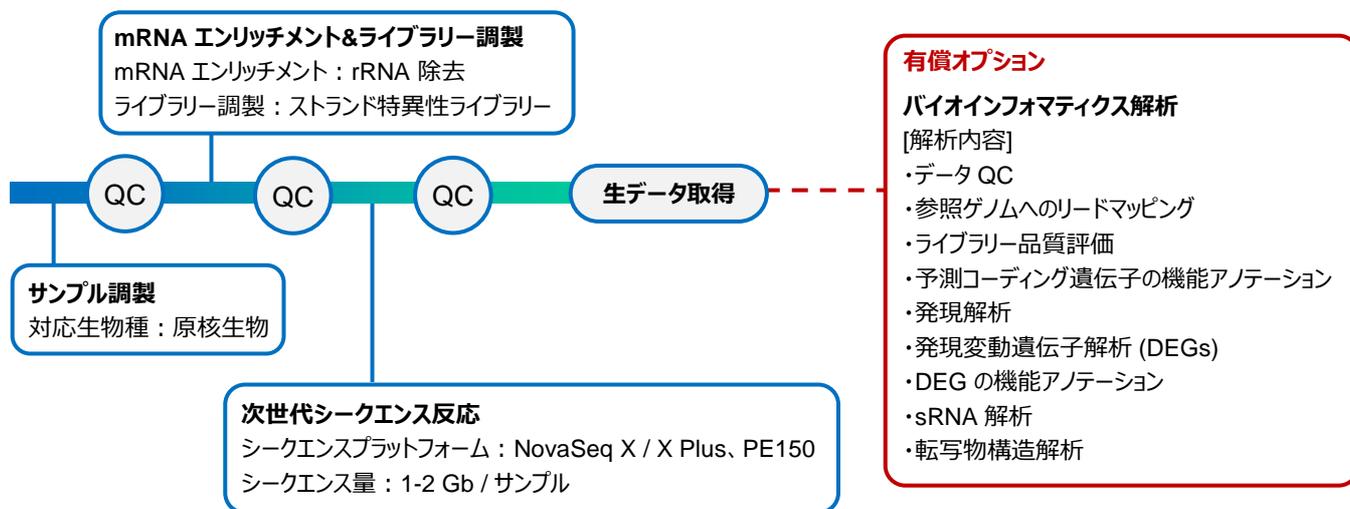
### 概要

mRNA シークエンシングは、特定の条件下で細胞内のすべての mRNA 転写産物の包括的なプロファイリングを可能にします。この最先端の技術は強力なツールとして機能し、複雑な遺伝子発現プロファイル、遺伝子構造、および多様な生物学的プロセスに関連する分子メカニズムを明らかにします。基礎研究、臨床診断、および医薬品開発で広く採用されている mRNA シークエンシングは、細胞動態や遺伝子制御の複雑さに関する洞察を提供します。本サービスのサンプル処理は、rRNA 除去とストランド特異性ライブラリーの調製を含む原核生物のトランスクリプトーム用に調製されています。



### 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。



### 解析データ例

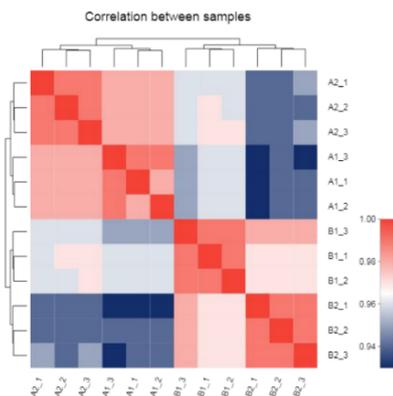


図1. サンプル間の相関

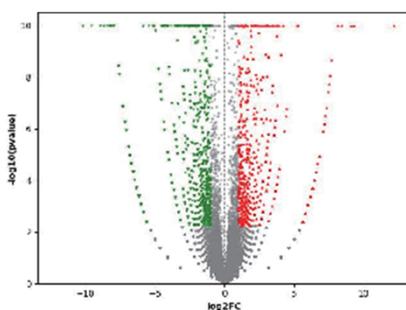


図2. 発現変動解析 (DEG)



図3. sRNAアノテーション

### 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	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 2.0 μg	≧ 40 μL	≧ 50 ng/μL	≧ 6.5 5.0 ≧ 28S/18S ≧ 1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7-2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5-2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと



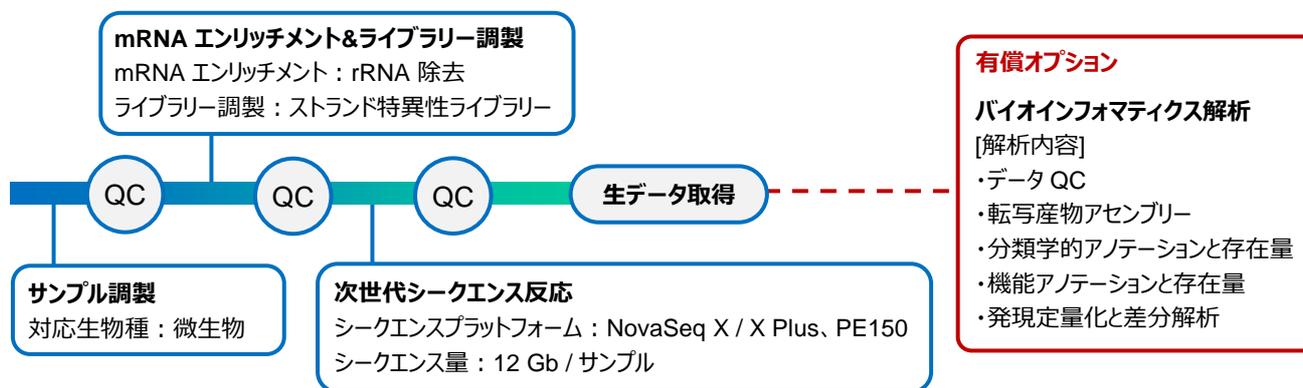
### 概要

メタトランスクリプトームシーケンスサービスは、土壌、水、海水、糞便、腸内といった自然環境における真核生物から原核生物、ウイルスに至るまで、多様な微生物の動的な遺伝子発現を明らかにします。包括的なサービスにより、複雑な微生物群集の遺伝子発現プロファイルを詳細に解析し、分類学的解析に加え、機能エンリッチメントの探究を促進し、発現レベルが異なる遺伝子とその役割を解明します。多様な環境ニッチにおける遺伝子発現、分類学的多様性、機能的ダイナミクスの複雑なランドスケープを探求することで、豊富な生物学的知見が得られます。



### 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。



### 解析データ例

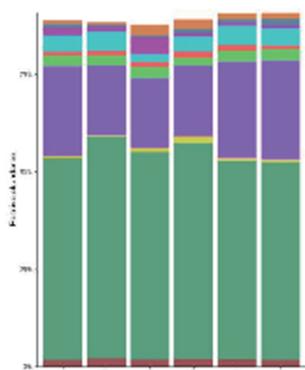


図1.各サンプルの分類学的分布

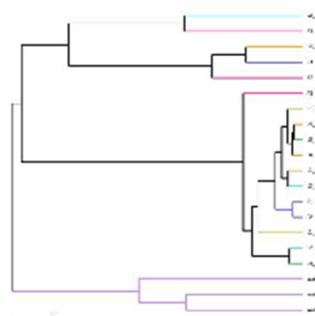


図2.ベータ多様性解析: UPGMA

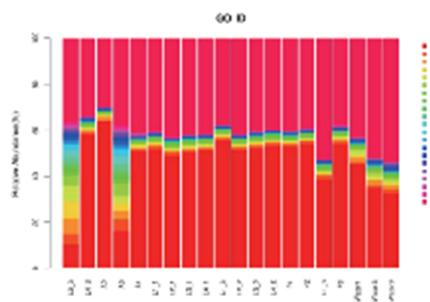


図3.機能アノテーション - GOabundance

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 2.0 µg	≧ 40 µL	≧ 50 ng/µL	≧ 6.5 5.0 ≧ 28S/18S ≧ 1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.8 - 2.0 O.D. <sub>260/230</sub> : 1.0 - 2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと



### 概要

#### small RNA-Seq 受託解析サービス

Small RNA (sRNA) 分子には、microRNAs (miRNA)、small interfering RNAs (siRNA)、および piwi-interacting RNAs (piRNA) が含まれます。これらのうち、約18-25ヌクレオチドの長さの miRNA は、様々な細胞プロセスにおける極めて重要な調節的役割において、特に注目されています。組織特異的および段階特異的な発現パターンを持つ miRNA は、異なる生物種間で高い保存性を示します。

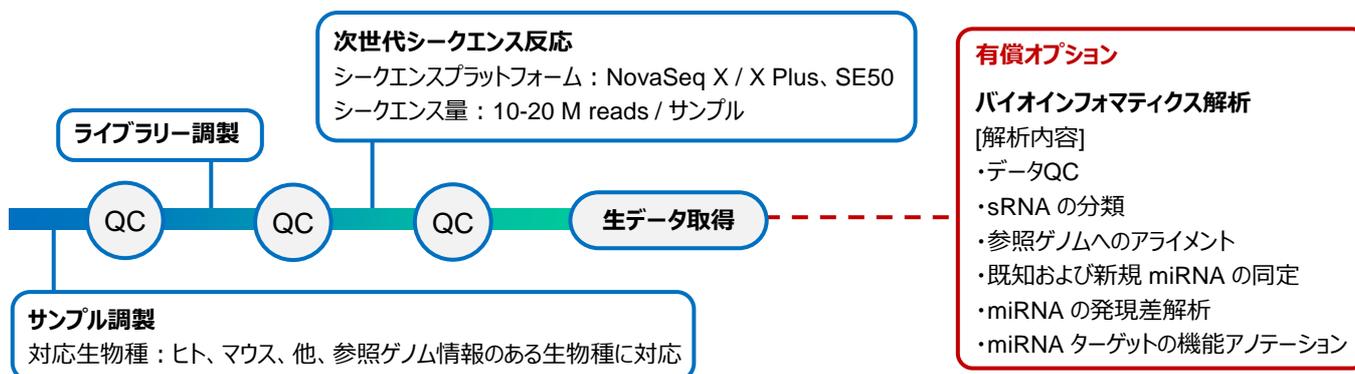


#### Exosome small RNA-Seq 受託解析サービス

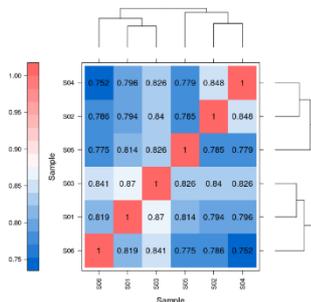
エクソソームには様々な RNA が含まれており、その中で最も一般的で広く研究されているのは、microRNA (miRNA) です。miRNA は、約18-25ヌクレオチドの長さのノンコーディング small RNA の一種です。miRNA は、標的 mRNA の 3' 非翻訳領域 (3' UTR) に結合することにより、転写後遺伝子サイレンシングを仲介し、遺伝子発現を制御します。例えば、ある特定の腫瘍細胞から分泌されるエクソソームには、miR-126 や miR-92a など特異的な miRNA が含まれています。これらの miRNA は、受容細胞での遺伝子発現に影響を与え、腫瘍の血管新生を促進します (Tomohiro Umezu, et al., Oncogene, 2012)。

### サービス内容

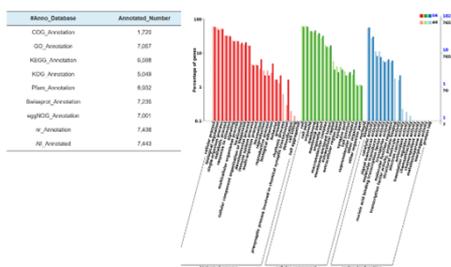
ご送付いただいた RNA サンプルを用いて、品質チェック (QC チェック) から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオフィーマティクス解析にも対応しています。



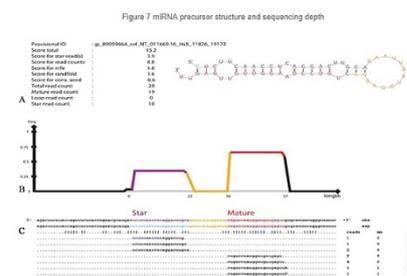
### 解析データ例



発現変動 miRNA (階層的クラスタリング)



発現変動 miRNA の標的の機能アノテーション



miRNA の同定 (構造と深度)

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≥ 1.6 μg	≥ 20 μL	≥ 80 ng/μL	≥ 6.0 5.0≥28S/18S≥1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7 - 2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5 - 2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度
Exosomal total RNA	≥ 80 ng	≥ 40 μL	≥ 2 ng/μL



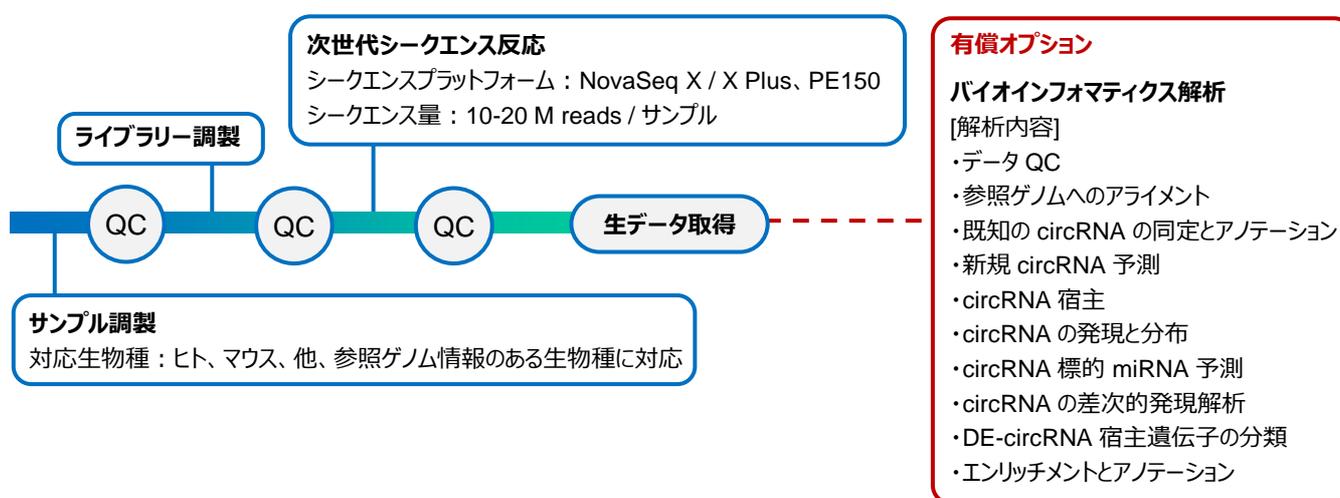
### 概要

Circular RNA は、非標準的なスプライシングイベントによって閉じたループを形成する RNA 分子クラスの一つであり、高い安定性を有します。Circular RNA シークエンス (CircRNA-Seq) は、この circRNA のプロファイリングと解析を行います。一部の circRNA は、microRNA スポンジとして機能し、microRNA と結合することで標的 mRNA の制御を妨げることが示されていますが、その他の circRNA はタンパク質と相互作用し、遺伝子発現を調節したり、細胞プロセスにおいて役割を持つ可能性があります。circRNA 発現解析は、これらの分子の制御的役割と、様々な細胞プロセス、発生段階、および疾患状態におけるその重要性についての洞察を提供し、遺伝子発現の文脈における RNA 制御の複雑さについての理解を深めることに貢献します。

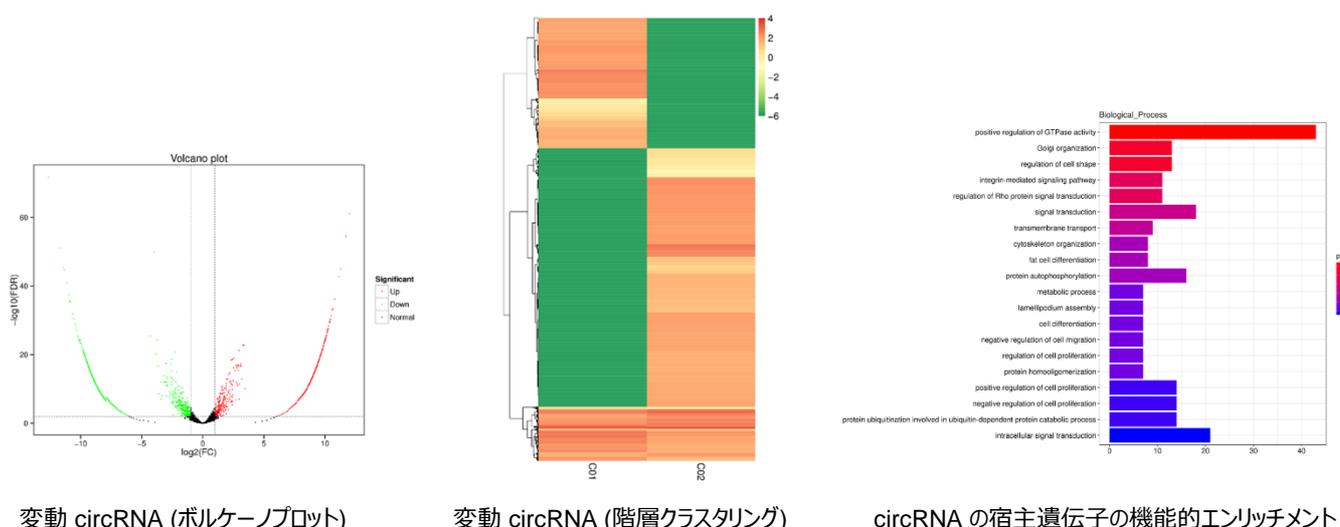


### サービス内容

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



### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 1.6 µg	≧ 20 µL	≧ 80 ng/µL	≧ 6.0 5.0≧28S/18S≧1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7-2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5-2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと



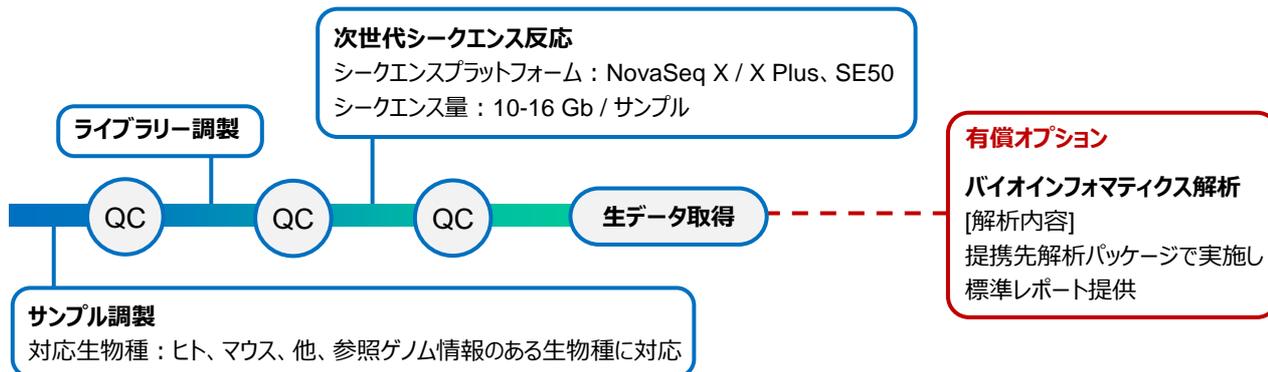
### 概要

Long non-coding RNA (lncRNA) は、200 ヌクレオチド以上の長さを持ち、最小限のコーディング能力を持つ、ノンコーディング RNA の中で極めて重要な要素です。核および細胞質に存在するこれらの RNA は、エピジェネティック、転写および転写後調節において重要な役割を果たし、細胞および分子プロセスの形成におけるその重要性を強調しています。lncRNA シークエンシングは、細胞分化、固体発生、ヒト疾患における協力的なツールです。

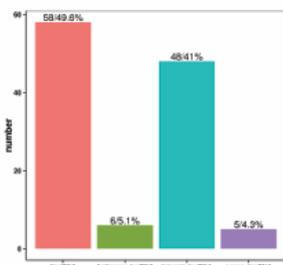


### サービス内容

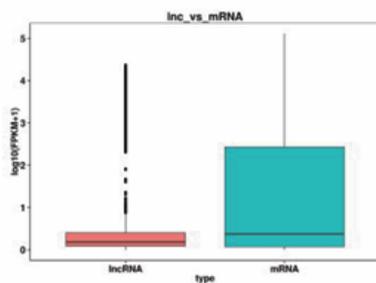
ご送付いただいた RNA サンプルを用いて、品質チェック (QC チェック) から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオフィーマティクス解析にも対応しています。



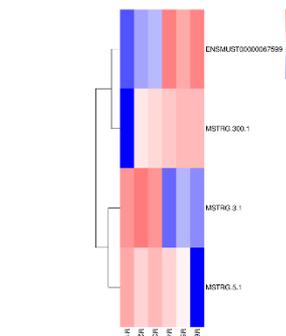
### 解析データ例



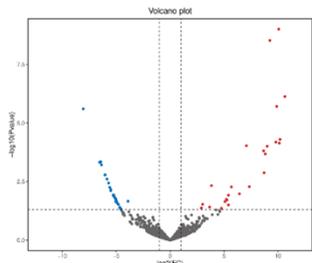
lncRNA の分類



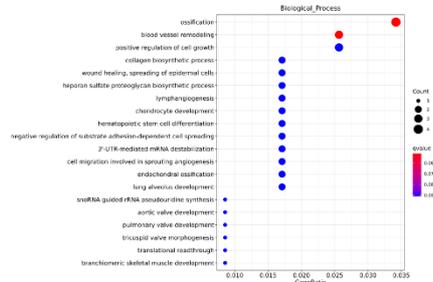
mRNA vs LncRNA



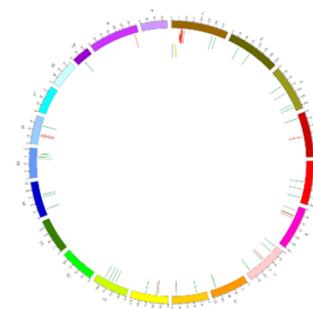
lncRNA 発現の定量化 (クラスタリング)



遺伝子発現差 (DEG) 解析



lncRNA 標的遺伝子のエンリッチメント



mRNA と lncRNA のポジション解析 (Circosプロット)  
(中央の円は mRNA、内側の円は lncRNA)

### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 1.6 µg	≧ 20 µL	≧ 80 ng/µL	≧ 6.0 5.0≧28S/18S≧1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7 - 2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5 - 2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと



### 概要

ショートリードベースの mRNA シークエンシングは、遺伝子発現を定量化するために汎用性の高いツールですが、ショートリードに依存しているため、複雑なトランスクリプトミクス解析での利用には限界があります。一方、PacBio シークエンシング (Iso-Seq) は、ロングリード技術を採用しており、全長 mRNA 転写物のシークエンシングが可能です。このアプローチにより、選択的スプライシング、遺伝子融合、ポリアデニル化の包括的な調査が容易になります ※。

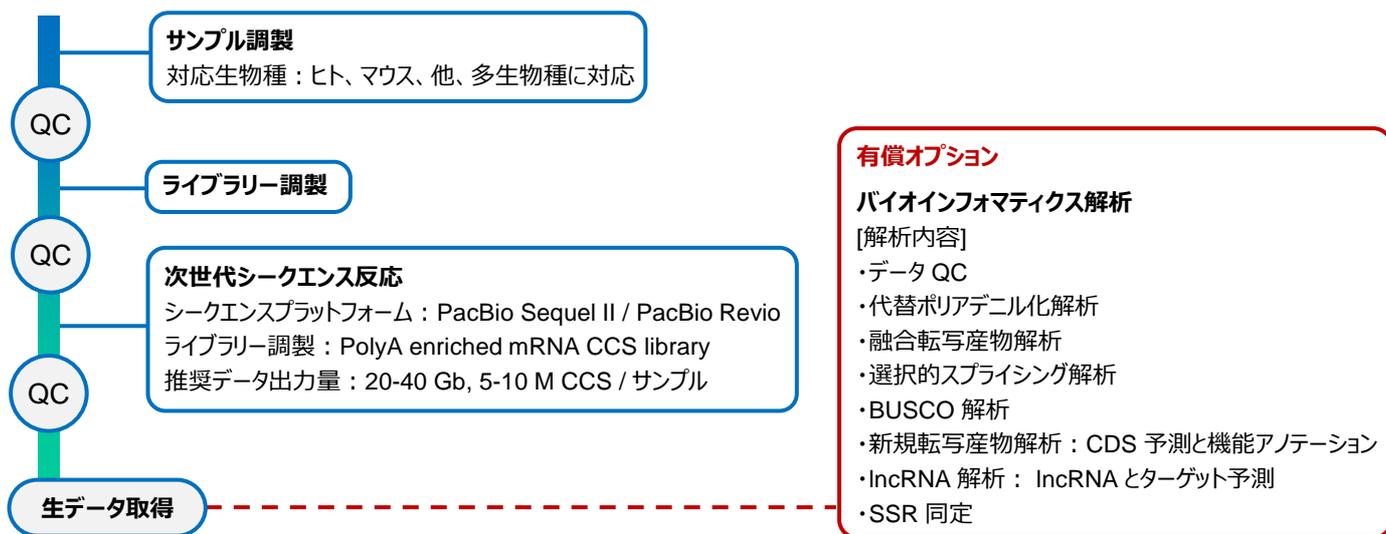


PacBio シークエンシングテクノロジーは、単一分子リアルタイム (Single molecule, real-time ; SMRT) シークエンシングを採用しており、全長 mRNA 転写産物を捕捉する上で明確な利点があります。この革新的なアプローチでは、シークエンス中に DNA ポリメラーゼ活性をリアルタイムで観察できるゼロモード導波路 (Zero-mode waveguides ; ZMW) と微細加工ウェルを使用します。これらの ZMW 内で、PacBio の DNA ポリメラーゼは DNA の相補鎖を合成し、mRNA 転写産物全体にわたる長いリードを生成します。PacBio の Circular Consensus sequencing (CCS) モードの動作では、同じ分子を繰り返しシークエンシングすることで精度が向上します。生成された HiFi リードは、ショートリードに匹敵する精度を持ち、複雑なトランスクリプトーム特性の包括的で信頼性の高い解析にさらに貢献します。

※ Iso-Seq では、必要なデータ出力量が多いため、遺伝子発現の定量化には他の選択肢として、ナノポアシークエンシングによるサービスもご用意しています。

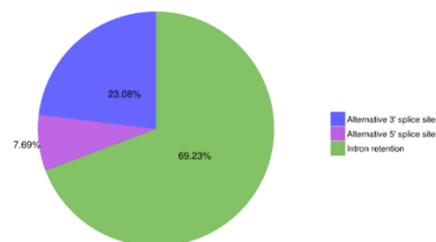
### サービス内容

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) から次世代シークエ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。

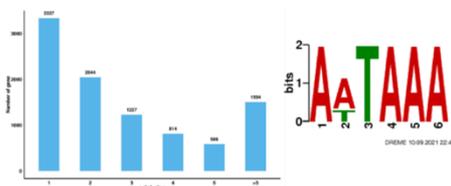


### 解析データ例

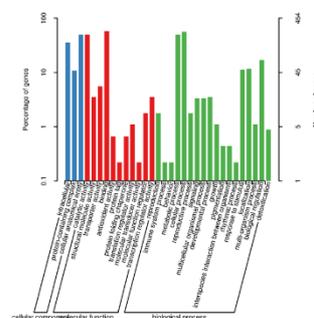
Alternative Aplicing 解析



代替ポリアデニル化解析 (APA)



新規転写産物の機能アノテーション



### サンプル条件

サンプルタイプ	必要量	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≧ 2.0 µg	≧ 20 µL	≧ 100 ng/µL	動物：≧ 6.0 植物：≧ 8.0 5.0≧28S/18S≧1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7 – 2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5 – 2.5 RNA分解、DNAのコンタミがないこと



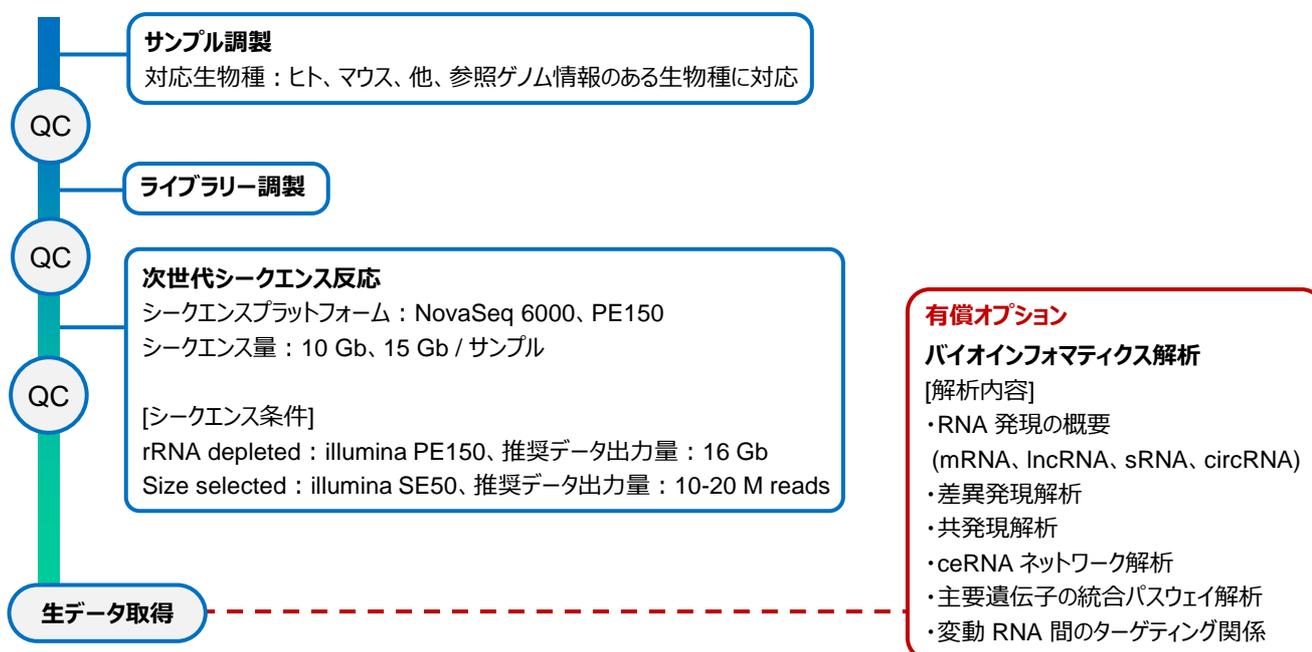
## 概要

全トランスクリプトームシーケンシングは、コーディング RNA (mRNA) とノンコーディング RNA (lncRNA、circRNA、miRNA) を含む多様な RNA 分子のプロファイリングに対する包括的なアプローチを提供します。この技術は、ある特定の瞬間の特定の細胞のトランスクリプトーム全体を捉え、細胞プロセスの全体的な理解を可能にします。「Total RNA シーケンシング」とも呼ばれるこの技術は、トランスクリプトームレベルで複雑な制御ネットワークを明らかにすることを目的としており、競合する内因性 RNA (competing endogenous RNA ; ceRNA) とそれらに結合する RNA などの詳細な解析を可能にします。これは、特に circRNA-miRNA-mRNA ベースの ceRNA 相互作用が関与する制御ネットワークの解明において、機能特性評価への第一歩となります。

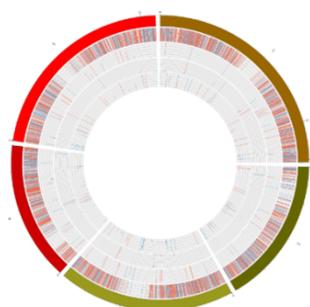


## サービス内容

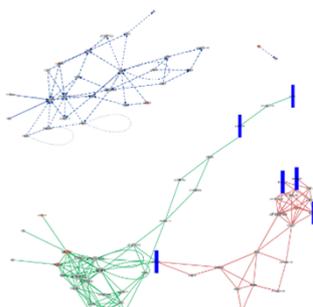
ご送付いただいた RNA サンプルを用いて、品質チェック (QC チェック) から次世代シーケンスまで実施いたします。さらに、オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応しています。



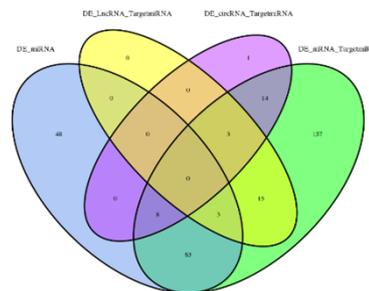
## 解析データ例



発現変動遺伝子



ceRNA ネットワーク解析



発現変動 miRNA と関連 RNA

## 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	液量	濃度	RIN	純度
total RNA	≥ 2.4 μg	≥ 30 μL	≥ 80 ng/μL	≥ 6.0 5.0 ≥ 28S/18S ≥ 1.0 ; ベースラインが低いこと	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7 - 2.5 O.D. <sub>260/230</sub> : 0.5 - 2.5 タンパク質やDNAのコンタミがないこと



### 概要

転移 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 レポートリーの変化は、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 レポートリーは、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、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 レポートリーの研究は、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。

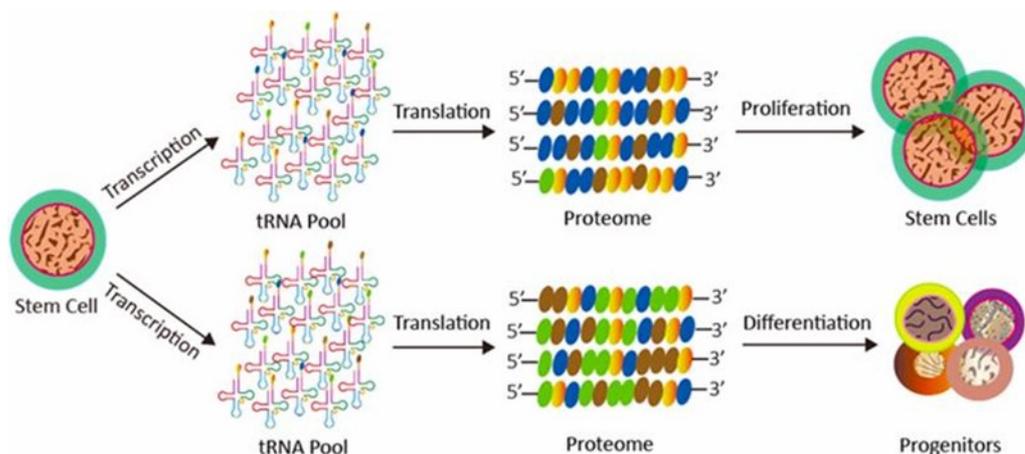


図1. 細胞運命決定における tRNA レポートリーの影響

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 シークエ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 シークエ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。

#### tRNAの単離・前処理およびライブラリー調製

対応生物種：ヒト、マウス、他、[GtRNAdb](#) に登録されている全生物種に対応

QC

QC

QC

#### 次世代シーケンス反応

[シーケンスプラットフォーム]

NovaSeq 6000、またはNextSeq 500、SE50

[シーケンス量]

5-10 M raw reads / サンプル

#### バイオインフォマティクス解析

解析内容]

- ・シーケンスデータ QC
- ・tRNA 参照データベースへのリードマッピングとアライメント
- ・adaptor-trimmed reads の長さ分布
- ・tRNA の同定とアノテーション
- ・unique mapped reads に基づく tRNA 発現プロファイリング
- ・unique および multi-mapped reads に基づく tRNA 発現プロファイリング
- ・tRNA の発現差解析
- ・発現変動 tRNA の階層的クラスタリングヒートマップ
- ・発現変動 tRNA のスカッタープロット
- ・発現変動 tRNA のボルケーノプロット図



## 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	GCAATGGTG GTTCAATGG TAGAATTCTCGCTCCACGCGGGTGACCCGGGTTTCGATCCCGGCCAATGCACCA	
tRNA-Gly-GCC-1-1	GCAATGGTG GTTCAATGG TAGAATTCTCGCTCCACGCGGGGAGGCCGGGTTTCGATCCCGGCCAATGCACCA	
tRNA-Asn-GTT-1-1	GTCTCCGTGGCGCAATCGGTCAGCGCTTCGGCTGTTAACCGAAAGGTTGGTTCGAGCCACCGGGGACGCCA	
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アノテーションが付けられます。

### 発現変動プロファイリング 2

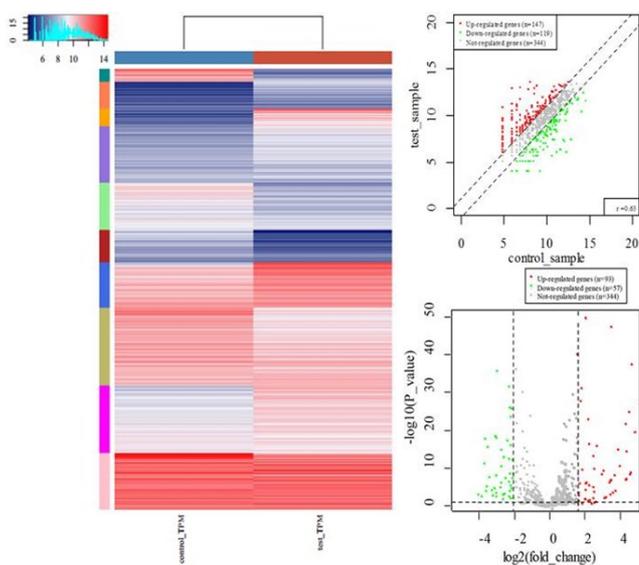


図3. 発現差解析のプロット。  
発現変動 tRNA は、K-means クラスタリングヒートマップ、スカッター  
プロットおよびボルケーノプロットで表示されます。

### 様々な tRNA 種類ごとの発現レベル (有償オプション)

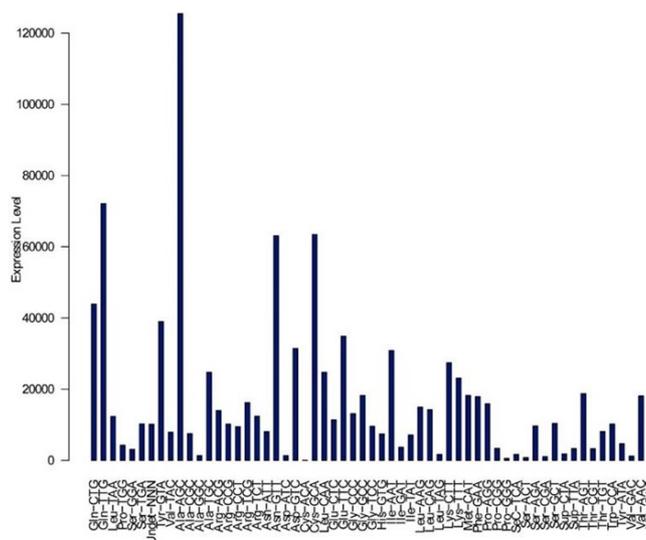


図4. アンチコドン別にグループ化された、様々な tRNA タイプの発現  
レベルを示しています。

## サンプル条件

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 10 µg	> 5 µg	> 20 ng/µL	> 7.0	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7~2.0 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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 ; シクロソーム 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 および 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。

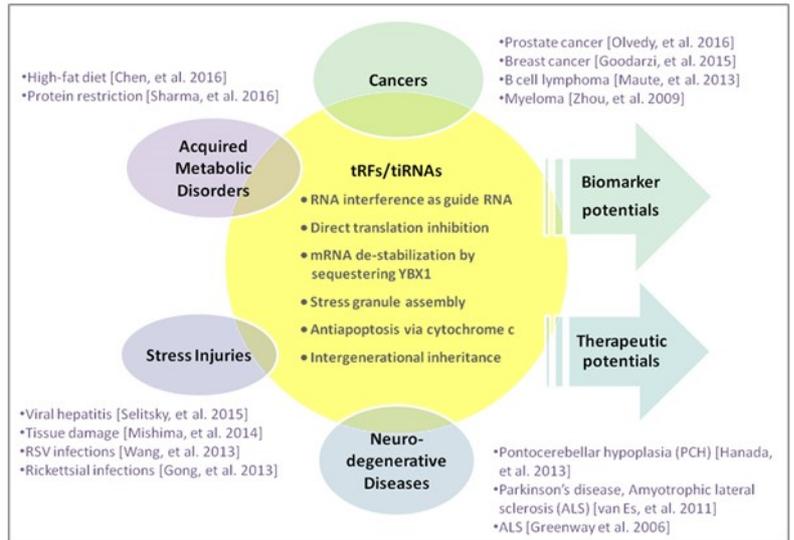
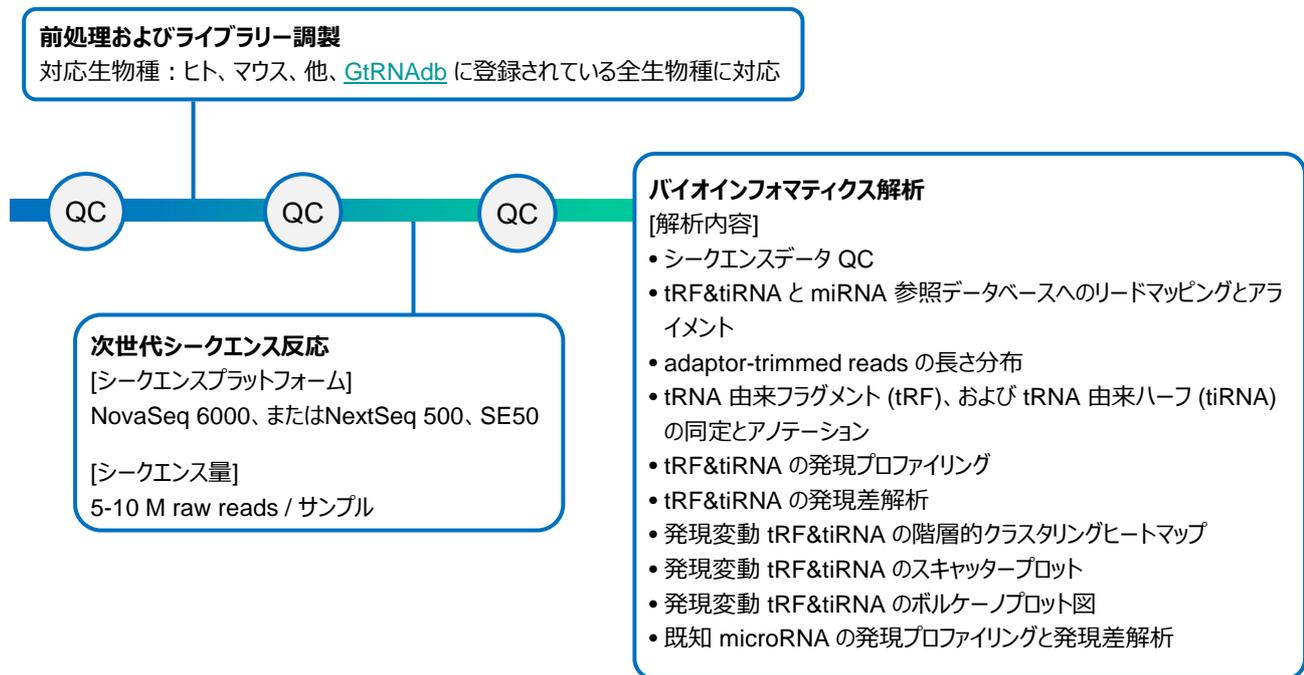


図1. tRF&tiRNA の機能および疾患との関連

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 シーケンシング法を採用しており、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-BOJBN981B	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	AACAACATGGCTTTCTCACCA	chrM.tRNA12-SerGCT,GAGAAAGC... ..TCTCACCA,Ser-GCT,41
tRF-1:14-Leu-TAA-1-1	ACCAGGATGGCCGA	tRNA-Leu-TAA-1-1,ACCAGGAT... ..TGGTACCA,Leu-TAA,0
tRF-69:86-Leu-TAA-1-1	ACCCCACTCCTGGTACCA	tRNA-Leu-TAA-1-1,ACCAGGAT... ..TGGTACCA,Leu-TAA,68
tRF-1:31-iMet-CAT-1-1	AGCAGATGGCGCAGCGGAAGCGTCTGGCC	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	GTAAACCGGAGACGAAAACTTTTCCAAAGGACACCA	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

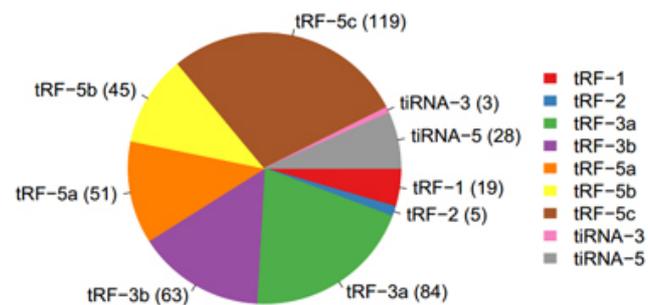


図3. tRF&tiRNA サブタイプの分布。

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

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 10 µg	> 5 µg	> 20 ng/µL	> 7.0	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7~2.0 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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。

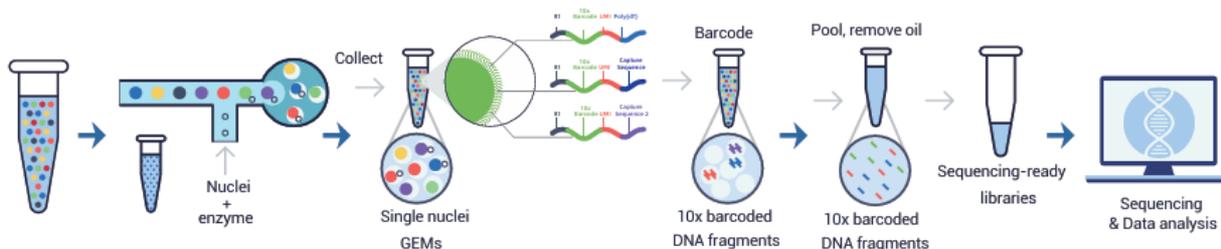
概要

シングルセルキャプチャーおよびカスタムライブラリー構築技術の開発は、ハイスループットシーケンシングと相まって、細胞レベルでの遺伝子発現研究に革命をもたらしました。この画期的な進歩により、複雑な細胞集団のより深く、より包括的な分析が可能になり、全細胞の遺伝子発現の平均化に伴う制限を克服し、これらの集団内の真の不均一性を維持することができるようになりました。シングルセル RNA シークエンシング (scRNA-seq) には否定できない利点がある一方で、シングルセル懸濁液の作成が困難で、新鮮なサンプルを必要とする特定の組織では課題に直面します。本解析では、最先端の 10X Genomics Chromium 技術を用いたシングル核 RNA シークエンシング (snRNA-seq) を提供することで、この課題に対処しています。このアプローチにより、シングルセルレベルでのトランスクリプトーム解析に適したサンプルの範囲が広がります。



技術概要

核の単離は、10X Genomics Chromium チップによって行われます。このシステム内では、バーコード、プライマー、酵素、および単一の核を組み込んだゲルビーズがナリットルサイズの油滴に封入され、ゲルビーズインエマルジョン (GEM : Gel Beads-in-Emulsion) を形成します。GEM 形成後、核 GEM 内で細胞溶解とバーコードの放出が起こります。その後、mRNA 分子は逆転写を受け cDNA となり、10X バーコードとユニーク分子識別子 (UMI : Unique Molecular Identifiers) が組み込まれます。これらの cDNA はその後、標準的なシーケンシングライブラリー構築に用いられ、シングルセルレベルでの遺伝子発現プロファイルの堅牢かつ包括的な探索を容易にします。

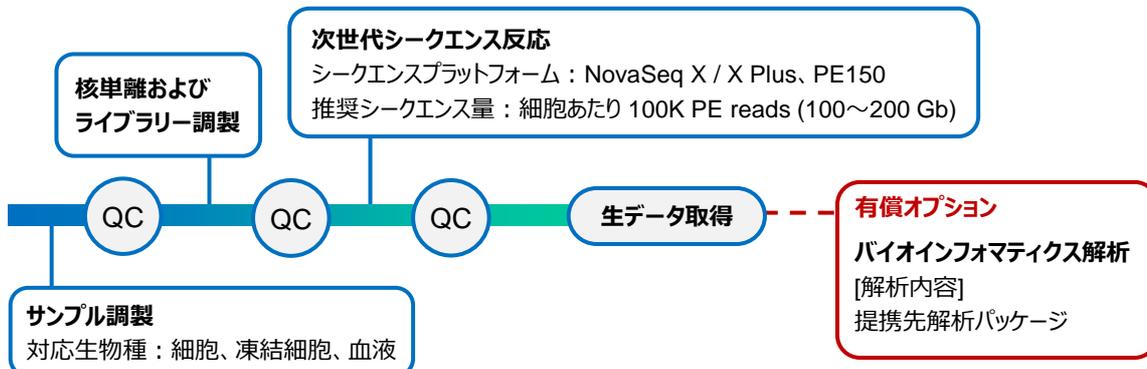


シングル核 RNA シークエンスの特長

- シングル核 RNA シークエンスは、シングルセル RNA シークエンスの制限を回避し、以下を可能とします。
- ・新鮮なサンプルだけでなく、凍結サンプルでも使用可能
- ・新鮮細胞の酵素処理と比較し、凍結細胞はストレスが少ないため、ストレス誘導性遺伝子の低減がデータに反映される。
- ・赤血球を事前に除去する必要なし
- ・細胞直径に制限なし
- ・組織からの細胞分散時に細胞が凝集しやすい、あるいはダメージを受けやすい複雑な組織サンプルにも適応できる場合が多い。

サービス内容

ご送付いただいたサンプルを用いて、QC チェックから次世代シーケンク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。





## 解析内容とデータ例

### バイオインフォマティクス解析内容

#### ・品質管理

細胞数、遺伝子検出、細胞の正確な同定、RNA 分子と発現の定量

#### ・サンプル内分析

細胞クラスタリングおよびクラスターアノテーション

発現差解析：クラスター間での DEG 同定

クラスター DEG の機能アノテーションとエンリッチメント

#### ・グループ間分析

データの組み合わせ

発現差解析：グループ間での DEG 同定

グループ DEG の機能アノテーションとエンリッチメント

#### ・高度解析 (有償オプション)

細胞周期解析

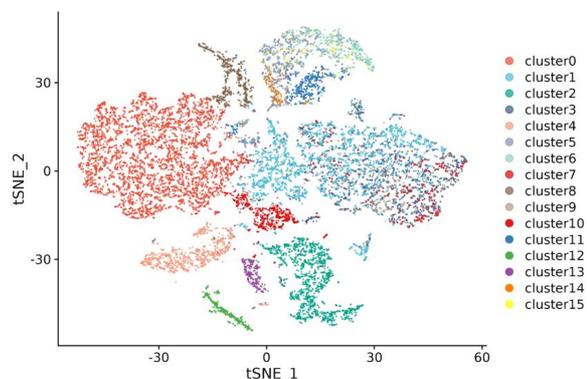
擬似時間解析

細胞コミュニケーション解析 (CellPhoneDB)

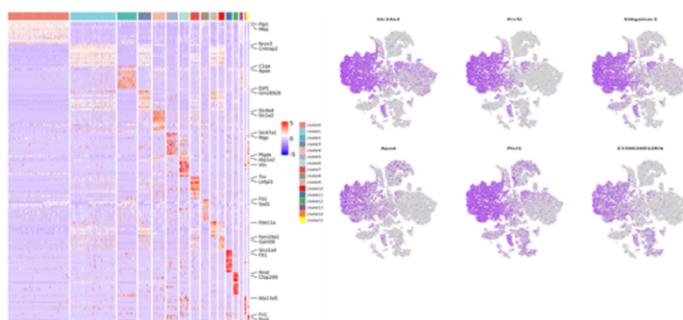
遺伝子セットエンリッチメント解析 (GSEA)

### サンプル内分析

#### 細胞クラスタリング

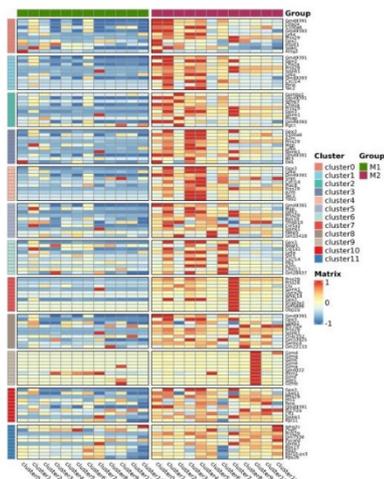


#### 発現差解析



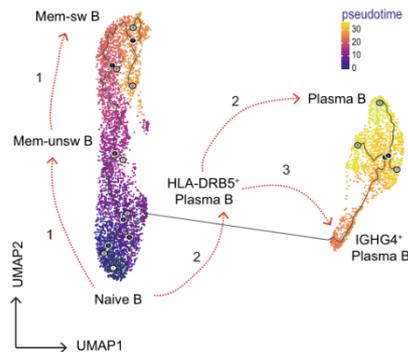
### グループ間分析

#### 発現差解析

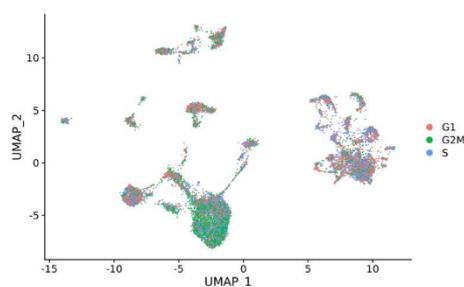


### 高度解析

#### 擬似時間解析



#### 細胞周期解析



### サンプル条件

細胞	新鮮組織	血液
合計 $1 \times 10^6$ 以上の細胞数、または $5 \times 10^5$ 以上のフローソート細胞	$\geq 200$ mg	$\geq 4$ mL



## 概要

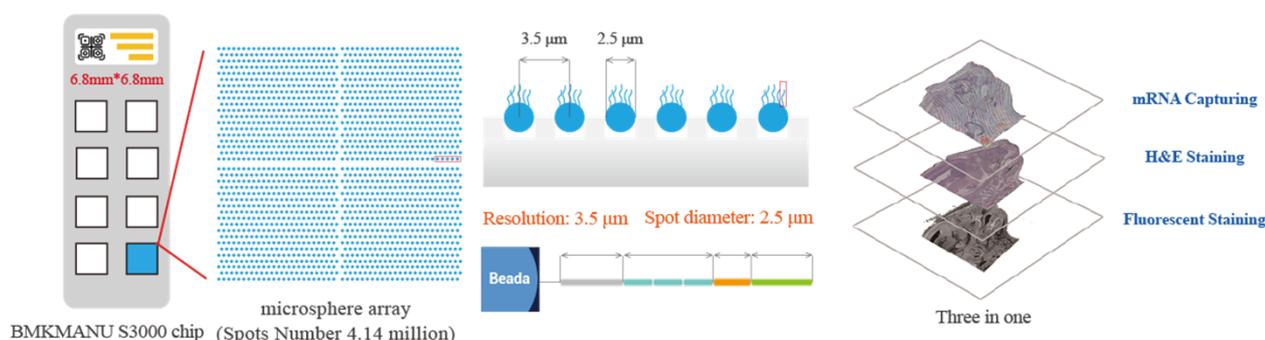
空間トランスクリプトミクスは、科学の革新の最前線に立ち、研究者が空間的文脈を維持しながら組織内の複雑な遺伝子発現パターンを掘り下げることが可能になります。本サービスは、BMKGene 社が開発した独自のプラットフォーム BMKMANU を使用した空間トランスクリプトミクス解析サービスです。非常に汎用性が高く、様々な組織や必要な詳細レベルに合わせて微調整できるマルチレベルの解像度設定を提供します。

空間トランスクリプトミクス技術を使用することで、細胞の空間的組織や組織内で発生する複雑な分子相互作用をより深く理解し、腫瘍学、神経科学、発生生物学、免疫学、植物学などの幅広い分野での生物学的プロセスの根底にあるメカニズムについて貴重な洞察を得ることができます。



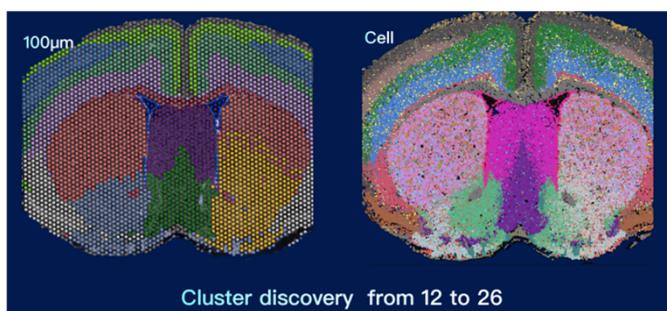
## 技術概要

BMKGene 社が開発した独自のプラットフォーム、BMKMANU S3000 Spatial Transcriptome Chip は、3.5  $\mu\text{m}$  の解像度を誇ります。これにより、細胞内範囲の解析を実現し、マルチレベルの解像度設定を可能にしました。約400 万個のスポットを持つ S3000 チップは、空間的にバーコード化されたキャプチャープローブを搭載したビーズを層状にしたマイクロウェルを採用しています。S3000 チップで空間バーコードにより濃縮された cDNA ライブラリーが調製され、その後、illumina NovaSeq プラットフォームでシーケンシングします。空間的にバーコードされたサンプルと UMI の組み合わせにより、生成されるデータの精度と特異性が保証されます。BMKMANU S3000 チップは非常に汎用性が高く、様々な組織や必要な詳細レベルに合わせて微調整できるマルチレベルの解像度設定を提供します。この適応性により、このチップは多様な空間トランスクリプトミクス研究に最適な選択肢となり、ノイズを最小限に抑えた正確な空間クラスタリングを実現します。BMKMANU S3000 で細胞セグメンテーション技術を使用すると、転写データを細胞の境界に限定することができ、直接的な生物学的意味を持つ分析が可能になります。さらに、S3000 の分解能の向上により、細胞あたりの検出される遺伝子と UMI の数が増え、細胞の空間転写パターンとクラスタリングのより正確な解析が可能です。



## 特徴

- ・解像度：3.5  $\mu\text{m}$
- ・スポット径：2.5  $\mu\text{m}$
- ・スポット数：約400 万個
- ・3 種類から選択可能なキャプチャー領域フォーマット：6.8 mm  $\times$  6.8 mm  $\times$  11 mm、15 mm  $\times$  20 mm
- ・各バーコードビーズには、以下の 4 つのセクションで構成されたプライマーを搭載：
  - mRNA プライミングおよび cDNA 合成のための poly(dT) テール
  - 増幅バイアスを補正するための Unique Molecular Identifier (UMI)
  - 空間バーコード
  - 部分的な Read1 のシーケンシングプライマーの結合配列
- ・切片の H&E 染色と蛍光染色
- ・細胞セグメンテーション技術の仕様の可能性：H&E 染色、蛍光染色、RNA シーケンシングを統合して各細胞の境界を決定し、各細胞の遺伝子発現を正しく割り当てます。細胞ピンに基づく下流の空間プロファイリング分析の処理
- ・マルチレベル分解能での解析が可能：100  $\mu\text{m}$  から 3.5  $\mu\text{m}$  までの柔軟なマルチレベル解析により、様々な組織の特徴を最適な解像度で解析





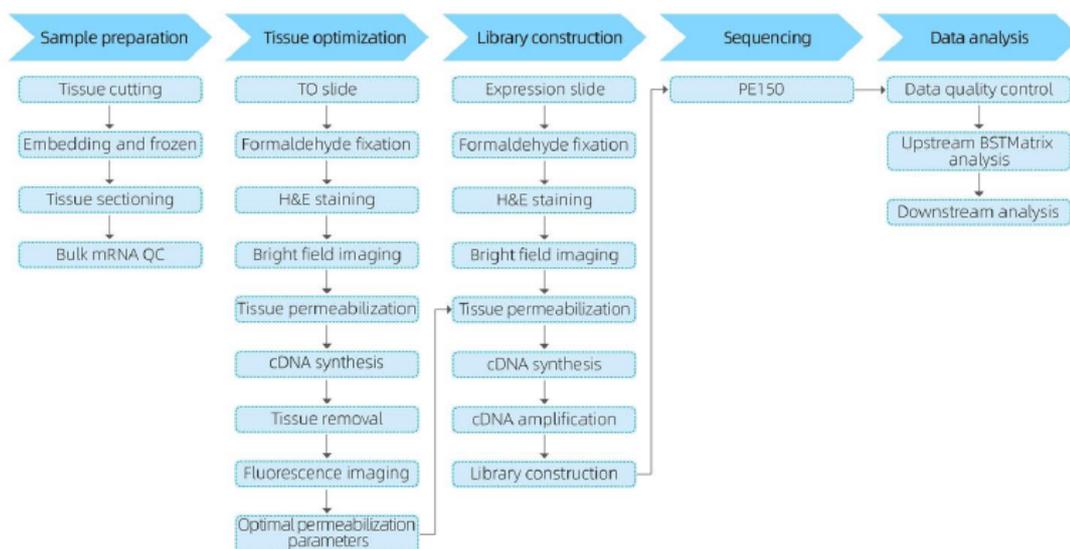
## サービス内容

### 仕様

必要サンプル条件	QCT 包埋クライオサンプル (最適な直径：約 6 x 6 x 6 mm <sup>3</sup> )、サンプルあたり 3 ブロック
ライブラリー	S3000 cDNA ライブラリー
シーケンス条件	Illumina PE150
推奨データ量	160 K PE reads per 100 μM (250 Gb)
サンプル QC	RIN > 7

### ワークフロー

サンプル調製段階では、高品質の RNA を確実に得られる様、最初バルク RNA 抽出試験が行われます。組織最適化段階では、切片を染色して可視化し、組織から mRNA を放出するための透過条件も最適化します。最適化されたプロトコルによりライブラリーを作製し、その後、シーケンシングとデータ解析が行われます。



### データ解析パイプライン

BMKMANU S3000 によって生成されたデータは、BMKGene 社が独自に開発したソフトウェア「BSTMatrix」で解析され、細胞レベルおよびマルチレベル解像度の遺伝子発現マトリックスが生成されます。そこから、データ品質管理、サンプル内分析、グループ間分析を含む標準レポートが生成されます。

#### ・データ品質管理

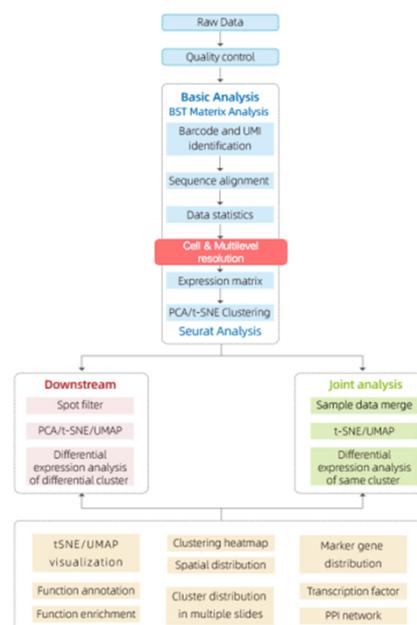
- データ出力と品質スコアの分布
- スポットあたりの遺伝子検出
- 組織カバー率

#### ・サンプル内分析

- 遺伝子の豊富さ
- スポットクラスタリング (次元削減分析を含む)
- クラスター間の発現差解析：マーカー遺伝子の同定
- マーカー遺伝子の機能アノテーションとエンリッチメント

#### ・グループ間分析

- 両サンプル (例：疾患とコントロール) 由来のスポットを組み合わせ、再クラスタリング
- 各クラスターのマーカー遺伝子の同定
- マーカー遺伝子の機能アノテーションとエンリッチメント
- 同じクラスターのグループ間発現変動

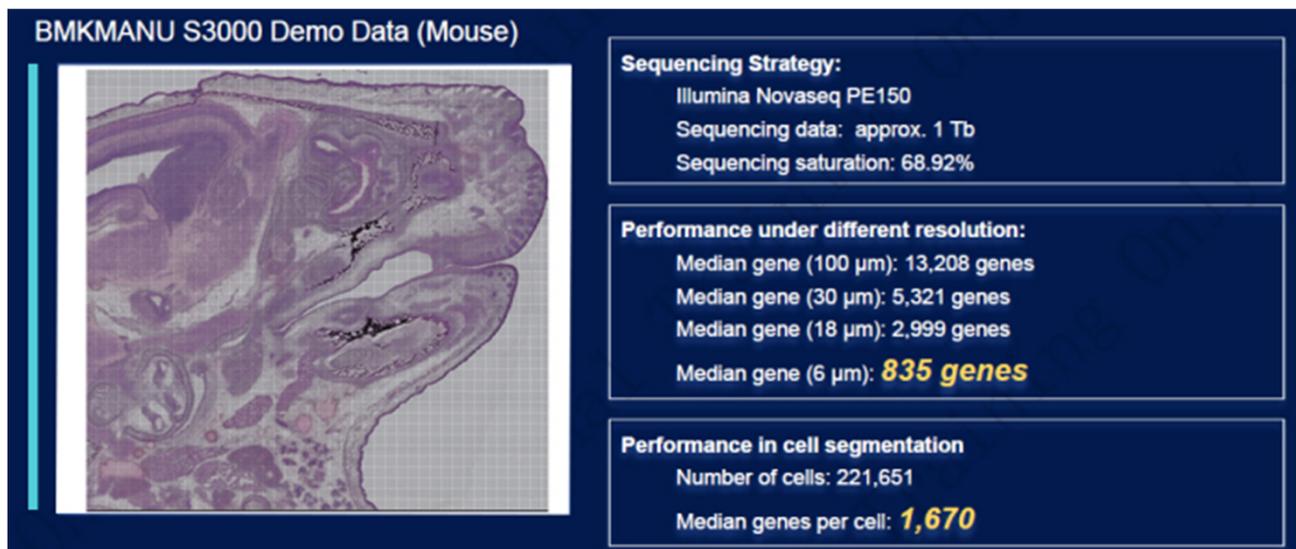




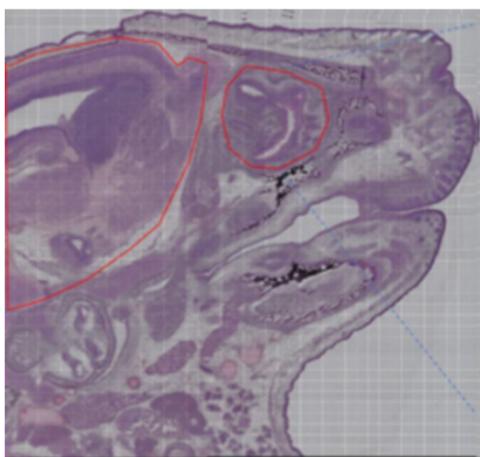
### 解析データ例

本解析では、正確なシングルセル分解能 (100  $\mu\text{m}$  から 3.5  $\mu\text{m}$  までのセルピンまたはマルチレベルスクエアピンに基づく) で空間プロファイリングサービスを提供します。S3000 スライド上の組織切片からの空間プロファイリングデータは、以下の様に良好に機能しました。

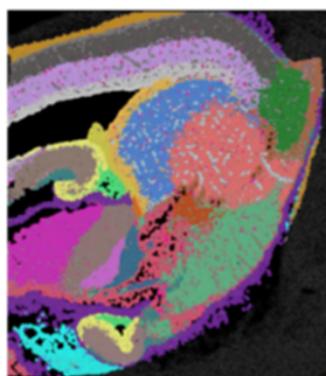
### ケーススタディ: マウス胚



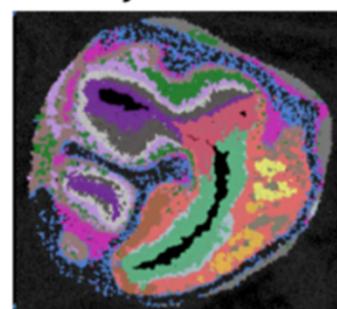
S3000 によるマウス胚切片の解析の結果、約 220,000 個の細胞が同定され、1 細胞あたりの遺伝子中央値は約 1,600 個でした。解像度が 3.5  $\mu\text{M}$ に向上したことで、転写パターンに基づいて非常に詳細な細胞クラスタリングが得られ、目の領域に 12 のクラスター、脳の領域に 28 のクラスターが見られました。



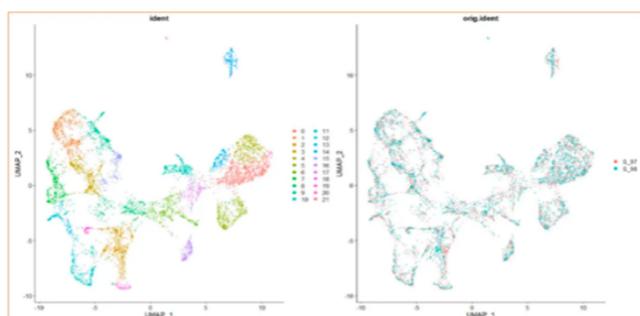
Brain area



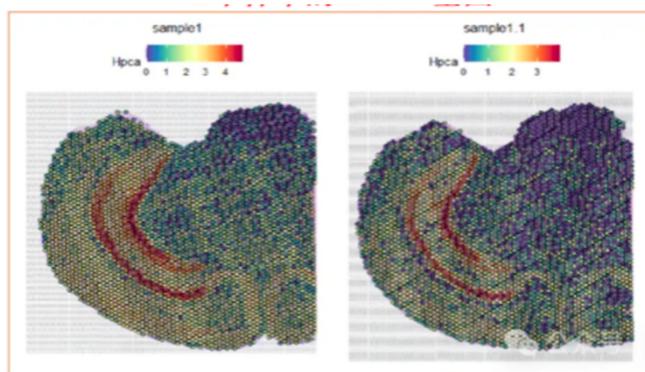
Eye area



### 細胞クラスタリング



### マーカー遺伝子の同定と空間分布





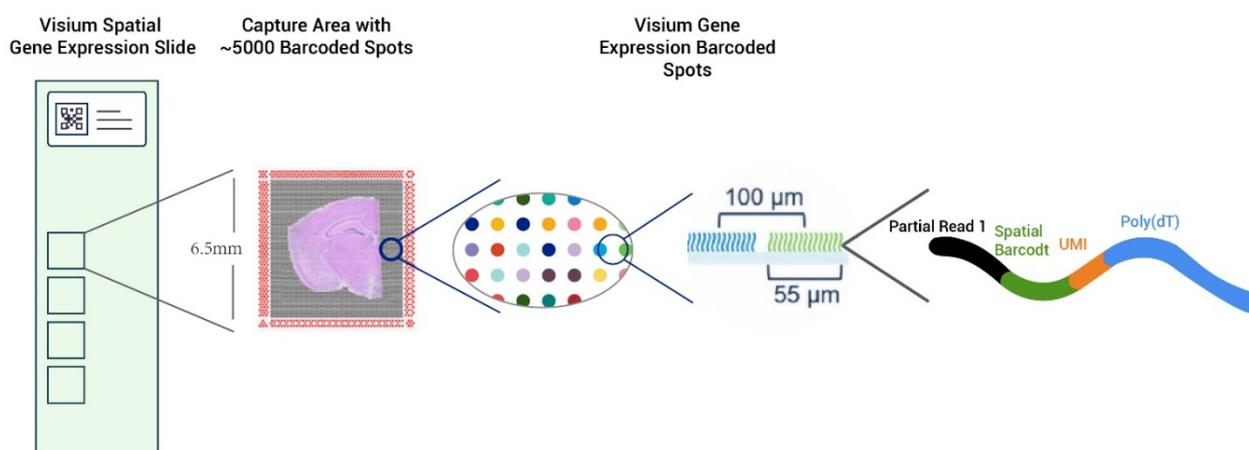
## 概要

空間トランスクリプトミクスは、研究者が空間的文脈を維持しながら組織内の複雑な遺伝子発現パターンを調査できる最先端の技術です。この技術を使用することで、研究者は細胞の空間的構成と組織内で発生する複雑な分子相互作用についてより深く理解することができ、腫瘍学、神経科学、発生生物学、免疫学、植物学など、複数の分野における生物学的プロセスの根底にあるメカニズムについて貴重な洞察を得ることができます。



## 技術概要

空間トランスクリプトーム解析における強力なプラットフォームの 1 つに、illumina シークエンシングと組み合わせた 10x Genomics Visium が挙げられます。10x visium の原理は、組織切片が置かれるキャプチャー領域が指定された特殊なチップにあります。このキャプチャー領域には、バーコード化されたスポットがあり、それぞれが組織内の固有の空間位置に対応しています。組織からキャプチャーされた RNA 分子は、逆転写の過程で、固有の分子識別子 (UMA) で標識されます。これらのバーコード化されたスポットと UMI は、シングルセル分解能で遺伝子発現の正確な空間マッピングと定量化を可能にします。空間的にバーコード化されたサンプルと UMI の組み合わせにより、生成されるデータの精度と特異性が保証されます。



## 特徴

- ・解像度：100 µM
- ・スポット径：55 µM
- ・スポット数：約 4492 個
- ・キャプチャー領域：6.5 mm × 6.5 mm
- ・各バーコードピースには、以下の 4つのセクションで構成されたプライマーを搭載：
  - mRNA プライミングおよび cDNA 合成のための poly(dT) テール
  - 増幅バイアスを補正するための Unique Molecular Identifier (UMI)
  - 空間バーコード
  - 部分的な Read 1 のシーケンシングプライマーの結合配列
- ・切片の H&E 染色

## サービス内容

### 仕様

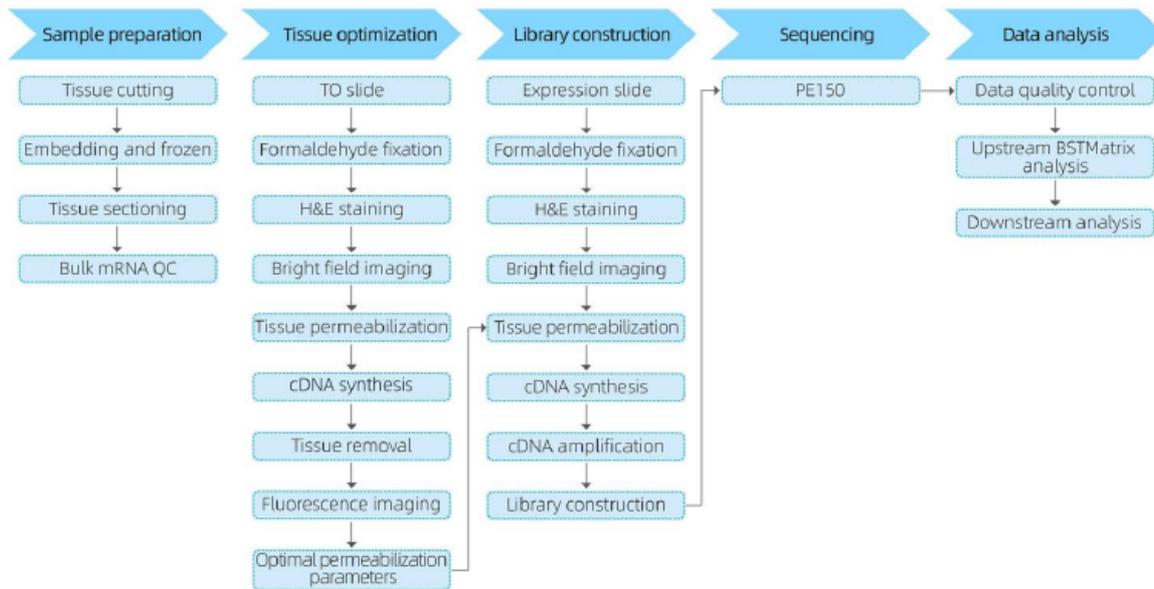
必要サンプル条件	QCT 包埋クライオサンプル (最適な直径：約 6 x 6 x 6 mm <sup>3</sup> )、サンプルあたり 3 ブロック
ライブラリー	10x Visium cDNA ライブラリー
シーケンス条件	Illumina PE150
推奨データ量	160 K PE reads per spot (60 Gb)
サンプル QC	RIN > 7



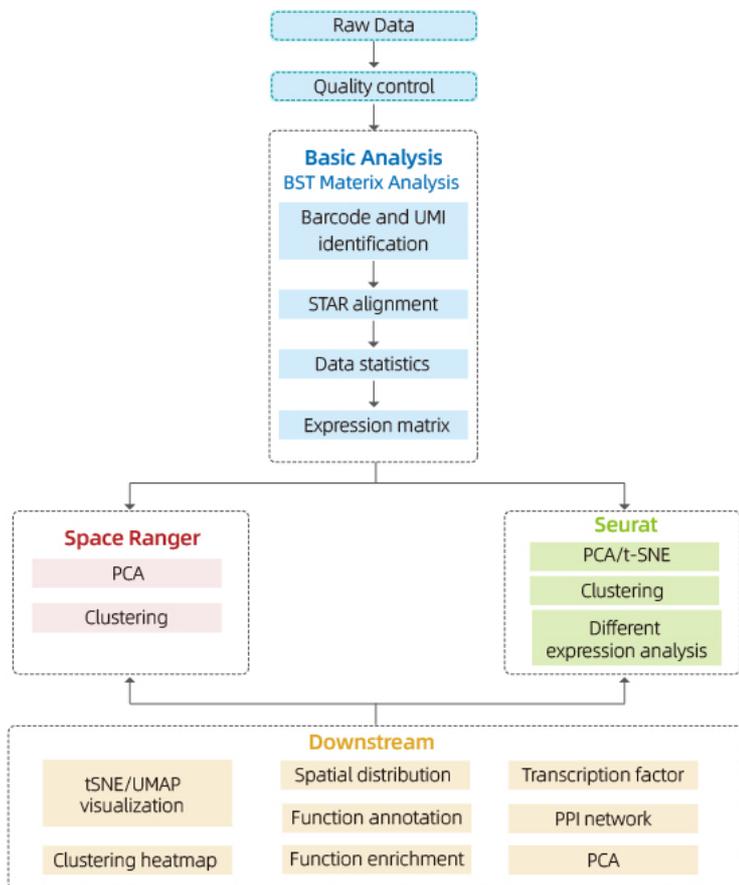
### サービス内容

#### ワークフロー

サンプル調製段階では、高品質の RNA を確実に得られる様、最初バルク RNA 抽出試験が行われます。組織最適化段階では、切片を染色して可視化し、組織から mRNA を放出するための透過条件も最適化します。最適化されたプロトコルによりライブラリーを作製し、その後、シーケンシングとデータ解析が行われます。



#### データ解析パイプライン



#### ・データ品質管理

データ出力と品質スコアの分布  
スポットあたりの遺伝子検出  
組織カバー率

#### ・サンプル内分析

遺伝子の豊富さ  
スポットクラスタリング (次元削減分析を含む)  
クラスター間の発現差解析：マーカー遺伝子の同定  
マーカー遺伝子の機能アノテーションとエンリッチメント

#### ・グループ間分析

両サンプル (例：疾患とコントロール) 由来のスポットを組み合わせ、再クラスター化  
各クラスターのマーカー遺伝子の同定  
マーカー遺伝子の機能アノテーションとエンリッチメント  
同じクラスターのグループ間発現変動



### 解析データ例

サンプル内分析  
スポットクラスタリング

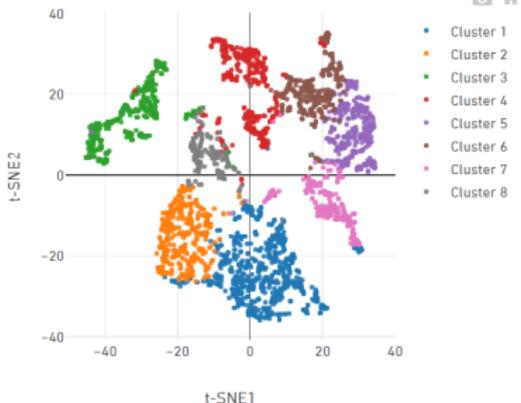
#### Clustering ②

Tissue Plot with Spots Colored by Clustering

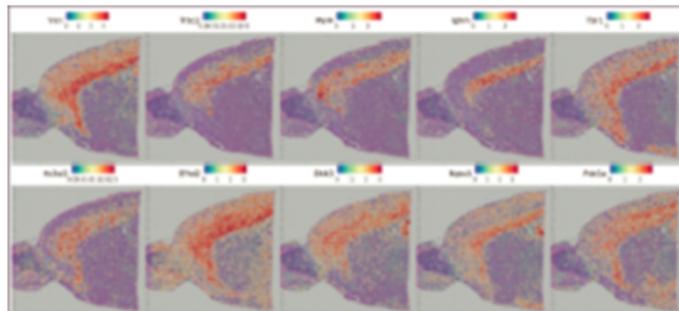
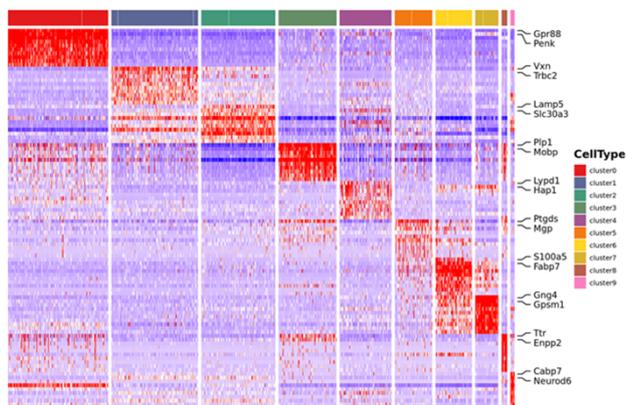


Clustering Type: Graph-based

t-SNE Projection of Spots Colored by Clustering

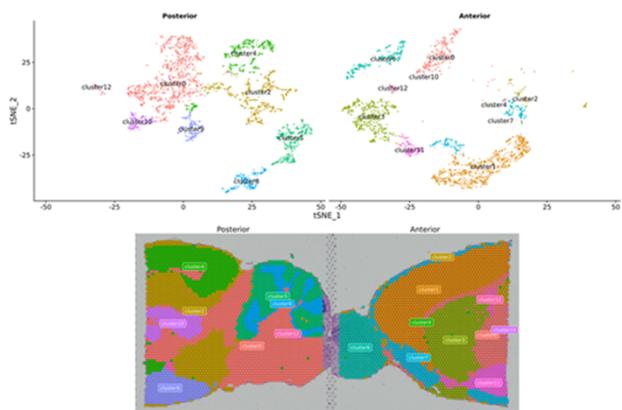


#### マーカー遺伝子の同定と空間分布

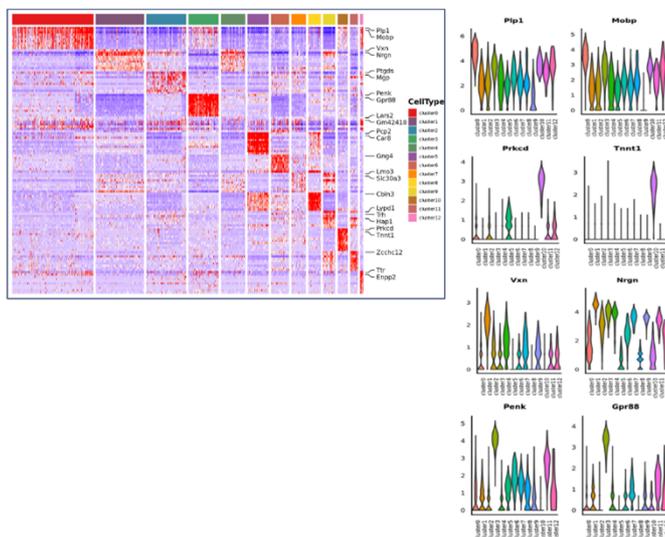


#### グループ間分析

両グループのデータの組み合わせと再クラスタリング



#### 新規クラスターのマーカー遺伝子





## 概要

RNA 修飾シーケンシング受託解析サービスでは、RNA 免疫沈降シーケンシングにより、N6-メチルアデノシトシン (m6A)、1-メチルアデノシン (m1A)、5-メチルシチジン (m5C)、N4-アセチルチミジン (ac4C)、7-メチルグアノシン (m7G)、およびシュードウリジン (Ψ) エピトランスクリプトーム修飾のいずれかをプロファイリングします。

m6A 修飾には、m6A 抗体免疫沈降による MeRIP 法と m6A リーダー GST-YTH 法によるプルダウンの 2 つの m6A-RNA 濃縮法をご用意しています。



## 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。厳格な QC プロセスとして MeRIP-PCR による高い MeRIP 効率を検証し、修飾サイトの 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修飾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、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。

mRNA の単離・断片化、免疫沈降 (m6A, m1A, m5C, ac4C, m7G, Pseudouridine 抗体のいずれか) または GST-YTH 法による m6A RNA 濃縮、およびライブラリー調製  
対応生物種：ヒト、マウス、ラット

QC

QC

QC

### 次世代シーケンス反応

[シーケンスプラットフォーム]

NovaSeq 6000、または NextSeq 500、PE150

[シーケンス量]

20 M reads (3Gb) / サンプル

### バイオインフォマティクス解析

[解析内容]

- シーケンスデータの QC
- ゲノム参照データベースへのリードマッピングとアライメント
- メチル化ピークのアノテーション
- メチル化ピークの変動解析
- 変動メチル化ピークのボルケーノプロット図
- 有意差のあるピークを含む遺伝子の GO / Pathway 解析
- モチーフの同定

## GST-YTH法

GST-HTH は、m6A RNA 濃縮用の GST タグを備えた、YTH-DF2 m6A リーダードメイン (a.a385-579) の組換え融合タンパク質です。YTH は進化的に保存された構造ドメインであり、コンセンサス RRACH モチーフ内の m6A を選択的に「読み取り」、結合します。構造的には、YTH ドメインには 2~3 個のトリプトファン残基があり、m6A に対して芳香族ケージと結合ポケットを形成し、さらに m6A の前後のヌクレオチドとも相互作用することで、RRACH モチーフに配列優先性を与えています (図1)。すなわち、GST-YTH は m6A 構造および RRACH 配列モチーフに依存的に m6A を含む RNA と結合するが、そのいずれも m6Am や他の類似の RNA 修飾とは異なります。したがって、GST-YTH のプルダウン法は、m6A 抗体 MeRIP による様な他の構造的に類似した RNA 修飾、特に m6Am との交差反応性を示すことなく、m6A に対して高度に特異的です。

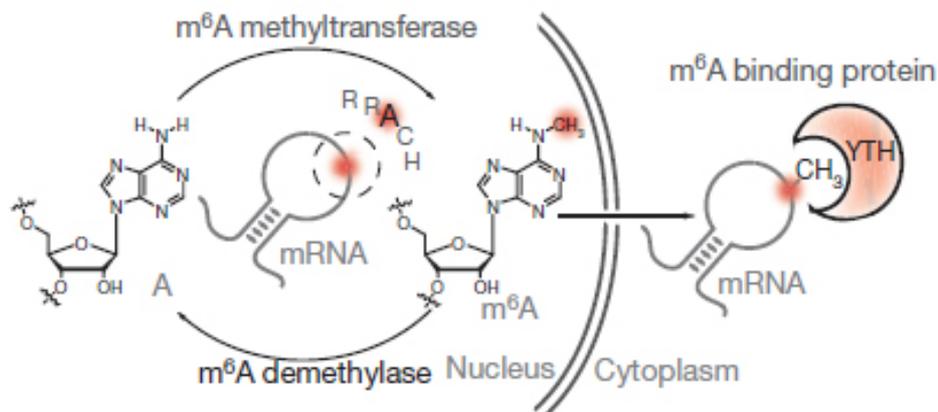


図1. YTHは、m6A 構造および RRACH 配列モチーフ依存的に m6A 修飾 RNA に結合し、m6Am などの他の類似の RNA 修飾に対する交差反応性なしに、m6A に対してより高い特異性を示します。



## 解析データ例

### トランスクリプトームにおける RNA 修飾のピーク分布

Chromosome	Peak_start	Peak_end	Peak information				P_value	fold_enrichment	Peak annotation	
			Trans_id	Gene_name	Strand	RNA_length			Peak_region	
chr20	479923	489122	ENST00000400227.3	CSNK2A1	-	3.1E-06	2.45	1483	cds	
chr2	178095776	178095923	ENST00000449627.1	NFE2L2	-	1.8E-05	5.03	909	cds	
chr19	19103355	19103476	ENST00000601879.1	SUGP2	-	4.2E-05	10.7	5546	utr3	
chr12	95688078	95689995	ENST00000261219.6	VEZT	+	6.1659	3.21	2951	cds	
chr1	67874959	67875139	ENST00000370994.4	SERBP1	-	1.3E-04	2.8	6676	utr3	
chr16	31091071	31091192	ENST00000300850.5	ZNF646	+	4.5E-04	4.06	6892	cds	

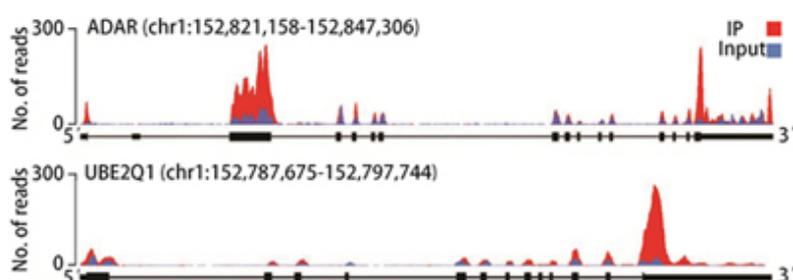


図2. ヒト ADAR1 および UBE2Q1 mRNA の m6A ピークを、提供されたトラックファイルをゲノムブラウザにロードすることで視覚化します。

### mRNA 領域全体の m6A ピークリードの分布

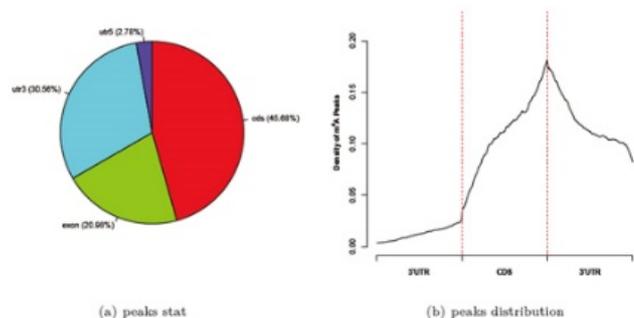


図3. mRNA の 5'UTR、CDS、3'UTR 領域における m6A ピークのピーク統計 (左) と密度分布 (右) を示します。

### m6A ピーク配列のモチーフ解析



図4. 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

サンプルタイプ	推奨量	最小量	濃度	RIN	純度
total RNA	> 200 µg	> 100 µg	> 20 ng/µL	> 7.0	O.D. <sub>260/280</sub> : 1.7~2.0 O.D. <sub>260/230</sub> : > 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

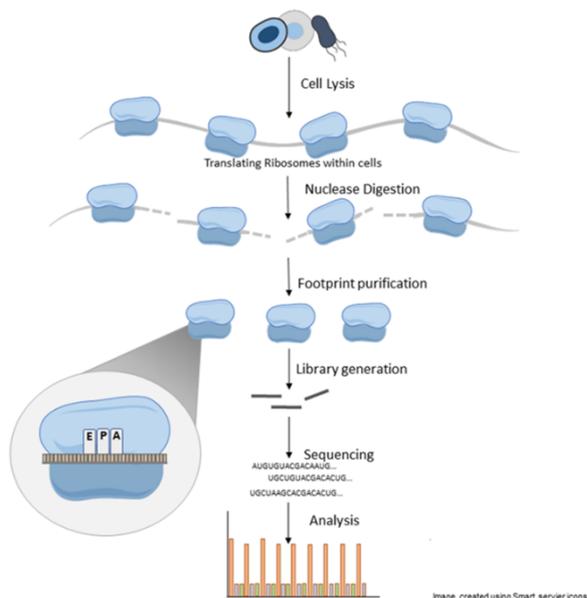
トランスラトミクス (Translatomics) とは、細胞や生物で活発に翻訳されているすべての Open Reading Frame (ORF) に関する研究分野を意味します。様々な研究手法があり、翻訳中の RNA を解析するリボソームプロファイリングは、トランスラトミクスにおいて重要な解析手法の一つです。

EIRNA Bio社の Ribosome Profiling (Ribo-Seq) 受託解析サービスは、リボソームに覆われたmRNA断片の塩基配列を決定し、生体内で 1 塩基の分解能で翻訳のグローバルなスナップショットを提供するトランスラトミクス解析です。また本サービスは、翻訳中の mRNA に加え、通常の RNA-seq も解析いたします。



### 技術概要

Ribosome Profiling (Ribo-seq) は、Nicholas Ingoliaと Jonathan Weissman が開発したディープシーケンス技術で、生体内での翻訳をゲノム全体にわたって把握することができます (1)。この技術は、翻訳中のリボソームが、一般にリボソーム保護断片 (RPF) と呼ばれる Rnase 分解に耐性のある mRNA の短い部分 (~ 30 ヌクレオチド) を覆うという原理に基づいています (2)。リボソームは翻訳阻害剤を使用してその場で「凍結」され、RNase を追加して保護されていない mRNA を分解することで、RPF のみを残すことができます (右図)。これらの RPF を単離して配列決定することにより、mRNA 転写物上のリボソームの正確な位置をヌクレオチド分解能で決定することができます (3)。この様に、リボソームプロファイリングによって、翻訳の「スナップショット」を得ることができ、タンパク質合成のメカニズムや共翻訳過程に関する洞察を得ることができます (1,4)。翻訳は高度に制御されたステップであるため、トランスクリプトミクスで測定される mRNA の量は、タンパク質合成を正確に反映するものではありません。一方、Ribosome Profiling (Ribo-seq) は、タンパク質合成を正確に反映する目的のために非常に有用な解析です (5)。



### 参考文献

1.Ingolia NT, Ghaemmhami S, Newman JRS, Weissman JS. Genome-wide analysis in vivo of translation with nucleotide resolution using ribosome profiling. Science (80- ). 2009;324(5924):218–23.  
2.Steitz JA. Polypeptide chain initiation: nucleotide sequences of the three ribosomal binding sites in bacteriophage R17 RNA. Nature. 1969;224(5223):957–64.  
3.Ingolia NT. Ribosome profiling: new views of translation, from single codons to genome scale. Nat Rev Genet. 2014;15(3):205–13.  
4.Ingolia NT, Hussmann JA, Weissman JS. Ribosome profiling: global views of translation. Cold Spring Harb Perspect Biol. 2019;11(5):a032698.  
5.Brar GA, Weissman JS. Ribosome profiling reveals the what, when, where and how of protein synthesis. Nat Rev Mol Cell Biol. 2015;16(11):651-664. doi:10.1038/nrm4069

### サービス内容

#### 解析ワークフロー

1. 細胞・組織サンプルの受け取り  
※ 浮遊・接着細胞でサンプルをご提供頂く場合、適切な前処理をして頂く必要があります。  
※ 市販の細胞株サンプルをご提供頂く場合、細胞株についての情報をご提供頂く必要があります。
2. RNA 抽出
3. ライブラリー調製および QC (品質チェック)
4. NGS ディープシーケンシング
5. バイオインフォマティクス解析
6. データ抽出、解析および要約

#### バイオインフォマティクス解析

- QCメタ情報  
トリプレット周期性 / リード長分布図 / Metagene プロファイル / ヒートマップ / 相関解析 / 最も頻発された unmapped リード / マップされたリードの起源 / RNA 領域起点でのリード長分布 / リードの内訳 / ヌクレオチド構成
- 遺伝子レベル、転写産物レベルの情報探索
- マッチングした RNA-seq データに基づく遺伝子レベルの翻訳効率 (TE) の算出
- サブコドンプロファイル
- 遺伝子発現差解析
- 相関遺伝子発現解析 (散布図)
- 相関的な Ribo-seq と RNA-seq の比較プロット
- 主成分分析
- Translated (alternative) ORF の予測
- ポーズ予測
- 差分シレット解析
- ※ EIRNA Bio 社独自の EIRNA Bio-Connect にて解析、図の保存が可能です。
- ※ データの保存期間は 90 日間です。保存期間を超えますとデータ保存料、システム利用料が発生します。

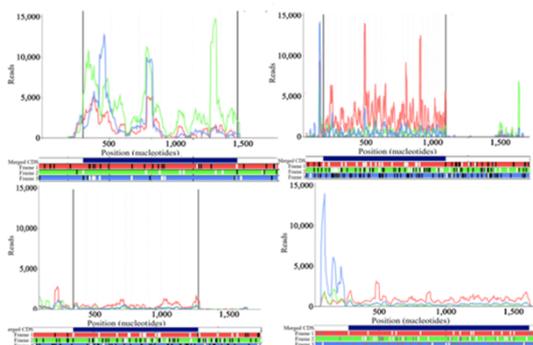


## 解析データ例

### サブコドンプロファイル

サブコドン分解能のリボソームプロファイルは、単一遺伝子の転写物、またはバッチダウンロード機能を使用して 1000 個の遺伝子について生成することができます。

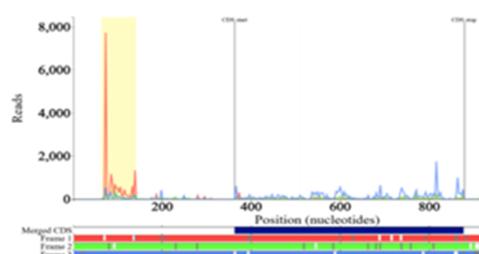
### Batch sub-codon profiles



### Translated (alternative) ORF の予測

uORF を含む翻訳 ORF を予測するアルゴリズムが利用可能です。出力はスプレッドシート形式で、RPF がリーディングフレームアライメントによって定義されるサブコドンプロファイルを生成するためのリンクがあります。選択された遺伝子について、翻訳された代替 ORF がハイライトされています。予測された ORF のアミノ酸配列は、質量分析 (MS) ベースのプロテオミクスに使用できるデータベースとして、スプレッドシート形式でダウンロード可能です。

### Translated ORF detection



## 遺伝子発現差解析

興味のある遺伝子は、ハイライト表示することができ、散布図中の位置を見つけやすくなり、遺伝子発現差解析結果の予測も容易になります。各データポイントは遺伝子を表し、マウスオーバーすることで、Ribo-seq および RNA-seq レベルでの log2 倍変化などの個々の遺伝子統計を提供できます (図1)。また、プロットから直接、目的の遺伝子について正規化した comparison plot を作成することができます (図2)。

図1.

### Differential expression

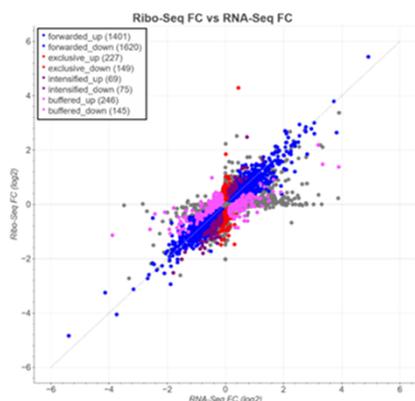
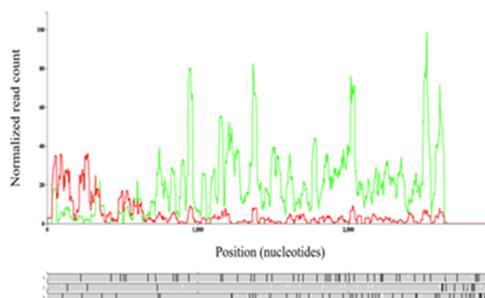


図2.

### Comparison plot



## サンプル条件

浮遊細胞、接着細胞、組織サンプルを凍結し、ご準備ください。

・細胞の場合、 $1.0 \times 10^7$  cells / sample 以上をご準備ください。

※細胞によって必要細胞数が異なりますので、詳細は弊社までお問合せください。

※浮遊細胞並びに接着細胞でご提出いただく場合、EIRNA Bio 社指定の前処理がございます。

ご準備の際は、弊社までお問合せください。

・組織サンプルの場合、液体窒素にて凍結した組織サンプル 100 mg 以上をご用意頂き、1.5 mL または 2 mL チューブに入れ、ドライアイス詰めのご準備で弊社までご発送ください。組織サンプルが大きい場合、15 mL 遠心管にてご準備ください。

詳しいサンプルの準備方法につきましては弊社までお問合せください。



## 概要

免疫レポア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ポア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、レポアリー構造、そして解析までのフルサービスです。



## サービス内容

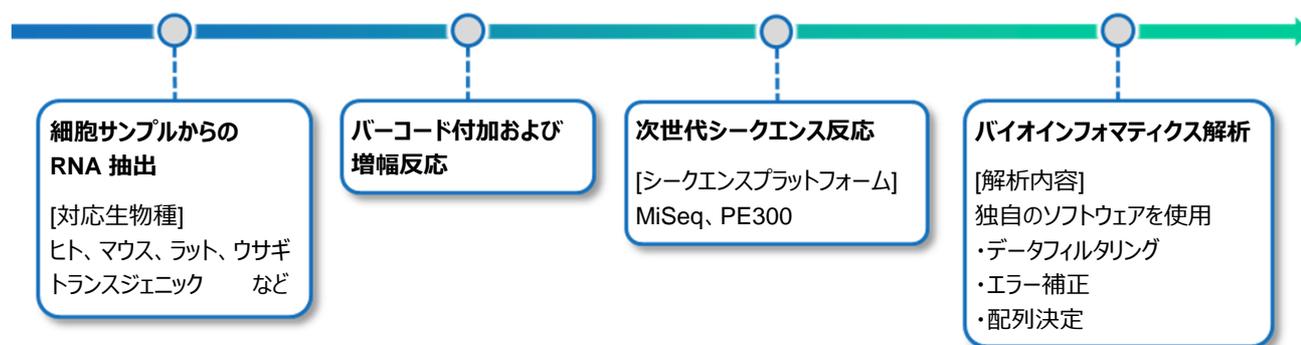
本サービスは、解析内容に合わせて3つのアプリケーションをご用意しております。

### 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

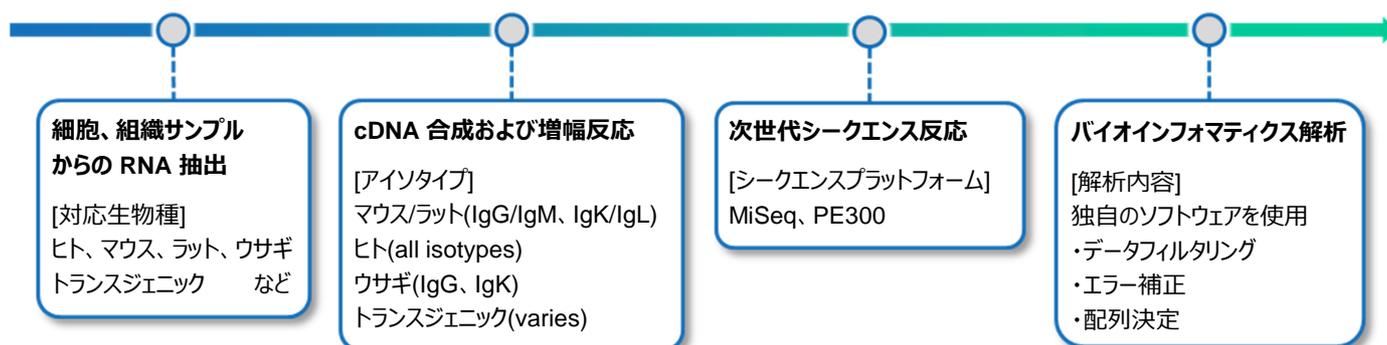
DP ID	Client ID	Num AA seqs	Num CDR3	Dominant HC Percent of Reads	Dominant HC CDR3	HC Sequence
1A	1A2	1	1	100%	CARGGGSGDSNI	QSVVEESGRLVTPGTPLTLTCT...
1B	1A6	1	1	100%	CARGVPGYSGSNI	QSVKESEGGLFKPADTLTLTCT...
1C	1A9	1	1	100%	CARGVPGYSGSNI	QSVKESEGGLFKPTDTLTLTCT...
1D	1B4	2	2	74%	CARHPDYSTGNI	QSVVEESGRLVTPGTPLTLTCT...

### 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、ファージミド) をご提出いただき、BCR レポア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。





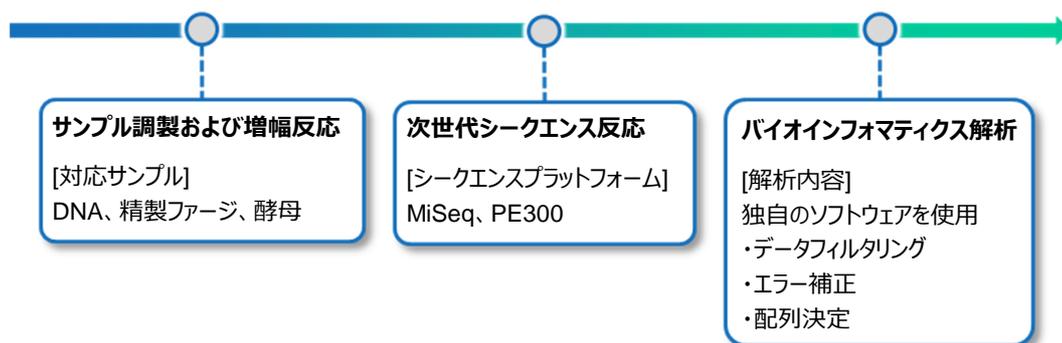
## Display Library Sequencing Service

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	ハイブリドーマあたり > 10 K cells	ハイブリドーマあたり > 1 M cells	お問合せ	—
状態	10 倍量の RNAlater  96 well プレート (フルスカートタイプ)*	10 倍量の RNAlater	1 cm 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：250 μL の RNAlater でしっかりと細胞を mix してください。		クライオバイアルまたは 96 well プレート (フルスカートタイプ)*	—

#### 96 well プレート提出の場合の注意事項：

- ・ フルスカートタイプの 96 well 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。



受託解析  
サービス

## 抗体プロファイリング解析 PhIP-Seq Antibody Profiling 受託解析サービス

### 概要

T7 バクテリオファージ免疫沈降シーケンス (PhIP-Seq) は、合成抗原ライブラリーと抗体捕捉プルダウン、およびハイスループット DNA シークエンシングリード出力を組み合わせたマルチプレックスセロミクス解析の強力なものであり、エピトープレベルで自己抗体をプロファイリングします。



### サービス内容

本サービスでは、内容や用途に合わせて、以下の3つのアプリケーションをご用意しております。

<b>HuScan<sup>®</sup></b> <b>PhIP-Seq Antibody Profiling</b>	<b>MouseScan<sup>™</sup></b> <b>PhIP-Seq Antibody Profiling</b>	<b>VirScan<sup>®</sup></b> <b>PhIP-Seq Antibody Profiling</b>
<p>2015 年に取得した NCBI RefSeq データベースで公開され、計算的に予測されたすべてのスプライシングバリエーションとコーディング領域を含む、完全なヒトプロテオームに対する自己抗体プロファイリング</p>	<p>GRCm38.p5 マウスプロテオームの各タンパク質とアイソフォームを含む、マウス全プロテオームに対するエピトープレベルの自己抗体プロファイリング</p>	<p>2017 年の UniProt および RefSeq データベースにおいて、既知の脊椎動物、蚊およびダニ媒介性のウイルスゲノムの大半を占める 68,000 以上のアノテーション付きウイルスタンパク質配列を標的とするように設計</p>

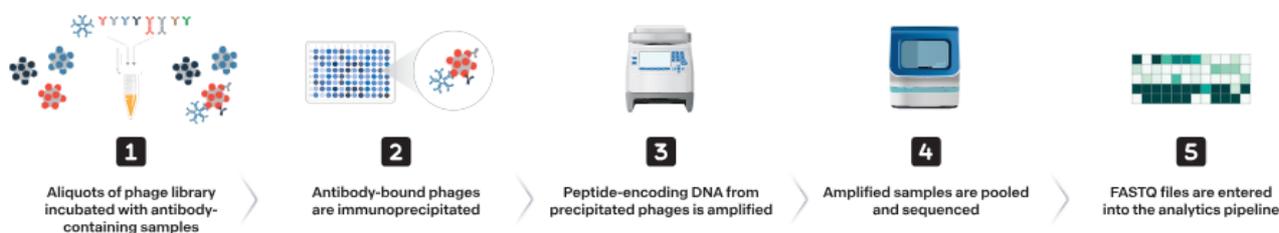
### PhIP-seqライブラリーの概要

アプリケーション	ユニークタンパク質 搭載数	タイリングされた ユニークペプチド	ペプチド鎖長	オーバーラップ数
HuScan <sup>®</sup> PhIP-Seq Antibody Profiling	48,000+	700,000+	49 AA	25 AA
MouseScan <sup>™</sup> PhIP-Seq Antibody Profiling	50,000+	482,000+	62 AA	19 AA
VirScan <sup>®</sup> PhIP-Seq Antibody Profiling	68,000+	480,000+	62 AA	14 AA

### アッセイワークフロー

抗体ヒットを決定するために、IgG 含有サンプルを過剰量のファージライブラリーと混合します。各ファージとサンプルの混合物を一晩結合させ、その後プルダウンと洗浄ステップで未結合のターゲットを除去します。結合したターゲットは、シーケンシングのためのライブラリー調製として一連の PCR ステップで増幅およびインデックス化されます。サンプルは illumina プラットフォームでシーケンシングされ、増幅されたファージインサートのペアエンドリードが得られます。

#### PhIP-Seq Assay Workflow



### データ解析

シーケンス後、ペアエンドリードはデマルチプレックス化、トリミングを行い、アライメントスコア 50 以上でペプチドライブラリーにアライメントされます。各ファージクローンのリードカウントが記録され、edgeR exactTest 関数を用いて差分表現解析を実行し、モック免疫沈降に対する各サンプルの fold change と p 値を算出します。モック免疫沈降コントロールと比較して log2 fold change が 2 以上かつ未調整 p 値が  $10^{-4}$  未満を示すクローンを濃縮クローンとして定義し、バイナリーヒットコールと定量的な log2 fold change 値を下流解析のために生成します。偽発見率の評価は、各モック免疫沈降サンプルを残りのデコイプールと比較することにより実施されます。

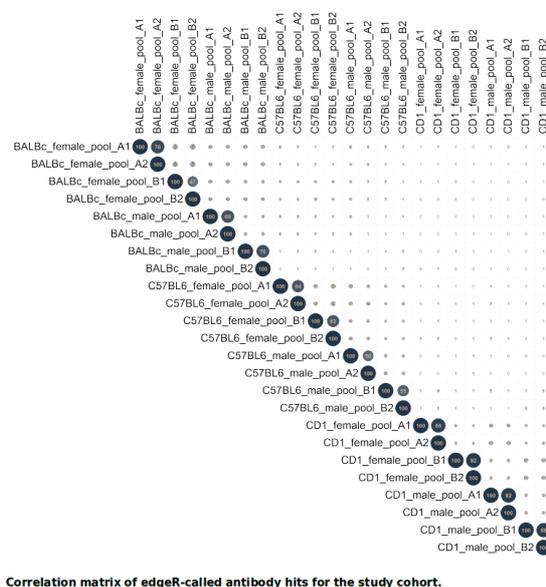
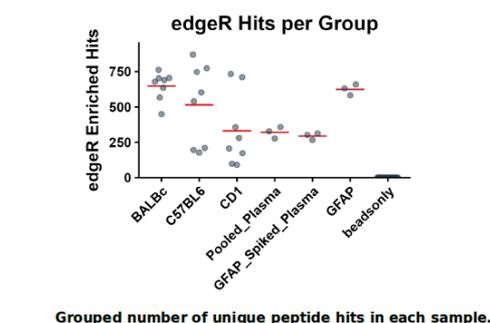
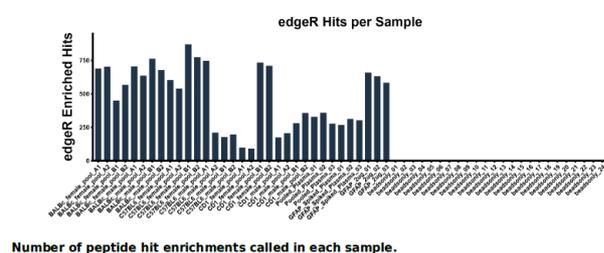


## 成果物

詳細な手法、カスタム解析のための生データおよび処理済みデータ、および信頼性を確保するための徹底した品質管理が含まれています。盲検試験と非盲検試験の2種類のレポートがございますので、いずれかをご選択いただけます。

標準的な報告内容：

- 1. PhIP-Seq の概要**：プラットフォームの簡単な説明に加え、ライブラリクローニング、サンプルスクリーニング、インフォーマティクス手法の詳細セクションを含みます。
- 2. Core Pipeline 出力ファイル**：記述されたパイプラインに従って FASTQ ファイルから生成されます。Counts (生データ)、log2foldchange、log10pval、edgeR enriched (単純ヒットコールファイル)、log2foldchange enriched (最も定量的) の5つのファイルを含みます。
- 3. QC 図**：各アッセイで生成され、存在するファージ、サンプルごとのマッピングされたカウント、および各試験におけるコントロールとサンプルの相関マトリックスに関する情報を提供します。
- 4. edgeR Enriched Hitsの結果をまとめた図**：各サンプルにおけるペプチドヒットエンリッチメントの数をグループ別に、相関マトリックスを示します。



- 5. Processed Hits Pipeline出力ファイル**：ペプチドレベルのグループヒット数とタンパク質レベルのグループ解析（ポリクローナルヒット数）に関する洞察を提供するほか、サンプルコホート全体で最もヒット数の高い公開されている反応性ペプチドのリストも提供します。
- 6. ヒット数の高いペプチド**：上位のヒットペプチドについて、バイアスのない階層的クラスタリングを提供します。
- 7. フィッシャー正確率検定（非盲検試験のみ）**：指定された症例グループに基づいて、症例対コホートの統計解析を行います。結果は、ペプチドレベル、単純なタンパク質レベル、および「ポリクローナル」テストで出力されます。
- 8. サマリーヒートマップ**：ペプチドレベル、タンパク質レベル、およびタンパク質レベルのポリクローナルにおいて、Fisher 正確率検定における上位 100 個の外れ値について、それぞれのサマリーヒートマップを示します。



## サンプル条件

サンプル種類	必要量	受付単位
血清または血漿	20 μL	12 サンプル単位で受け付け
脳脊髄液 (CSF)	250 μL	
その他の抗体 (IgG モノクローナル抗体、B 細胞上清)	250 μL , 0.01 mg/mL	



## 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)

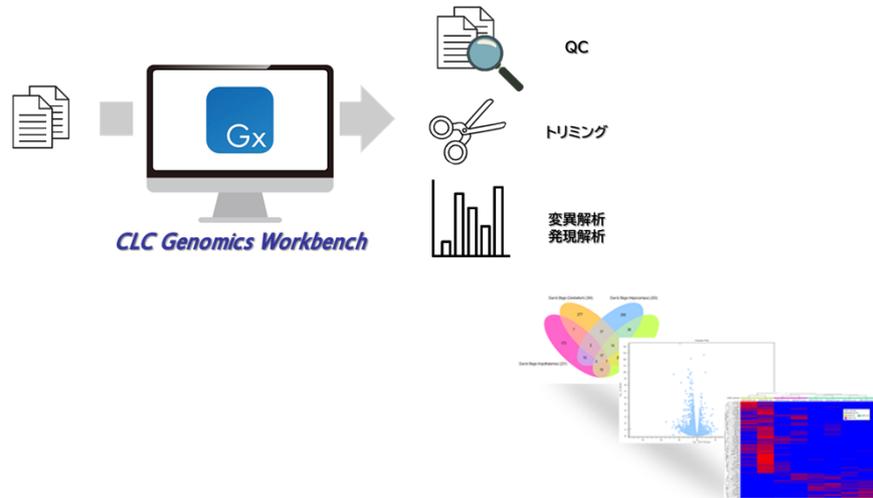
- アンプリコンおよびショットガンシーケンスによる菌種組成解析

### ■ 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、マッピングと変異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 コアを超える (Hyper-threadingを含む) 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

フィルジェンでは、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。

リファレンスゲノムなし



### 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。

実績の高い  
アルゴリズム



### 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。

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。

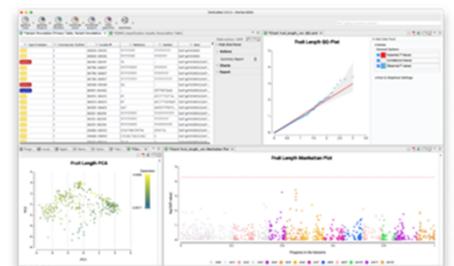
### Functional Analysis Module 遺伝子機能アノテーション

- 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mercial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、発現値定量 (ショートリード、ロングリード)
- 発現解析 / タイムコースデータ解析
- シングルセル RNA-Seq 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。

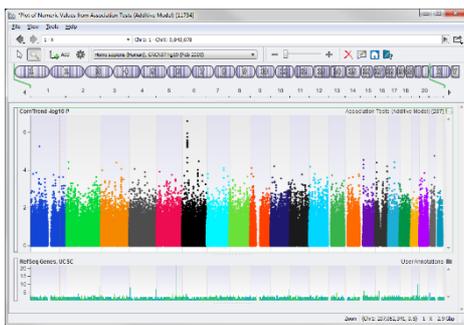
多検体の遺伝子型データと表現型の関連を調べる GWAS や、家畜の遺伝的能力の評価などを、統一されたプラットフォームで実行することができます。



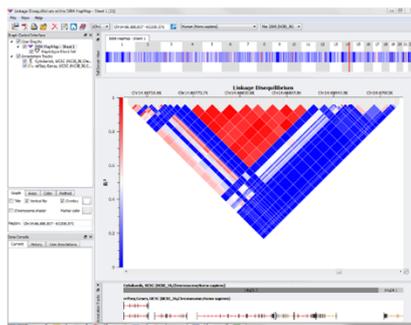
## 主な機能

### ゲノムワイド関連解析 (GWAS)

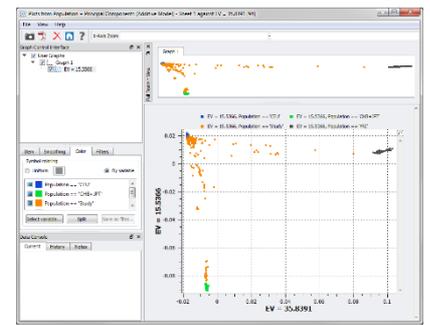
SNP & Variation Suite では、SNP などの遺伝子型データとサンプルの表現型データを利用し、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を実行することが可能です。SNP call rate やハーディー・ワインベルグ平衡、MAF や IBD などによるクオリティチェックはもちろん、主成分分析 (PCA) による集団の階層化補正や線形混合モデル、ジェノタイプインピュテーションやポリジェニックリスクスコアなどの高度な解析アルゴリズムも搭載しています。解析結果はマンハッタンプロットなど様々なグラフ形式で可視化させることができます。



マンハッタンプロット



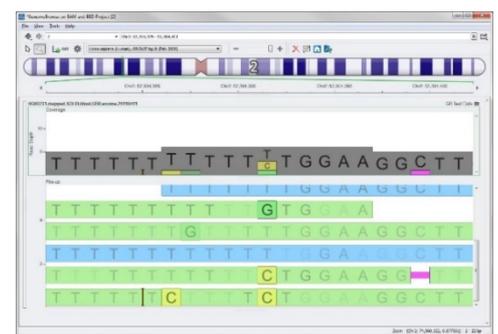
連鎖不平衡 (LD) プロット



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

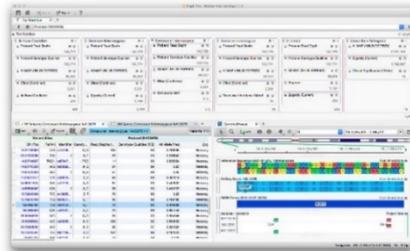
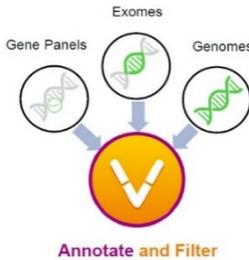
家畜などのゲノム情報を利用した個体の選抜を行うために、SNP データから個体の遺伝的能力を評価する Genomic Prediction のツールが搭載されています。このツールでは、GBLUP 法や Bayes C および Bayes C-pi 法を用いて、サンプルの血統情報を用いずゲノム育種値の計算や、交差検証法による表現型予測モデルの構築が可能です。





## 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。



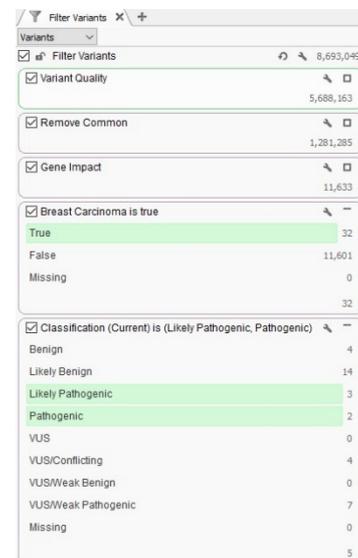
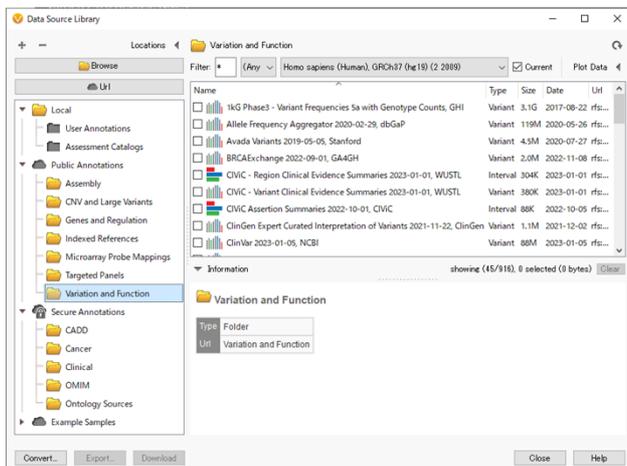
## 主な機能

### 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ーが内蔵されており、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のアノテ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

### ■ VSPGx

- 薬理ゲノムクス解析



## 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 Pro、プライベートデータの空間オミックスデータ解析に対応した SpatialX、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 Pro - 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。

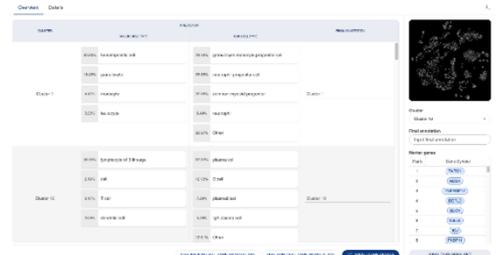
#### 直感的なアノテーション付与

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
- マルチモーダルデータの同時表示 (Perturb-seq の guide RNA や CITE-seq の ADT)
- Pseudotime 解析
- Cell cell Communication 解析
- がん細胞の予測



#### 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。

### SpatialX - 個人データを使用した空間オミックスデータ解析

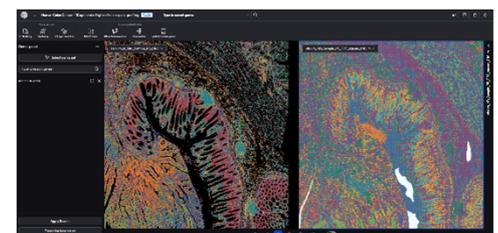
#### アノテーション、下流分析に必要な機能を多数搭載

様々なマーカーの空間トランスクリプトームや空間プロテオミクスデータをサポートしています。

- クリックだけで Cell Type の予測を行う / Cell type prediction
- Differential expression
- 遺伝子転写産物と細胞座標に基づいて領域を定義しパスウェイ解析を実行
- H&E 画像に病理学的アノテーションを付与
- 細胞近傍を解析

#### 複数画像のサポート

SpatialX は画像を並べて視覚化することをサポートしており、サンプル間をスムーズに比較できます。さらに、1 つのプロジェクト内で複数の空間テクノロジーを統合的に分析することが可能です。



#### マルチテクノロジーサポート

10x genomics Visium HD と Xenium などの異なる空間データを同一画面で比較できる。

### 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よう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。





試薬キット  
消耗品

## NGS RNA-seq ライブラリー調製キット リボソーム RNA 除去キット / ポリアデニル化 mRNA 分離キット

### リボソーム RNA 除去キット

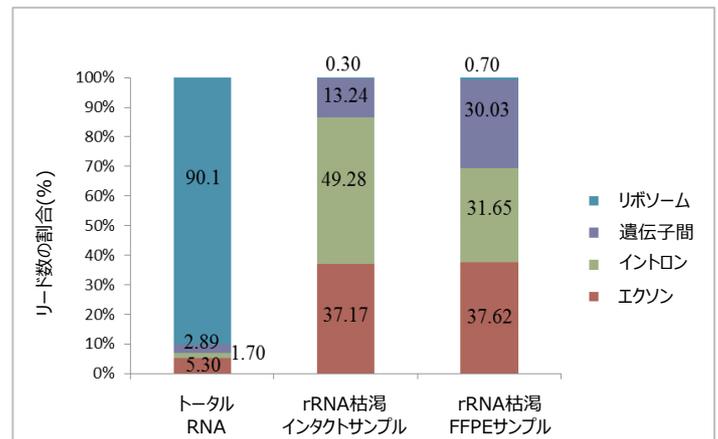
本キットは、NGS RNA-seq ライブラリー調製において、トータル RNA 中に豊富に存在するリボソーム RNA を酵素法により除去します。本キットを用いることで、ヒト、マウス、ラット由来のトータル RNA サンプルから、細胞質リボソーム RNA (5S, 5.8S, 18S, 28S) とミトコンドリアリボソーム RNA (12S, 16S) の両方を効率的に除去できます。本キットは、インタクトな RNA サンプルと分解された RNA サンプルのどちらにも適しています。

本キットは、オリゴ (dT) を用いて mRNA を濃縮する方法と比較して、ポリアデニル化 mRNA だけでなく非ポリアデニル化 RNA 転写物 (多くの長いノンコーディング RNA やアンチセンス転写物など) を保持しながら、リボソーム RNA を選択的に消化します。

また、固相上のオリゴヌクレオチド捕捉によるリボソーム RNA 除去と比較して、分解されたトータル RNA に含まれる断片化したリボソーム RNA も除去可能です。

#### 特長

- 高い rRNA 除去効率
- ポリアデニル化 RNA (mRNA など) と非ポリアデニル化 RNA (多くの長いノンコーディング 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 除去後の RNA を精製・回収
- 簡単に迅速な手順



(上図) 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 のデータ

製品名	容量	品番
Seq-Star™ rRNA Removal Kit	12反応分	AS-MB-001

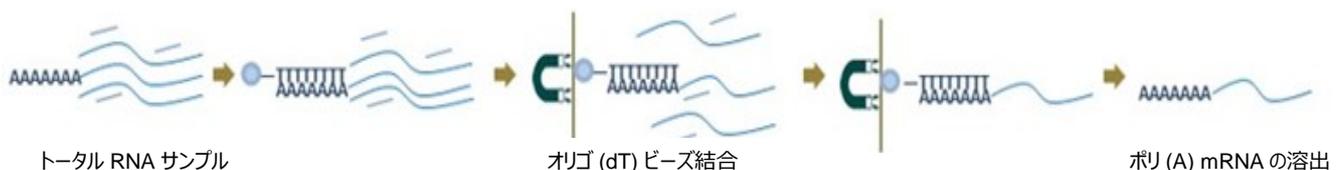
### ポリアデニル化 mRNA 分離キット

本キットは、NGS RNA-seq ライブラリー調製において、トータル RNA サンプルから高純度かつインタクトなポリ (A) mRNA を分離します。ポリ (A) mRNA は、オリゴ (dT) 結合磁気ビーズによって濃縮されます。各反応あたり 1 ~ 5 µg のトータル RNA を精製可能です。精製されたポリ (A) mRNA は少量で溶出され、沈殿操作を必要とせず、すぐに使用できます。

#### 特長

- mRNA 結合を 2 回行うことで、NGS ライブラリー調製および高品質なデータ取得に必要な高純度なポリ (A) mRNA を取得可能
- 最適化されたバッファーとオリゴ (dT) 磁気ビーズにより、高いポリ (A) mRNA 回収率を実現
- シングルチューブ形式とハイスループレット形式の両方に対応。遠心分離や沈殿操作は不要
- 精製されたポリ (A) mRNA は少量の溶出液で得られ、すぐに利用可能

#### ワークフロー



製品名	容量	品番
Seq-Star™ poly(A) mRNA Isolation Kit	24反応分	AS-MB-006-01



## ターゲットシーケンス用ライブラリー調製キット CleanPlex® シリーズ

### CleanPlex® テクノロジーとは

CleanPlex®は、Paragon Genomics 社が開発したアンプリコンベースの NGS ターゲット濃縮技術です。独自の高度なマルチプレックス PCR プライマー設計、極めて均一なマルチプレックス PCR 増幅、特許取得済みのバックグラウンドクリーニングを組み合わせることで、従来の技術よりも優れた結果をもたらします。存在量が少なく、全ゲノムシーケンシングでは見逃される可能性がある、希少バリエーションの検出などに適しています。感染症、腫瘍学、遺伝性疾患に関連したパネルをラインアップしており、カスタムパネル設計にも対応しております。



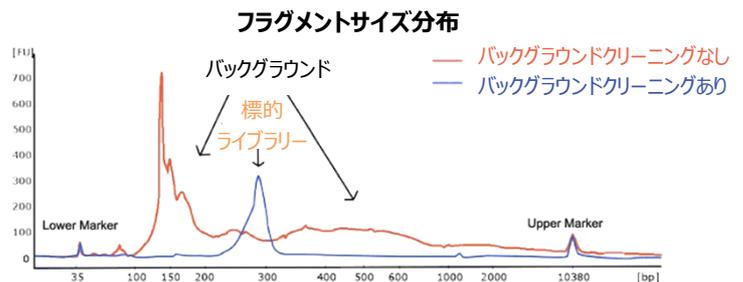
### 特長

- 高い増幅均一性と低い PCR バックグラウンドノイズによる正確なバリエーションコール
- わずか 3時間のシングルチューブワークフロー
- 扱いにくいサンプル (劣化した FFPE DNA、cfDNA など) との互換性
- 極めて高い感度 (シングルセルレベルの直接増幅)
- 主要なシーケンシングプラットフォーム (Illumina, Ion Torrent, MGI DNBSeg など) と互換性
- 単一のマルチプレックス PCR プールで 20,000 を超えるアンプリコンの優れたパネルサイズを実現
- 一塩基変異 (SNV)、挿入と欠失 (indel)、コピー数変異 (CNV)、遺伝子融合 / スプライスバリエーションなどの検出
- カスタムパネル作成可能 (DNA・RNA パネルを含む 400 以上の実績)

### 特許取得済みバックグラウンドクリーニングによるパフォーマンス

独自の CleanPlex バックグラウンドクリーニングにより、非特異的 PCR 産物とプライマーダイマーを生化学的に除去します。これにより、目的の DNA 配列のみが NGS ライブラリーに変換され、シーケンスリードの効率的な利用が可能となります。

右図は、バックグラウンドクリーニングを用いた場合 (青線) と用いなかった場合 (赤線) のライブラリーを作製し、Agilent® Bioanalyzer® で解析を行った結果です。バックグラウンドクリーニングを用いない場合、PCR バックグラウンドが顕著に形成され、マッピング率とオンターゲット率が低下し、十分なデータを得るにはより多くのシーケンスリードが必要となります。バックグラウンドクリーニングを用いた場合、バックグラウンドはほぼ生成されず、Bioanalyzer のトレースにおいてシャープでクリーンなライブラリーピークが得られました。



### 製品ラインアップ

#### 感染症関連パネル

製品名	プラットフォーム	反応数	品番
SARS-CoV-2ウイルスの全ゲノム (末端 92 塩基を除く) をカバー CleanPlex SARS-CoV-2 Kit	Illumina	8	918010
		96	918011
		384	918012
	MGI	8	918001
		96	918002
		384	918003
ゲノムの多型領域に対応する縮合プライマーを採用し変異株のより堅牢な増幅が可能 CleanPlex SARS-CoV-2 FLEX Kit	Illumina	8	918013
		96	918014
		384	918015
オリジナルキットや FLEX パネルと併用し新興バリエーションの同定 SARS-CoV-2 Emerging Variants Panel Add-on v2	Illumina	8	918022
		96	918023
		384	918024
S タンパク質、ACE2 の結合親和性、ACE2 および TMPRSS2 発現に関連する変異検出 CleanPlex ACE2 & TMPRSS2 Kit	Illumina	8	916120
		96	916121
		8	918303
SARS-CoV-2、インフルエンザ A / B、RS ウイルスの特徴領域をカバー CleanPlex® Respiratory Virus Research Panel V2	illumina	96	918304
		384	918305

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



### 腫瘍学関連パネル

製品名	プラットフォーム	反応数	品番
がん遺伝子、腫瘍抑制遺伝子のホットスポット領域における体細胞変異のプロファイリング CleanPlex OncoZoom Cancer Hotspot Kit	illumina	8	916001
	Ion Torrent	96	916002
		384	916103
TP53遺伝子全体の体細胞変異および生殖細胞変異の評価 CleanPlex TP53 Kit		8	916008
	illumina	16	916104
	on Torrent	48	916105
		96	916009
BRCA1 および BRCA2 遺伝子の体細胞変異と生殖細胞変異の評価 CleanPlex BRCA1 & BRCA2 Kit v3	illumina	384	916106
	Ion Torrent	8	916112
包括的遺伝性がん関連の生殖細胞系列変異や突然変異の検出 CleanPlex® Comprehensive Hereditary Cancer Panel		96	916113
	illumina	8	930017
		96	930015
		384	930013
	MGI	96	930014
遺伝性がんの発症リスト増加に関連する遺伝子解析 CleanPlex Hereditary Cancer Kit v2		384	930012
		1152	930011
腫瘍の変異負荷と変異プロファイルを迅速かつ正確に評価 CleanPlex TMB 500 Kit	illumina	8	916114
	Ion Torrent	96	916115
腫瘍の変異負荷と変異プロファイルを迅速かつ正確に評価 CleanPlex TMB 500 Kit		6	916073
	illumina	96	916074
		384	916075
非小細胞肺癌 (NSCLC) 関連の既知遺伝子融合を集中的に検出 AccuFusion RNA Lung Cancer Kit		8	917103
	illumina	96	917104
		384	917105
非小細胞肺癌関連既知および未知融合遺伝子検出 OmniFusion RNA Lung Cancer Kit		8	917100
	illumina	96	917101
		384	917102
肺癌関連遺伝子のホットスポット領域全体にわたる超低頻度変異を検出 CleanPlex UMI Lung Cancer Kit		8	916064
	illumina	32	916065
		96	916066

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

### 遺伝性疾患関連パネル

製品名	プラットフォーム	反応数	品番
CFRT 遺伝子全体の生殖細胞系列変異体の評価 CleanPlex CFTR Kit	illumina	8	916116
	Ion Torrent	96	916117
ヒトミトコンドリアゲノム全体の変異評価 CleanPlex Mitochondrial Disease Kit	illumina	8	916107
	on Torrent	96	916063

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



試薬キット  
消耗品

cfDNA・がんパネル ライブラリー調製キット  
Xcelo Seq シリーズ (ATOMSeq® テクノロジー)

## ATOMSeq® テクノロジーとは

ATOM-Seq (Amplification Technology Optimized for Multi-gene Sequencing) は、英国の GeneFirst 社が開発した、次世代シーケンシング (NGS) のためのライブラリー調製技術です。特に、ホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) サンプルやリキッドバイオプシー由来のサンプルなど、分解が進んでいたり量が少なかったりする低品質な DNA/RNA からでも、複数の遺伝子領域を効率よく解析するために最適化されています。



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

**低品質サンプルにも対応**：FFPE サンプルなど、断片化・損傷した核酸からでも高効率でターゲット領域を増幅できます。

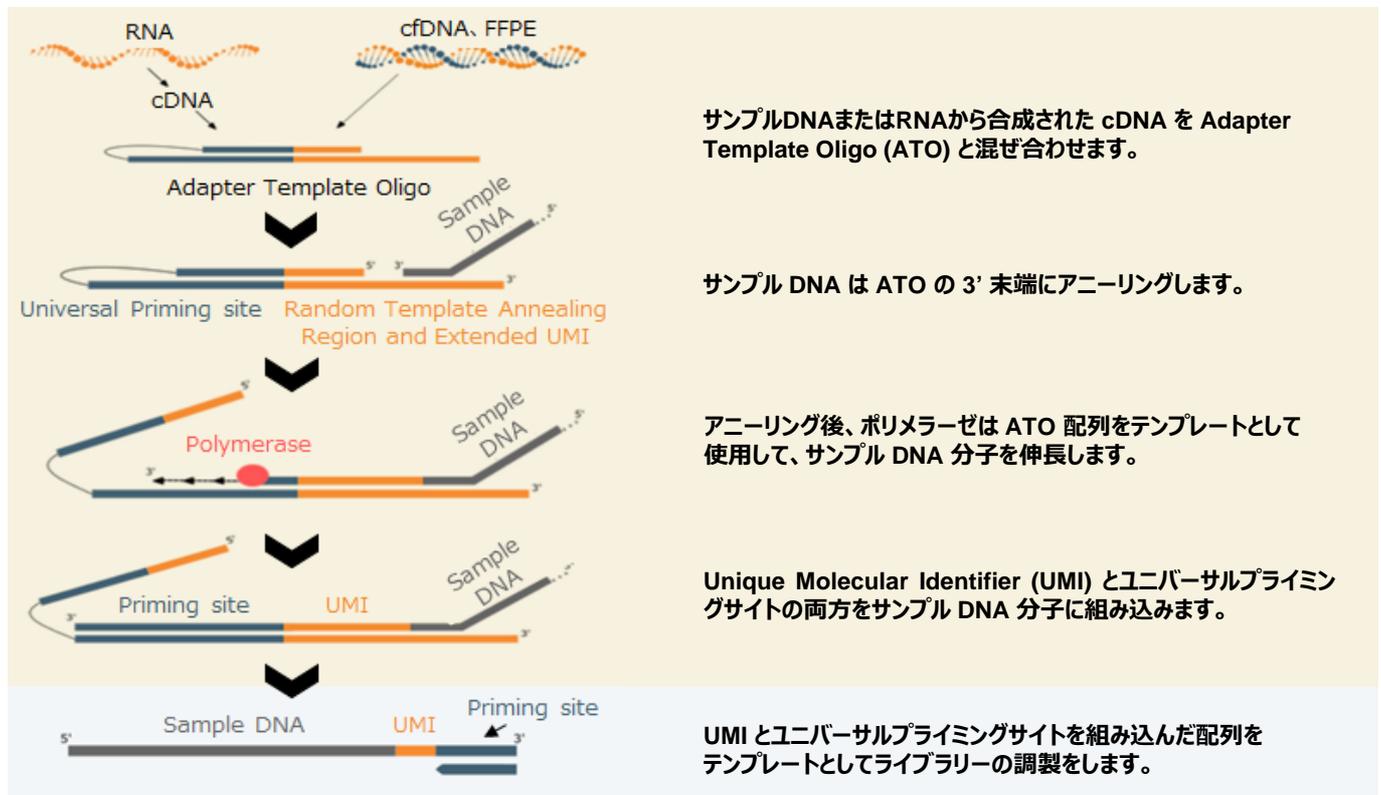
**高い感度と特異性**：独自の多重 PCR ベースの増幅技術により、低頻度のアレル変異も高い感度と特異度で検出可能です。

**高い均一性**：解析したい複数の遺伝子領域を均一に増幅できるため、シーケンスデータの偏りが少なく、効率的な解析が可能です。

**低インプット量**：10 ng程度のみ必要な DNA/RNA 量からでもライブラリー調製が可能です。

**迅速・簡便なワークフロー**：ライブラリー調製にかかる時間や手間が少なく、迅速な解析を実現します。

## ATOMSeq® テクノロジーの原理



[Dunwell, T.L., et al. Adaptor Template Oligo-Mediated Sequencing \(ATOM-Seq\) is a new ultra-sensitive UMI-based NGS library preparation technology for use with cfDNA and cfRNA. Sci Rep 11, 3138 \(2021\).](#)

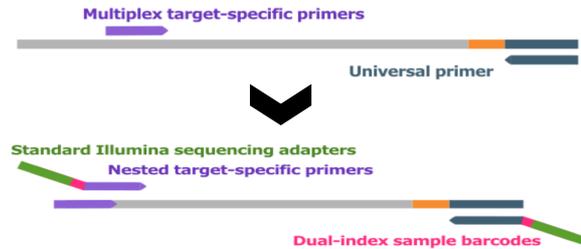


cfDNA・がんパネル ライブラリー調製キット  
Xcelo Seq シリーズ (ATOMSeq® テクノロジー)

**XCeloSeq Targeted cfDNA Enrichment Kit**

XCeloSeq Targeted cfDNA Enrichment Kit は、GeneFirst 社が提供するリキッドバイオプシーなどで得られる**セルフリーDNA (cfDNA)** サンプルから、次世代シーケンシング (NGS) 解析のために特定の遺伝子領域 (ターゲット領域) を選択的に濃縮 (エンリッチメント) するためのキットです。このキットは、同社の **ATOM-Seq 技術** を基盤として開発されています。

**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。

**XCeloSeq Pan Cancer cfDNA Kit (品番 : SEQ030)**

ターゲット遺伝子

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	RB1	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カバレッジ (NM\_000546)

**XCeloSeq Lung Cancer cfDNA Kit (品番 : SEQ032)**

ターゲット遺伝子

AKT	ALK	BRAF	EGFR	ERBB2	ESR1	HRAS	KEAP1	KRAS	MAP2K1
MET	NRAS	PIK3CA	RET	ROS1	STK11	TP53*			

\* 全コーディング領域カバレッジ (NM\_000546)

**製品ラインアップ**

製品名	品番	製品名	品番
XCeloSeq Pan Cancer Panel	SEQ030	XCeloSeq Lung Cancer cfDNA Kit	SEQ032
XCeloSeq Colon Cancer cfDNA Kit	SEQ031	XCeloSeq Breast Cancer cfDNA Kit	SEQ033



試薬キット  
消耗品

## miRNA ライブラリー調製キット RealSeq®-AC miRNA Library Kit

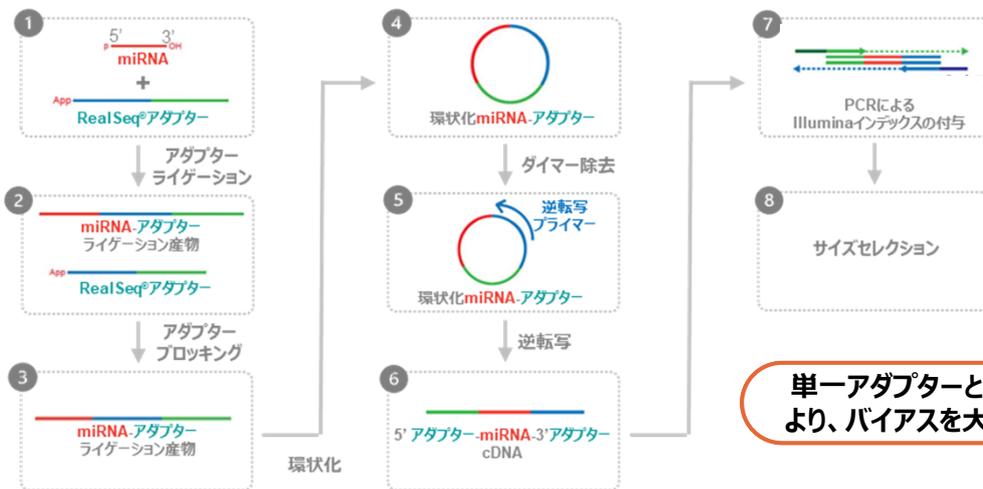
### 概要

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

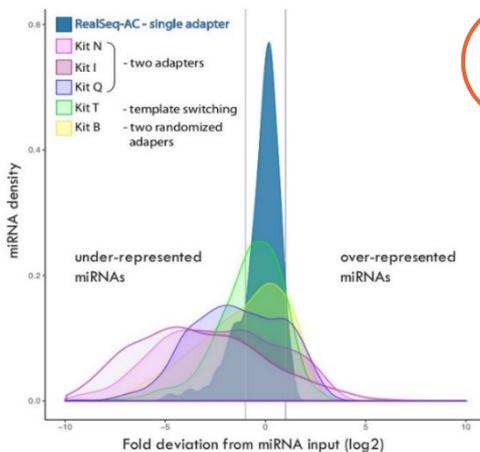
- empty adapter/adaptor dimer をほとんど形成しないため、1 ng の低量 RNA でライブラリーをゲルフリーで精製可能
- miRNA ライブラリー調製時のバイアスを大幅に削減し、生体サンプル中の多種多様な miRNA やその他の低分子 RNA の検出が可能
- 検出の精度が高いため、堅牢な miRNA の定量が可能



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 (1 ng – 1000 ng 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。



**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いただけます。  
<https://filgen.jp/Product/Bioscience4/RealSeq/index.htm#1>

#### キット内容

• RNA Buffer	• RealSeq Adapter	• RNase Inhibitor
• Ligation Buffer	• Ligase	• Blocking Agent
• Blocking Enzyme	• Blocking Buffer	• RealSeq Enzyme
• RealSeq Buffer	• RT Primer	• dNTPs
• RT Buffer	• RT Enzyme	• PCR Buffer
• PCR Polymerase	• Dimer Removal	• Adapter Dilution
• miRNA Control	• RNase-Free Water	• Forward Primer
• Reverse Primers	• RealSeq Beads	• SPRI Beads

製品名	品番 (12 反応分)	品番 (48 反応分)
RealSeq®-AC miRNA Library Kit (細胞、組織由来サンプル用)	500-00012	500-00048
RealSeq®-Biofluids Plasma/Serum miRNA Library Kit (液体生検由来サンプル用)	600-00012	600-00048



試薬キット  
消耗品

miRNA ライブラリー調製キット

RiboMarker® RNA Fragmentomics Library Preparation Kit

## 概要

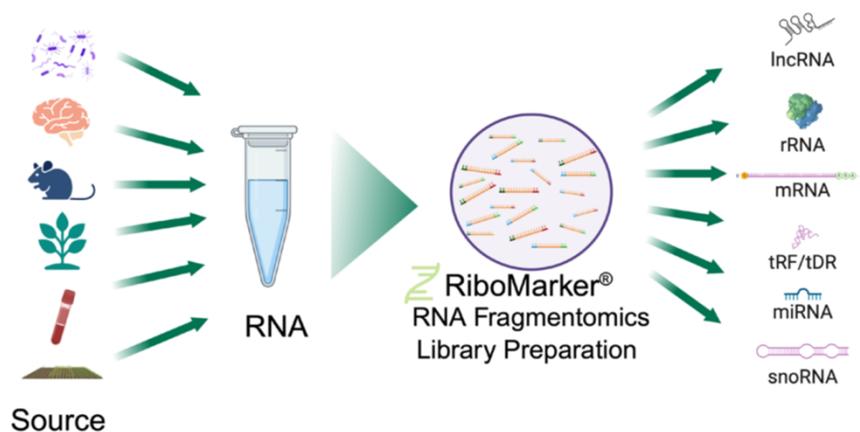
市販されている短鎖 RNA 用の NGS ライブラリー調製法の大半は、5'-リン末端および 3'-OH 末端を有する RNA のみを補足しますが、サンプルに含まれる大半の短鎖 RNA は 5'-リン末端および 3'-OH 末端ではない組み合わせの断片となっているため、サンプル中の短鎖 RNA を包括的に補足することは難しいです。RealSeq Biosciences 社が開発した特許出願中の RiboMarker® は 5' 末端および 3'-OH 末端の構造に左右されず、最大 100 塩基までの様々な 5' 末端と 3' 末端の組み合わせを持つ短鎖 RNA を補足し NGS ライブラリーを調製可能です。

**RealSeq**  
BIOSCIENCES

**独自の技術 (特許出願中) 5'-リン末端および 3'-OH 末端を有するRNAに限らずあらゆる短鎖 RNA を包括的に補足可能**

## 特長

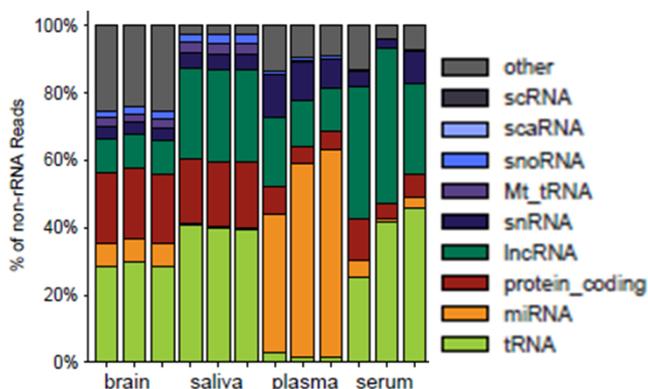
- サンプル中の 100 塩基未満の様々な 5' 末端と 3' 末端の組み合わせを持つすべての短鎖 RNA を補足
- RIN (RNA Integrity Number) 値が低い場合でも効果を発揮し、サンプル品質に依存しない
- ライブラリー調製時のバイアスを大幅に削減
- 生体組織、体液、土壌など、様々なサンプル由来の RNA に対応



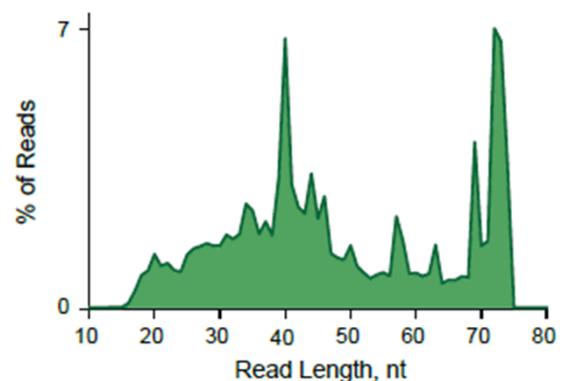
様々なサンプル由来のあらゆる構造の短鎖 RNA を補足し NGS ライブラリー調製可能!!

## 製品仕様

本キットは、包括的な短鎖 RNA を補足を実現し、低いバイアスで NGS ライブラリーの調製が可能です。単一のアダプターと環状化を備えた RealSeq コアテクノロジーを応用し、サンプル中の 100 塩基未満のあらゆる短鎖 RNA (lncRNA、mRNA、tRF / tDR などを含む) を捕捉します。



▲ サンプルの種類を問わず、すべての RNA タイプを補足



▲ ヒト唾液中の 100 塩基未満のあらゆる長さの RNA を補足

製品名

RiboMarker® RNA Fragmentomics Library Preparation Kit

品番 (12 反応分)

400-00012

品番 (48 反応分)

400-00048



試薬キット  
消耗品

## NGSライブラリー調製キット 各種次世代シーケンス用ライブラリー調製キット

### 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

一本鎖 DNA

低量 DNA

cell-free DNA

PCR フリー

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

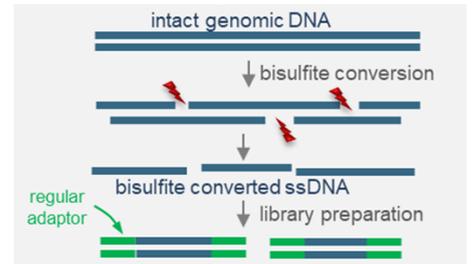
### 製品例

#### メチル化 CpG 領域ライブラリー調製キット (品番: 30102 / 30103)

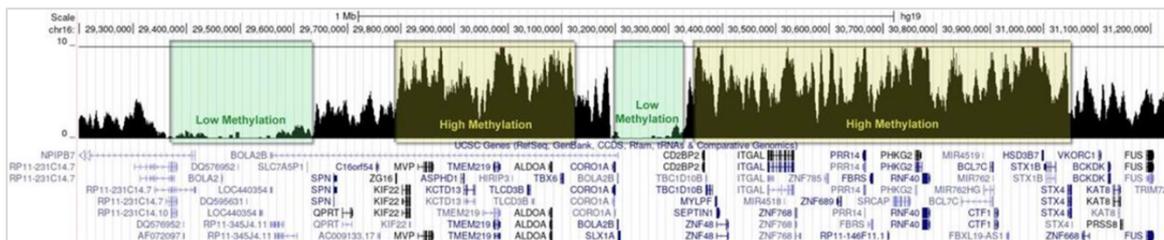
本製品は、バイサルファイト処理した DNA をサンプルとして、メチル化された CpG 領域を濃縮するため、シーケンスコストを大幅に削減します。バイサルファイトシーケンステクノロジーに基づいているため、単一塩基レベルで全ゲノムメチル化パターンを推定することが可能です。

- ・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



### 製品ラインアップ

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



試薬キット  
消耗品

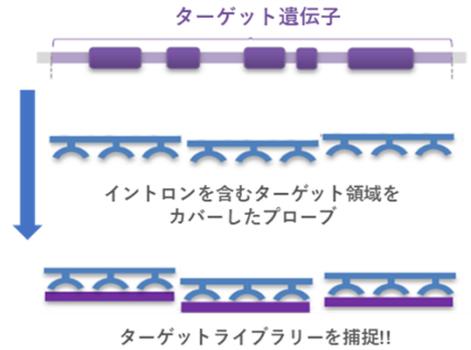
NGSターゲットシーケンスキット

MHC Library Prep & Capture Kit / LRC/ KIR Library Prep & Capture Kit

## 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 ~ 300 bp) 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<sup>®</sup> CATCH-Seq テクノロジー

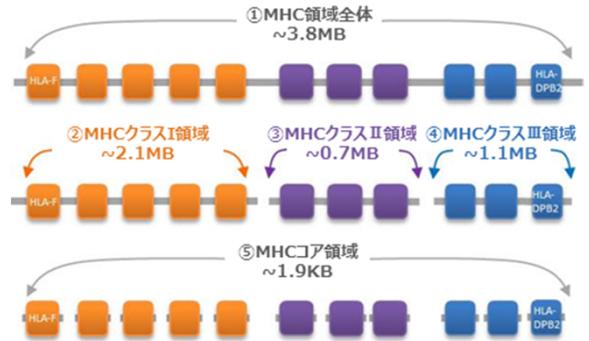
## 製品仕様

### 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 3.8 MB MHC 領域全体      | ④ 1.1 MB MHC クラス III 領域 |
| ② 2.1 MB MHC クラス I 領域  | ⑤ 190 kb MHC コア領域       |
| ③ 0.7 MB MHC クラス II 領域 | (22 MHC 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。



## 製品ラインナップ

製品名	品番 (24 反応分)	品番 (96反応分)
<b>ライブラリー調製 &amp; キャプチャーキット</b>		
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
<b>NGSライブラリーキャプチャーキット</b>		
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



### 概要

本製品は、独自の分散機構とセルストレーナーが一体型となった専用コンカルチューブを使用し、機械的に組織サンプルを分散するベンチトップ型の装置です。酵素フリーアプローチが可能で、わずか数分で処理が完了するため、シングルセルシーケンスなどのサンプル処理にかかる時間を大幅に短縮できます。カスタマイズ可能なプロトコルによって、多種多様なサンプルから、高品質な単一細胞浮遊液を調製することが可能です。



### 特長

**酵素フリーアプローチ可能**：細胞表面マーカーを維持し、処理時間を大幅に短縮

**優れたスループット**：処理時間わずか数分、さらに4サンプル独立制御可能

**標準化されたプロセス**：自動化された機械分散プログラムにより、ばらつきを抑制

**汚染リスクを最小化**：専用チューブは全てディスポタイプ

**カスタマイズ可能なプロトコル**：新鮮、凍結、FFPE など、幅広い組織タイプに対応

**アプリケーション例**：シングルセルシーケンス、シングルセルイメージング、フローサイトメトリー、初代細胞の分離、など

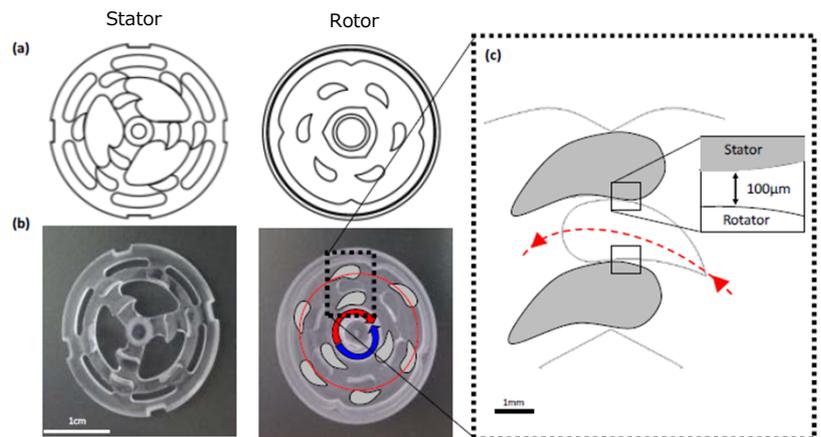


### 組織分散の原理

本製品の分散機構は、専用チューブ内の「ローター」および「ステーター」の2つのパーツから構成されます。それぞれのパーツにはフィン状の歯が備わっています。

2つのパーツを噛み合わせた際に生じる歯同士のわずかな隙間は、単一の生細胞が効率的に抽出されるように設計されています。歯の回転により組織サンプルがこの隙間に引き込まれると、組織から単一細胞が穏やかに分離されます。

回転方向を変えると、歯の幾何学的形状から、さまざまな力をサンプルに適用できます。回転の方向や速度、継続時間を柔軟に調整できるため、硬い組織や柔らかい組織など多様な組織サンプルに対応可能です。



Scheuermann, Stefan, Schäfer, Armin, Langejürgen, Jens and Reis, Christian. "A step towards enzyme-free tissue dissociation" Current Directions in Biomedical Engineering, vol. 5, no. 1, 2019, pp. 545-548.

### 操作手順

#### 1. サンプル準備

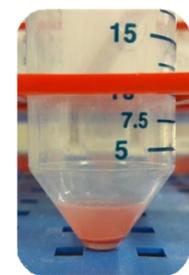
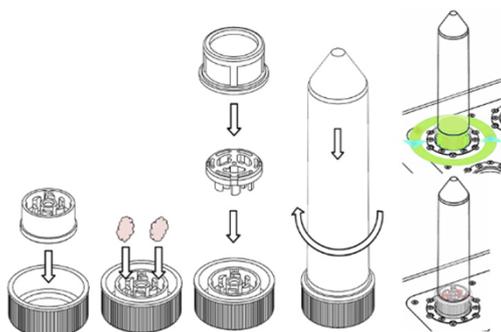
適量の組織とバッファーを、専用チューブのローターに添加し、チューブを組み立てます。

#### 2. 組織分散

チューブを装置にセットし、ソフトウェア上でプロトコルを選択して分散処理を開始します。

#### 3. 遠心

プロトコル完了後、そのままフタを開けずにチューブを遠心します。チューブ内のセルストレーナーを通過した単一細胞の浮遊液がチューブ底に得られます。





## 概要

本製品は軽量・小型のセルソーターです。独自のカートリッジによるストレスフリーソーティングは細胞の生存率や増殖能を維持し、エアロゾルも防止するため安全です。このカートリッジはディスク式であるためクロスコンタミネーションのリスクを抑え、カートリッジを廃棄するだけで後片付けが完了します。機能を拡張するシングルセル分注や細胞の温度管理用モジュールが存在し、シングルセルゲノミクス解析、抗体創薬研究、培養細胞株作製、ゲノム編集など、様々な研究を支援します。

## 特長

### 軽量・コンパクトで簡単に使用できる、細胞にも研究者にもストレスフリーなセルソーター

- 細胞への負荷を大幅に軽減するストレスフリーソーティング (2 psi 未満)
- 高感度 (250 MESF 以下) で高分解能 (1 μm 程度)
- 省スペースな設計でバイオセーフティキャビネット内に設置可能
- 特許技術を使用したディスクタイプのカートリッジでエアロゾルが発生せず安全かつ清潔なソーティング
- ユーザーに優しい設計：直感的に使用可能な専用ソフトウェア、簡単クリーンアップ&メンテナンス
- 最大 2 本のレーザーと最大 9 つまでの蛍光検出によって、幅広い研究に対応
- シングルセル分注用、細胞を最適な温度に維持するための各種モジュールを用意 (別売)

## 機能を拡張する様々な専用モジュール



### N1 Single Cell Dispenser

選別した細胞を 96 / 384 ウェルプレートに分注するためのディスペンサー  
分注細胞数も指定可能



### CS1 Chiller-Stirrer

サンプル冷却・攪拌モジュール  
サンプルを低温かつ均一な細胞濃度に維持



### CX2 Collection Cooler

ソーティング後サンプル冷却器  
温度に敏感なサンプルの生存率を向上



## アプリケーション紹介

### Induced Pluripotent Stem Cell Preparation for 10x Genomics Applications (10x Genomics アプリケーションのための iPS 細胞調製)

scRNA-seq において高品質なデータを得るためにはサンプルへの機械的ストレスを抑えつつ、デブリや死細胞を取り除くことが重要です。WOLF を用いてソートされたサンプルは未ソートサンプルの約 7 倍の「細胞あたりの遺伝子の中央値」、約 3 倍の「細胞あたりの遺伝子の中央値」を示し、WOLF によるプレソートがデータ品質と信頼性を改善することが示唆されました。

全文はこちら



### Enrichment of Memory B Cells for Antibody Discovery and Next-Generation Sequencing (抗体探索と次世代シーケンシングのためのメモリー B 細胞の濃縮)

抗体探索の効率化においては親和性成熟を起こしたメモリー B 細胞のみを濃縮する事が重要です。WOLF G2 を用いたソートと Receptor NGS 解析を組み合わせることで、ナイーブ B 細胞から正しくメモリー B 細胞だけを濃縮可能であることが示されました。

全文はこちら



### Epigenomic Analysis of Sorted Retinal Ganglion Cells using ATAC-seq (ATAC-seq を用いたソーティング済み網膜神経節細胞のエピゲノム解析)

RGC はその脆弱な性質のためソーティングが困難です。WOLF G2 を用いてソーティングした RGC サンプルは ATAC-seq で異なるクロマチンアクセシビリティパターンを示し、高度なゲノム解析にも適した高品質な細胞集団の調製が可能であることが示されました。

全文はこちら





概要

Tapestri Platform はシングルセルレベルで DNA 上の変異および細胞表面タンパク質を一度に検出可能な革新的シングルセルオミックス解析プラットフォームです。単一細胞ごとに DNA とタンパク質発現を一度に解析することで真のシングルセルマルチオミックス解析を実現します。



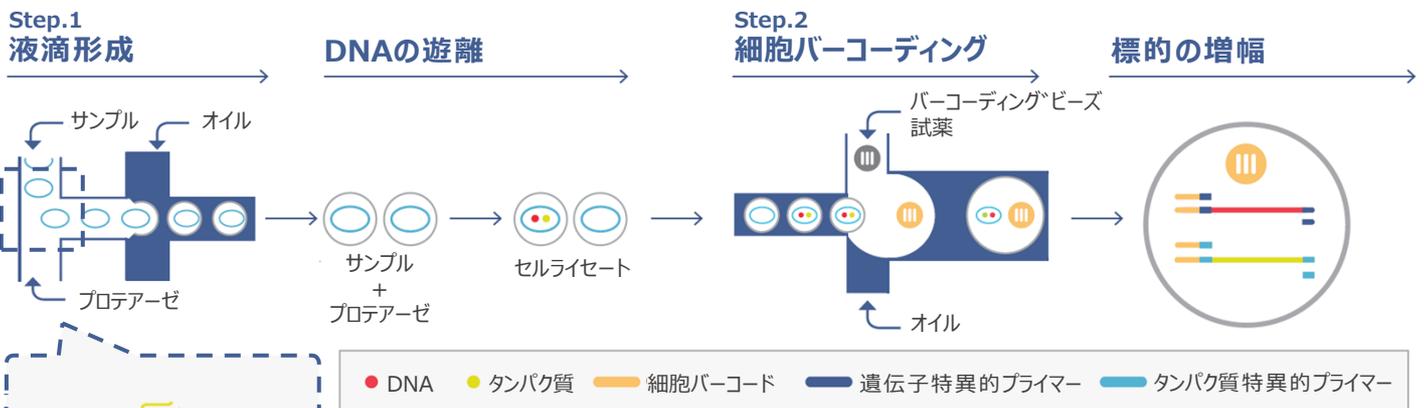
特長

DNA 上の変異と細胞表面タンパク質をシングルセルレベルで一度に解析

- 独自の技術でハイスループットなシングルセル解析を実現
- 標的 DNA 領域上の SNV / Indel / CNV を 1 細胞レベルで一度に検出
- 同一細胞からジェノタイプとフェノタイプの情報を取得するシングルセルマルチオミックス解析が可能
- 様々ながん遺伝子パネルと独自に設計できるカスタムパネルを用意
- シングルセルレベルの情報を用いて、がん研究に加え遺伝子治療研究の支援も可能



独自の 2 ステップワークフローによってハイスループットなシングルセル解析を実現



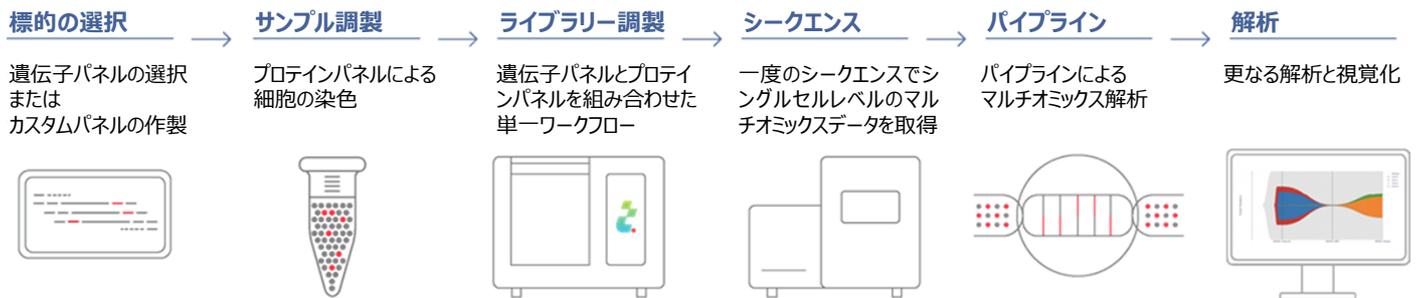
Tapestri Platform は独自の 2 ステップワークフローとマイクロ流体技術によってハイスループットなシングルセル解析を実現しています。

第一ステップでは、染色した細胞はマイクロ流路によってプロテアーゼと共に液滴が形成されます。この液滴内でタンパク質分解が行われ、ゲノム DNA が遊離されます。

第二ステップでは、得られたセルライゼートの液滴を細胞識別バーコードや PCR 試薬と合わせます。その後 PCR によって標的 DNA 領域やオリゴヌクレオチドがこの液滴内で増幅されることで細胞識別バーコードが組み込まれます。最終的に得られた PCR 産物を基に、次世代シーケンス用のライブラリーを調製します。

シングルセルマルチオミックス解析では、調製時に細胞をオリゴヌクレオチド標識抗体で染色します。このオリゴヌクレオチド配列は、各抗体が標的とする細胞表面タンパク質に対応しています。

既存のNGSワークフローに組み込むだけでシングルセル解析環境を構築





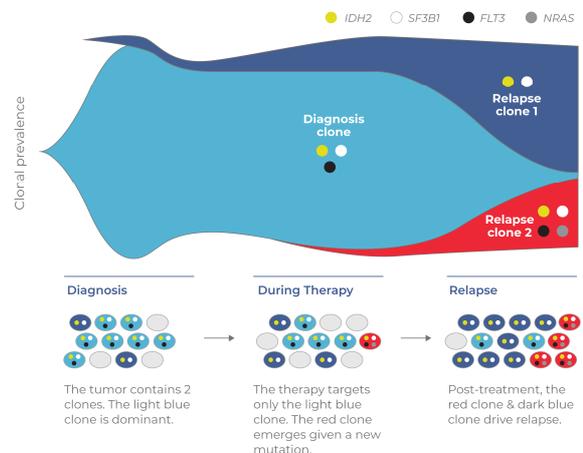
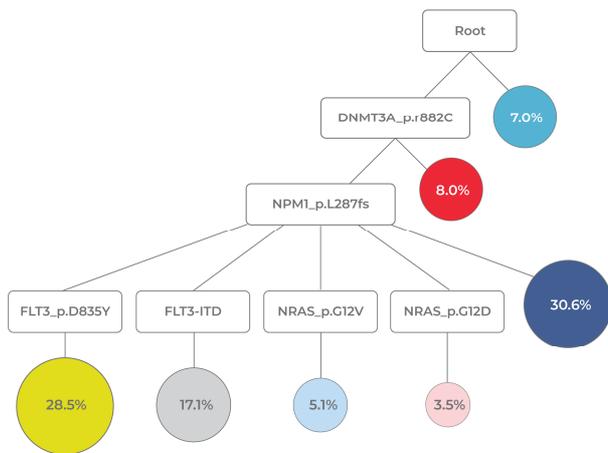
### シングルセル解析のアプリケーション例

#### 遺伝子変異の共起パターンを基にクローンの進化系統樹を再構築

がん研究において関心の高まっている領域は、腫瘍の進化過程を解き明かすことです。シングルセル解析では、各クローンが保有する変異が明らかとなるため、共存する変異のパターンに基づいて、進化系統樹を再構築することが可能です。クローンの歴史を再構築することは、進化パターン (リニア vs ブランチング) の全体像を明らかにすることを可能にします。

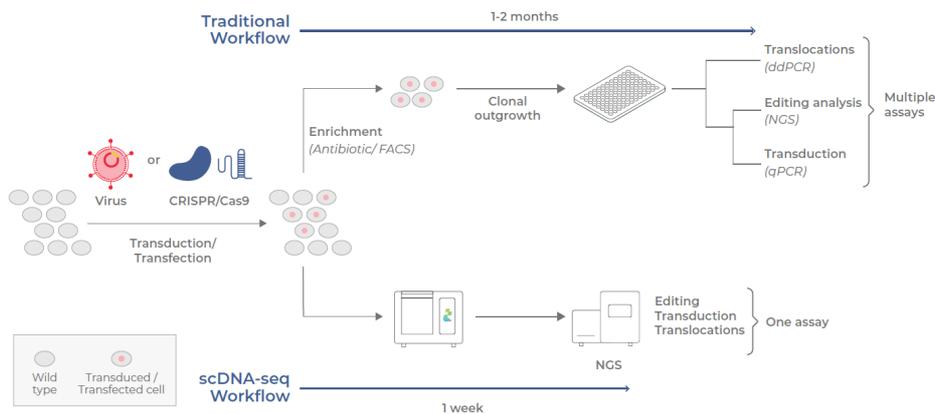
#### クローン構造の解明による治療抵抗性の解明と早期発見

がんの根治の難しさは、その不均一性やダイナミズムに起因しています。従来のバルク解析では、クローン間で共通する変異を明確にすることができないため、全てのクローンに対して効果的な治療方法であるか判断することが出来ません。シングルセル解析では個々のクローン構造を明らかにすることでその課題を解決するだけでなく、頻度の低い高リスクなクローンを早期に検出することが可能です



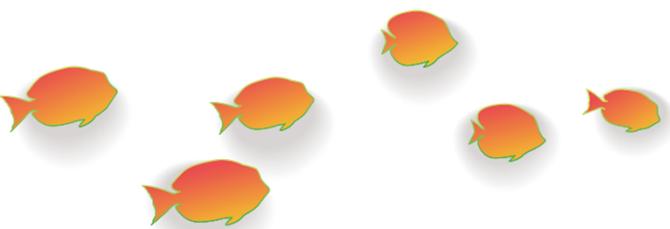
#### シングルセルレベルでの解析により細胞・遺伝子治療を効率化

この治療法では、ウイルスやゲノム編集によってゲノムが編集されます。これらによって生じる遺伝的不均一性はこの治療法の安全性と効率に影響する可能性があります。遺伝子改変細胞の増殖・クローンの分離、シーケンスや qPCR などによる編集効率の分析などの従来の方法では時間と労力を伴います。シングルセル解析では、細胞が個々に解析されるため、クローンの増殖過程を省略することで時間を短縮することが可能です。さらに、遺伝子導入・ゲノム編集の効率、意図せぬ転座の検出を、一度のアッセイで行うことができます



### Tapestri Instrument 仕様

解析対象	DNA : 一塩基突然変異 (SNV)、コピー数多型 (CNV)、ヘテロ接合性の喪失 (LOH)、転座 タンパク質 : 細胞表面タンパク質の発現
必要インプット細胞数	20,000 ~ 100,000 細胞
スループット	最大 14,000 細胞
本体のサイズ (W x D x H)	29.85 cm x 31.33 cm x 31.75 cm



#### 【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。

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

代理店

(Jun.,2025)

