

# 解析付きNGS受託サービス

遺伝子発現解析 ヒト全エクソーム ヒトがんパネル ATAC-seq ChIP-seq

## RNA-seq

Webサイト

<https://www.cage-seq.com/jp/rna-seq>



サンプルを送るだけ！解析までオールインワンでRNA-seqをお手軽に！

1. サンプル提出

2. 品質チェック  
ライブラリー作製

3. シーケンシング

4. インフォーマティクス解析

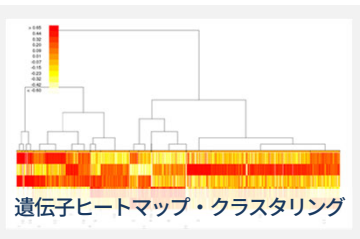
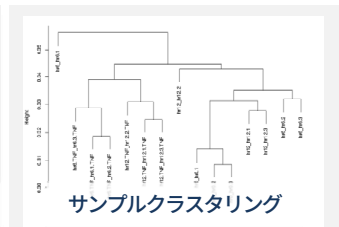
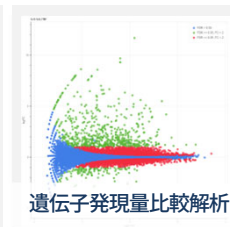
5. 解析データ・レポート・  
手引き納品

サンプルを送ったら、あとは待つだけ！

標準的かつ効果的な解析結果を一セットで納品！

Gene information			Expression level (FPKM)					
gene_id	ref_gene_id	gene_name	Sample1	Sample2	Sample3	Sample4	Sample5	Sample6
ENSG00000000005.5	ENSG00000000005.5	TNMD	0.0045	0.00	0.00	0.00	0.0233	0.0102
ENSG00000000938.8	ENSG00000000938.8	FRG	0.00	0.00	0.017	0.0041	0.00	0.01
ENSG00000000971.11	ENSG00000000971.11	CFH	0.0055	0.0099	0.0046	0.0043	0.02	0.0066
ENSG00000001460.13	ENSG00000001460.13	STPG1	0.081	0.1137	0.1002	0.1602	0.0966	0.0787
ENSG00000001461.12	ENSG00000001461.12	STPG1	0.1895	0.2532	0.1092	0.1232	0.1748	0.1377
ENSG00000001561.6	ENSG00000001561.6	STPG1	0.209	0.1831	0.2421	0.4102	0.2844	0.3936

遺伝子発現量一覧 (TPM・FPKM・カウント)



Ontology information		Ratio		Test statistics			Details		
ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adjust	qvalue	gene ID	Count	Ontology
GO:1990266	neutrophil migration	9/132	34/9712	4.73E-10	1.23E-06	8.40E-07	CSAR1/CCL26/CD74/IL1R1/PDE4D/S100A8/S100A9/TGFB2/TREM1	9	BP
GO:0008284	positive regulation of cell proliferation	25/132	465/9712	2.65E-09	2.10E-06	1.43E-06	AKR1B1/AKR1C2/AKR1C3/AQP1/BMP6/BTC/CSAR1/CCL26/CD74/EDN1/EGF1/HEY2/ID1/IL11/ILF1/MEF2C/MYOC/NFATC2/NRA43/PBX1/PLA2G2B/PTGS2/SHC4/SOXA4/TGFB2	25	BP
GO:2000147	positive regulation of cell motility	18/132	465/9712	2.65E-09	2.10E-06	1.43E-06	SHMT1/CSF1/CCL6/CD74/DEFB1/EDN1/EGF1/EGF1/ILF1/ILF2/ILF3/ILF4/ILF5/ILF6/ILF7/ILF8/ILF9/ILF10/ILF11/ILF12/ILF13/ILF14/ILF15/ILF16/ILF17/ILF18/ILF19/ILF20/ILF21/ILF22/ILF23/ILF24/ILF25/ILF26/ILF27/ILF28/ILF29/ILF30/ILF31/ILF32/ILF33/ILF34/ILF35/ILF36/ILF37/ILF38/ILF39/ILF40/ILF41/ILF42/ILF43/ILF44/ILF45/ILF46/ILF47/ILF48/ILF49/ILF50/ILF51/ILF52/ILF53/ILF54/ILF55/ILF56/ILF57/ILF58/ILF59/ILF60/ILF61/ILF62/ILF63/ILF64/ILF65/ILF66/ILF67/ILF68/ILF69/ILF70/ILF71/ILF72/ILF73/ILF74/ILF75/ILF76/ILF77/ILF78/ILF79/ILF80/ILF81/ILF82/ILF83/ILF84/ILF85/ILF86/ILF87/ILF88/ILF89/ILF90/ILF91/ILF92/ILF93/ILF94/ILF95/ILF96/ILF97/ILF98/ILF99/ILF100	18	BP

遺伝子オントロジー解析 (ヒト・マウスなど)

仕様 <sup>1</sup>	リード数	データ量	納期 <sup>2</sup>	価格 <sup>3</sup>
DNBSEQ (150bpペアエンド)	3,000万ペアリード/ サンプル	9GB	約5-6週間	65,000円/サンプル (税込 71,500円)
Illumina (150bpペアエンド)			約5-8週間	85,000円/サンプル (税込 93,500円)

リード数少なめのお手頃プラン。ご注文は3サンプル以上から。

DNBSEQ (150bpペアエンド)	2,000万ペアリード/ サンプル	6Gb	約5-6週間	60,000円/サンプル (税込 66,000円)
---------------------	----------------------	-----	--------	------------------------------

1. スライシングパターンの決定や遺伝子の構造解析には、150bpペアエンドをお勧めいたします。2. 繁忙期には、どうしても納期が長くなってしまう場合があります。ご了承ください。3. ヒト・マウス・ラットはリボソームRNAの除去費用も含まれます。それ以外の生物種の場合、不要なRNAの除去費用が必要となります。詳しくは目的別オプションをご参照ください。

### 最少10ngから！ Total RNAを送るだけ！

- Total RNA量：1µg以上 (ヒト・マウス・ラットは10ngでも対応可能)、濃度：1ng/µl以上、RIN：7.0以上 (ヒト・マウス・ラットはRIN 3.0以上でも対応可能)、A260/A280：1.8、A260/A230：1.8以上

### 検体からのRNA抽出サービスもございます。

- 動物組織 (ヒト臨床検体以外)、培養細胞、濃縮・凍結したエクソソームからのRNA抽出：5,500円/サンプル
- 細胞培養液からのエクソソーム濃縮 + RNA抽出：16,500円/サンプル

※ 価格は全て税込です。

### 目的別のRNA精製オプション！

- Oligo-dT ピーズ精製：5,500円/サンプル
- 植物・酵母・細菌のリボソームRNA除去：11,000円/サンプル
- ヒト・マウス・ラットのグロビンRNA & リボソームRNA除去：22,000円/サンプル

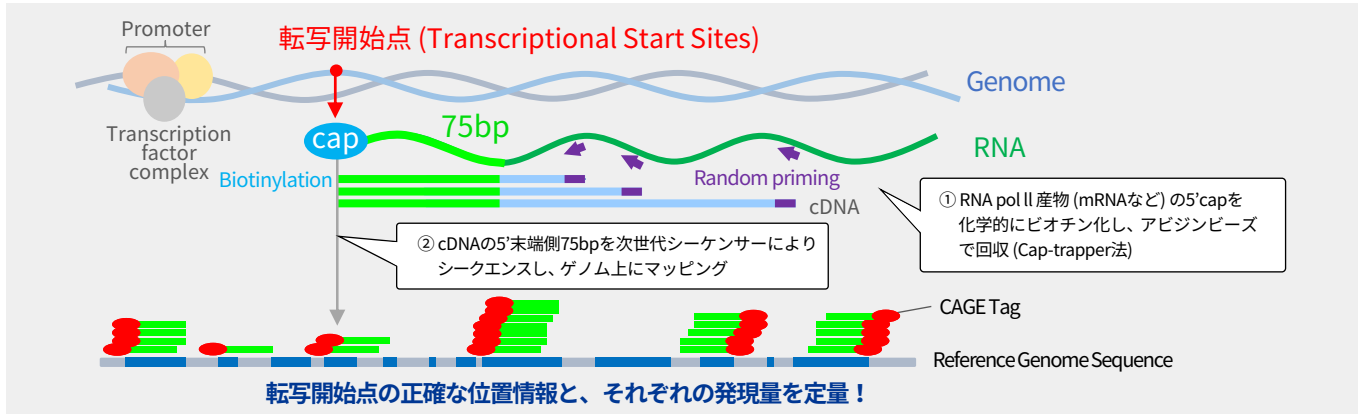
### ゲノム情報が無い生物種向けに de novo アセンブリもご用意！

- de novo アセンブリ：99,000円/生物種
- ※ 価格は全て税込です。



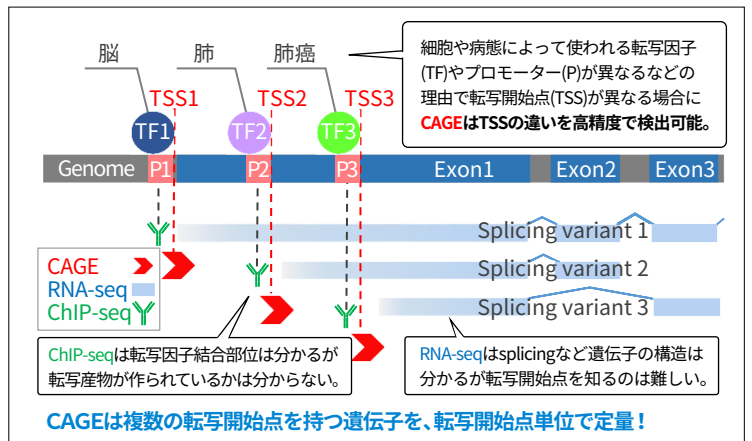
## RNA-seqよりも高い定量性！転写開始点を捉える遺伝子発現解析！

CAGE(Cap Analysis of Gene Expression)は、RNAポリメラーゼII産物のCap構造を捕捉するCap-trapper法によりRNAの5'末端の塩基配列を決定して、ゲノム上にマッピングする技術です。転写開始点の位置を1塩基単位、かつゲノムワイドに同定することで、各転写産物のプロモーター領域や、発現量を的確にとらえた発現プロファイルを可能にします。



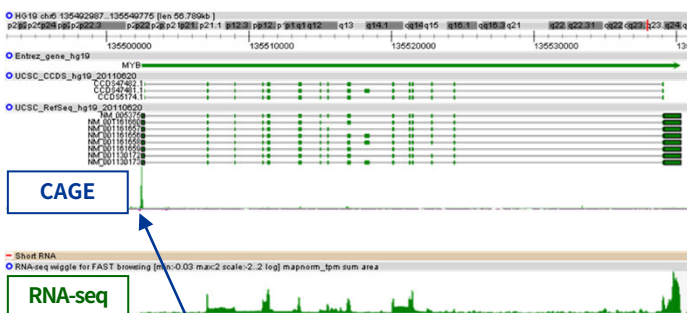
### 主な遺伝子発現解析との違い

- 1種の遺伝子に対し、複数の転写開始点が環境によって使い分けられる場合、それらの転写開始点の識別はRNA-seqでは困難、マイクロアレイでは不可能です。CAGEはそれらを個別に定量可能です。
- Cap構造を持つRNA分子のみを回収、5'末端の配列を決定するため、CAGEには配列長依存性がありません。
- CAGEは転写開始点単位で発現量を定量するため、複数の転写因子が発現させる遺伝子の場合、RNA-seqより正確性・定量性に優れています。
- CAGEはスプライシングや融合転写物の解析など遺伝子構造の同定には適しません。これらの用途にはRNA-seqをお勧めします。



### 転写開始点や転写因子結合領域の高解像度な解析が可能

#### 本来の転写開始点がクリアに分かる！



CAGEは本来の転写開始点を正確に捉える！

#### 細胞間で発現が異なる転写開始点の近傍モチーフ探索

間葉系幹細胞(Control)と脂肪前駆細胞(Case)でCAGE発現に違いが見られた転写開始点の近傍で見つかった転写因子結合モチーフ候補

Motif No.	Consensus Motif	Foreground: /100	Background: /1000	P value	Known Motifs (P value)
AMD_001	CAACTNGCG	27	51	1.42E-04	NA
AMD_002	GTARCNNWNSCCG	31	54	1.32E-05	NA
AMD_003	CTTCARNNNCGA	36	108	4.77E-03	NA
AMD_004	ACGTNNNNGNAC	28	44	1.24E-05	PPARγ (9.21e-05)

脂肪細胞分化に関与するPPAR $\gamma$ モチーフがヒット！  
 転写への関与を示唆

仕様	リード数	納期	価格	納品物
75 bp シングルリード (Illumina)	1,500万リード/ サンプル	約1-2か月	1-23サンプル：90,000円/サンプル (税込 99,000円)	解析データ ・遺伝子発現量一覧 ・遺伝子発現量比較 ・転写因子結合モチーフ検索等 報告書・手引き Fastqファイル
			24サンプル以上：80,000円/サンプル (税込 88,000円)	

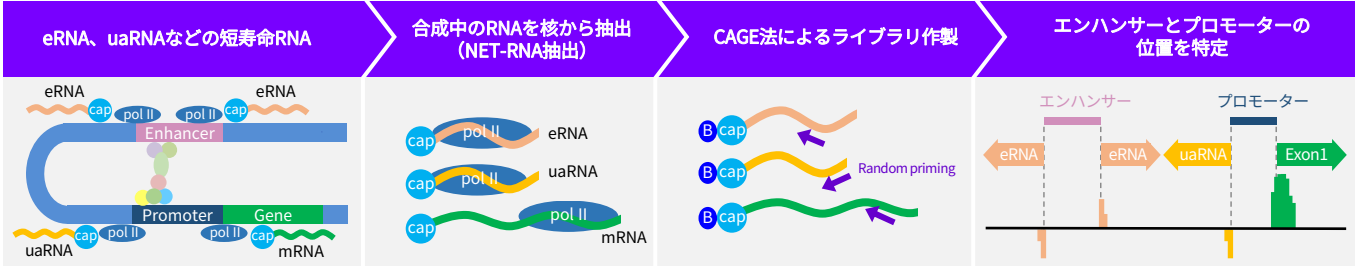
#### ● お送りいただく検体：Total RNA

RNA量：3 $\mu$ g以上、濃度：0.1-1.0ng/ $\mu$ l、RIN：7.0、A260/A280：1.8以上、A260/A230：1.8以上

# NET-CAGE

## 活性化エンハンサーのゲノムワイドな同定が可能な遺伝子発現解析！

合成中のRNA (Native Elongating Transcript RNA : NET-RNA) を抽出してCAGEを行うことで、エンハンサー領域から双方向に転写されている短寿命のエンハンサーRNA (eRNA) の転写開始点を捉え、活性化エンハンサーをゲノムワイドに同定可能です。また、プロモーターの上流から転写され、同様に短寿命のupstream anti-sense transcripts (uaRNA) も捉えるため、活性化したプロモーター領域の範囲の特定にも活用できます。さらに、合成中のRNA pol II産物による、リアルタイムな転写活性に基づく遺伝子発現解析も可能です。



仕様	リード数	納期	価格	納品物
75 bp シングルリード (Illumina)	1,500万リード/ サンプル	約1-2か月	1-23 サンプル : 110,000 円/サンプル (税込 121,000 円)	解析データ ・エンハンサー一覧 ・プロモーター一覧 ・遺伝子発現量比較等 報告書・手引き Fastqファイル
			24 サンプル以上 : 100,000 円/サンプル (税込 110,000 円)	

- お送りいただく検体：ヒト・マウスなどの細胞あるいは組織  
細胞数の目安 (培養細胞) :  $2 \times 10^7$  個程度 (可能であれば  $2 \times 10^7$  個の細胞を2本分お送りください)。生物種や組織によっては解析できない場合もあります。事前にご相談ください。

# ヒト全エクソーム



## 約20,000遺伝子をカバー！低コストで効率的に疾患関連遺伝子の変異を同定！

パネル	仕様	データ量	納期	価格	納品物
Twist Comprehensive Exome Panel※ ※RefSeq・CCDS・GENCODEの99%以上をカバーするパネル (パネルサイズ41.2Mb)	150 bp ペアエンド	7.5Gb/サンプル ※カバレッジ約30倍	約6-9週間	105,000円/サンプル (税込 115,500円)	解析データ ・マッピング結果 ・変異検出結果 ・変異アノテーション 報告書・手引き Fastqファイル
				95,000円/サンプル (税込 104,500円) ※サンプル数が8の倍数の場合だけの特価です！	

- お送りいただく検体：ゲノムDNA  
DNA量 : 100 ng以上 (FFPE検体由来DNAの場合は200 ng以上), 濃度 : 1 ng/μl以上, A260/A280 : 1.6以上, A260/A230 : 1.6以上

# ヒトがんパネル (QIaseq panel)

## FFPE検体からもターゲット遺伝子の体細胞変異を高感度に検出！

パネル	仕様	リード数	納期	価格	納品物
Qiagen QIaseq Targeted DNA Panels Human Comprehensive cancer panel※ ※包括的ながんの発症と進行に関する275遺伝子 及びTERTプロモーターにおける変異を カバーするパネル	150bp ペアエンド	3,000万ペアリード/ サンプル	約6-9週間	150,000円/ サンプル (税込165,000円)	解析データ ・マッピング結果 ・変異検出結果 ・変異アノテーション 報告書・手引き Fastqファイル

- お送りいただく検体：ゲノムDNA (FFPE検体由来のDNAにも対応可能)  
DNA量 : 100ng以上 (FFPE検体由来はDNA量200ng以上), 濃度 : 1ng/μl以上, A260/A280 : 1.6以上, A260/A230 : 1.6以上

# ATAC-seq

## オープンクロマチン領域を網羅的に解析<sup>1</sup>！

仕様	リード数	納期	価格	納品物
DNBSEQ (150bp ペアエンド)	4,000万ペアリード/ サンプル	約5-7週間	90,000円/サンプル (税込99,000円)	解析データ ・ピークコール結果 ・モチーフ検索結果 ・各種プロット ・品質チェックデータ 報告書・手引き Fastqファイル
Illumina (150bp ペアエンド)			95,000円/サンプル (税込104,500円)	

● お送りいただく検体：凍結生細胞<sup>2</sup>

細胞数：10万個×2、セルバンカー・バンバンカーなどの保存液に懸濁して凍結。対象の細胞に適合する保存液が無い場合は、細胞ペレットでお送りください。

1. 多数サンプルがある場合、条件検討のために、まずは少数サンプルでご依頼いただくことをお勧めいたします。2. 組織でも成功例がございます。詳しくはお問い合わせください。  
※150bp ペアエンド、1億リードの仕様（約140,000円/サンプル）にも対応いたします。詳しくはお問い合わせください。

# ChIP-seq

## ヒストン修飾や転写因子結合部位の網羅的解析に<sup>1,2</sup>！

仕様	リード数	納期	価格	納品物
DNBSEQ (150bp ペアエンド)	4,000万ペアリード/ サンプル	約5-8週間	90,000円/サンプル (税込 99,000円)	解析データ ・ピークコール結果 ・モチーフ検索結果 ・各種プロット ・品質チェックデータ 報告書・手引き Fastqファイル
Illumina (150bp ペアエンド)			95,000円/サンプル (税込104,500円)	

● お送りいただく検体：ChIP済みDNA

DNA量：10 ng以上、DNA断片長：100 bp-500 bp(推奨 200-300 bp)、A260/A280：1.8以上、A260/A230：1.8以上

1. ネガティブコントロールとしてChIP前のサンプル(インプット)を追加していただくことを強くお勧めいたします。インプットについても1サンプルの扱いとなります。  
2. 多数サンプルがある場合、条件検討のためにまずは少数サンプルでご依頼いただくことをお勧めいたします。

## 新オプション・ChIP操作受託スタート **NEW!**

- ChIP操作から受託を開始しました。
- クロスリンク済みの細胞と、抗体をお送りいただき、ChIP操作、ライブラリー作製、インフォマティクス解析を弊社で実施いたします。
- 最小構成は3サンプル(税込385,000円)。ChIPサンプルと、ネガティブコントロール(Input)、ポジティブコントロール（ヒストン抗体）となります。詳しくはお問い合わせください。

## ■ サンプルを送るだけ！解析もしっかりフォロー！

1. サンプル提出

2. 品質チェック  
ライブラリー作製

3. シーケンシング

4. インフォマティクス解析

5. 解析データ・レポート・  
手引き納品

- 本チラスの次世代シーケンサー受託サービスは、全て解析込みのサービスです。
- ライブラリー作製、シーケンシング、インフォマティクス解析までを行い、データと解析レポートを納品します。
- 次世代シーケンサーを用いた解析がはじめての方に、特にお勧めいたします。

お問い合わせ：contact@dnaform.jp

### 株式会社ダナフォーム

〒230-0051 神奈川県横浜市鶴見区鶴見中央 2-6-29  
アスク・サンシビル 3F  
TEL: 045-508-1539 FAX: 045-510-0608  
E-mail: contact@dnaform.jp URL: http://dnaform.jp/ja/