

# 次世代シーケンシング データマイニングサービス

フィルジェンでは、次世代シーケンサーデータの解析サービスを提供しており、変異(SNV, InDel)解析、RNA-Seq遺伝子発現解析、miRNA発現解析、ChIP-Seq解析、De Novoアセンブルなど次世代シーケンス向けのアプリケーション以外にも、遺伝子予測やBLAST解析などの、一般的な配列解析用の解析サービスも取り揃えています。

## 遺伝子変異解析

### ● NGS Variantデータ解析サービス

リファレンス配列に対して、次世代シーケンサーより得られたリード配列をマッピングし、SNVやsmall InDelなどの変異情報を取得します。変異の存在するリファレンス配列上の位置・変化した塩基の種類・変異領域をカバーするリード配列数などをまとめたリストを作成いたします。また、リファレンス配列と共に遺伝子アノテーションデータが存在する場合は、各変異によるアミノ酸置換情報や遺伝子名情報も付けることができます。

### ● NGS Variant比較データ作成サービス

複数サンプルの変異データを比較して、共通に検出された変異、または一方のサンプルのみで検出された変異などのリストを作成します。



## 遺伝子発現解析

### ● NGS RNA-Seqデータ解析サービス

リファレンス配列に対して、次世代シーケンサーより得られたリード配列をマッピングし、遺伝子・転写物(真核生物のみ対応)ごとの発現量をRPKM法などで算出したリストを作成いたします。

### ● NGS RNA-Seq比較データ作成サービス

2サンプルの遺伝子発現データを比較して、サンプル間発現比を算出します。

### ● 融合遺伝子候補検出サービス

融合遺伝子候補検出サービスは、NGS RNA-Seqデータ解析サービスをお申込みいただいた場合の追加オプションサービスです。Paired-endリード配列データを用いて、ペアの各リードがマッピングされた遺伝子の違いによって、融合遺伝子の候補を推定いたします。

### ● NGS small RNA-Seqデータ解析サービス

既知small RNA配列のリファレンスに対して、次世代シーケンサーより得られたリード配列をマッピングし、small RNAの発現量を算出したリストを作成します。

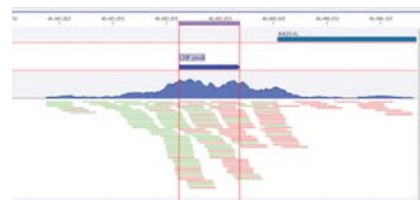
### ● NGS small RNA-Seq比較データ作成サービス

2サンプルのsmall RNA発現データを比較して、サンプル間発現比を算出します。

## 転写因子結合サイト解析

### ● NGS ChIP-Seqデータ解析サービス

リファレンス配列に対して、次世代シーケンサーより得られたリード配列をマッピングし、転写因子結合領域のピークを検出します。各ピークのリファレンス配列上の位置・信頼性(P-value)・近傍の遺伝子名をまとめたリストを作成いたします。



## 新規ゲノム配列解析

### ● NGS De Novoアセンブル解析サービス

次世代シーケンサーを用いたゲノムシーケンスやトランスクリプトームシーケンスから得られたリード配列を用いて、De novo assemblyを行い、コンティグ配列と統計レポートを作成します。

### ● 原核生物ゲノム遺伝子予測サービス

専用の原核生物ゲノム遺伝子領域予測用ソフトウェアを用いて、遺伝子情報がまだ明らかになっていない、新規原核生物のゲノム配列から、遺伝子のコード領域を予測します。

### ● 真核生物ゲノム遺伝子予測サービス

専用の真核生物ゲノム遺伝子領域予測用ソフトウェアを用いて、遺伝子情報がまだ明らかになっていない、新規真核生物のゲノム配列から、遺伝子のコード領域を予測します。予測を行う生物と類縁関係にある生物のゲノム情報をトレーニングセットとして解析を行うため、精度の高い予測が可能です。

### ● BLASTアノテーション追加サービス

本解析サービスでは、ご指定の配列データに対して、ターゲットとなる配列データとの、相同性解析(BLAST解析)を行います。解析結果は、ご指定の配列データに、相同性比較を行ったデータの、最も相同性の高い配列データの情報が、アノテーションとして追加されます。新規遺伝子のシーケンシングを行った場合などに有効です。

本サービスの価格、その他サービスの詳細は当社Web siteをご参照ください。