



# APRO Science News Vol.14

## 次世代シーケンシング 特集。

最先端技術を用いた高速シーケンスをお手元に。

### ■ ゲノム 一次構造解析サービス

- ゲノム de novo シーケンシング
- ゲノム リシーケンシング
- ヒト/マウス エクソーム解析
- メタゲノム解析 (16S rRNA シーケンシング)
- ターゲットゲノム シーケンシング (癌パネル、遺伝子パネル、その他)
- ChIP シーケンシング
- メチル化解析 (バイサルファイト シーケンシング)
- GBS (Genotyping By Sequence) 解析

### ■ RNA の次世代シーケンシング解析サービス

- mRNA シーケンシング
- 遺伝子発現解析 (3' 領域 タグプロファイリング)
- mRNA 転写開始点の確認 (5' 領域 タグプロファイリング)
- small RNA の同定・定量化、その他

NEXT GENERATION SEQUENCING

## 次世代シーケンシング解析 とは

## ライフサイエンス研究に重要な役割を担う最先端技術

次世代シーケンシングは、従来のサンガー法とは異なり処理能力やコストの面で格段の進化を遂げ、たった一回の分析で数億塩基以上も得ることが可能になりました。

さらに、様々な前処理、シーケンシング条件、インフォマティクス解析を組み合わせることで、膨大な取得データから多様な目的情報を得ることができ、ゲノム配列の決定だけでなく、SNPs解析や、mRNA、small RNA解析などの発現解析、ChIPシーケンシングなど、多くのアプリケーションが確立されています。

これら次世代シーケンシング解析は、現在のライフテクノロジーにおいて、最も重要な解析手法の一つです。



## 当社受託サービスの特長

## 多様なニーズへの対応力と、国内屈指のインフォマティクス解析技術

- Illumina社やRoche社など、多様なシーケンサーを駆使した高速シーケンスをご提供します。
- 幅広いニーズに応えるべく、規定のキットでは対応できない前処理なども柔軟に対応します。
- 数百にもおよぶオリジナルメソッドを有するインフォマティクス解析技術は、国内トップクラスです。
- ライブラリ調製からのご依頼や、インフォマティクス解析のみのご依頼など、お客様のご要望に即してご提供いたします。
- 特に、RNAを用いた次世代シーケンシング解析のラインナップは国内最多です。



## 使用装置のご紹介

パフォーマンス 情報	Illumina HiSeq 2000 / 2500		Illumina HiSeq X Ten	Illumina MiSeq		Roche GS-FLX	PACIFIC BIOSCIENCE PacBio RS II
	リード長	~ 250 bp		150 bp	~ 300 bp		~ 450 bp
リード数	シングルリード	約2億リード/レーン	-	シングルリード	約2,400万リード	約100万リード / フルプレート	約6万リード / セル
	ペアエンド	約4億リード/レーン	約6億リード/レーン	ペアエンド	約4,400万リード		
データ量	シングルリード	約30Gb / レーン	-	シングルリード	約7.2Gb / レーン	約450Mb / フルプレート	約500Mb / セル
	ペアエンド	約60Gb / レーン	約90Gb / レーン	ペアエンド	約13Gb / レーン		
主な利用目的	<ul style="list-style-type: none"> <li>・集団規模のヒト全ゲノム</li> <li>・新規ゲノムアセンブル</li> <li>・エクソーム</li> <li>・トランスクリプトーム など</li> </ul>			<ul style="list-style-type: none"> <li>・微生物ゲノム</li> <li>・アンプリコン (メタゲノム)</li> <li>・ターゲット遺伝子パネル (癌遺伝子) など</li> </ul>		<ul style="list-style-type: none"> <li>・新規微生物ゲノムアセンブル</li> <li>・アンプリコン (メタゲノム) など</li> </ul>	

## 各機種のご紹介

## ■ Illumina HiSeq 2000/2500, MiSeq, X Ten

目的DNAを断片化してからライブラリーとした後、ブリッジPCR法によりフローセル上で膨大な数の目的DNAを増幅させ、Sequencing-by-synthesis法により合成しながらシーケンシングを行います。特にHiSeqの場合は、他の機器に比べて大量の配列データを取得できるため、網羅的な解析に適しています。

## ■ Roche GS-FLX

ライブラリー調製したDNA断片をemPCRにて増幅した後、非常に微小で膨大な数のウェルをもつピコタイタープレートを用いて、Pyrosequence法により配列を決定します。Illumina HiSeqなどに比べると、データの量やコストの面では劣りますが、平均400 bpと比較的長く読むことができ、解析データの質も非常に高いことが長所です。

## ■ PACIFIC SCIENCE PacBio RS II

比較的長めに断片化したDNAからライブラリー調製し、SMRT (Smart Molecule Real Time) 法によりシーケンスを行います。1分子レベルでリアルタイムに塩基を読み取ることができるため増幅によるバイアスのリスクを排除でき、同時に塩基修飾も検出できるシーケンサーです。中でも最大の特徴は圧倒的に長いリードを獲得できる点にあり、そのため新規のゲノムドラフトを作成する目的などに効果を発揮します。

## 分析条件の概要

## ■ シングルリード法

シングルリード法は、ゲノムDNA断片の片側のみを読み取る手法です。コスト面に優れており、ターゲット領域が限定されているなど、データ量を多く求めない場面で利用されます。

## ■ ペアエンド法

シングルリード法の2倍のデータ量が得られ、各断片の両端の配列情報も獲得できます。そのため、より多くの情報を必要とする *de novo* アセンブルや変異の確認(点変異や Insertion/Deletionの確認)などに効果的であり、最も多用されている手法です。

## ■ マルチプレックス法

DNA断片にバーコード配列(インデックス)を付与することによって、複数サンプル由来のDNA配列を正確に識別することができます。この方法は、ゲノムターゲット領域に特化した研究や、ゲノムサイズが小さい生物種の解析に最適です。少ないレーン数で多くのサンプルを解析可能であるため、サンプル当たりのコストメリットを得ることが出来ます。

# ゲノム一次構造解析 各種サービスのご案内

## ゲノム de novo シーケンシング

### リファレンス配列の無い生物のゲノムDNAを構築する

リファレンスとなる配列が無い生物種を対象に行う分析です。得られたリードデータをインフォマティクス解析によってアセンブルすることで、新規の配列を構築することができます。また、リファレンス配列があるものでも、insertion配列が長く重要な場合、de novo アセンブルが有効となります。

### サービス仕様

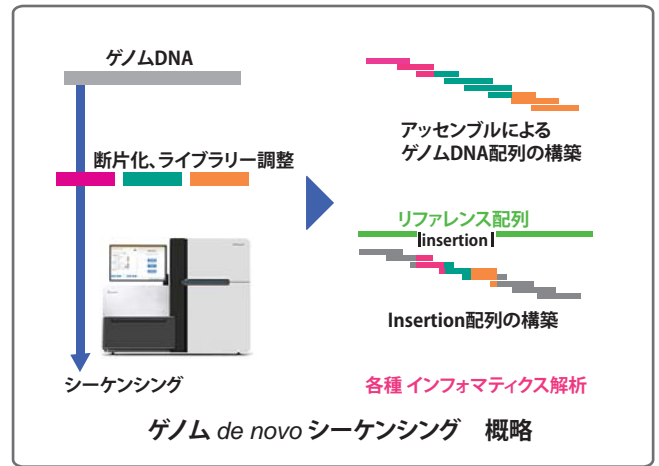
- サービス内容：サンプルQC、シーケンシング、インフォマティクス解析
- 対象サンプルのゲノムサイズや目的によって、分析条件、データ量をご提案します。
- 新規ゲノム配列や insertion配列の構築など、ご要望に合わせたインフォマティクス解析を実施いたします。

### サンプルについて

項目名	Illumina HiSeq	PacBio
種類	ゲノムDNA (精製済み)	ゲノムDNA (精製済み)
必要量	1 $\mu\text{g}$ 以上	8 $\mu\text{g}$ 以上
濃度	20 ng / $\mu\text{l}$ 以上	50 ng / $\mu\text{l}$ 以上
溶媒	TE Buffer 等	Tris-HCl (pH8.0)

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- ゲノムDNAの精製時に使用された手法、キット名をお知らせください。
- 可能であれば電気泳動写真をご用意ください。
- 凍結融解は極力避け、4℃のTE Bufferに溶解して下さい(長期保存の場合は -20℃)。
- HCV, HIVなど、感染性のあるサンプルはお受けできません。
- サンプル送付先については、お問い合わせください。



## ゲノムリシーケンシング

### シーケンシングの基本解析で、既知配列と比較して変異を確認

基本的に、ゲノムの塩基配列が判明している生物種を対象とします。既知のリファレンス配列に対してマッピングを行い、塩基の置換や逆位、in/del など、わずかな配列の差を明らかにすることを主な目的とします。

これにより、個体の差や病因の特定、微生物が持つ様々な特徴をリファレンスと対応させて明確にすることができます。

### サービス仕様

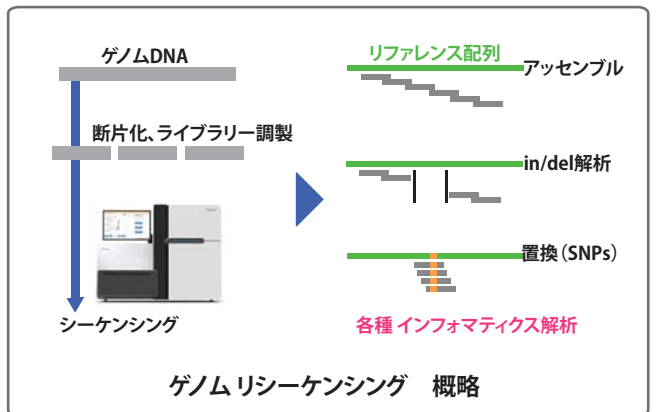
- サービス内容：サンプルQC、シーケンシング、インフォマティクス解析
- 対象サンプルのゲノムサイズによって、分析条件、データ量をご提案します。
- サンプル間での変異の確認やリファレンス配列との比較など、目的に合わせたインフォマティクス解析を実施いたします(オプション含む)。

### サンプルについて

項目名	Illumina HiSeq	PacBio
種類	ゲノムDNA (精製済み)	ゲノムDNA (精製済み)
必要量	1 $\mu\text{g}$ 以上	8 $\mu\text{g}$ 以上
濃度	20 ng / $\mu\text{l}$ 以上	50 ng / $\mu\text{l}$ 以上
溶媒	TE Buffer 等	Tris-HCl (pH8.0)

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- ゲノムDNAの精製時に使用された手法、キット名をお知らせください。
- 可能であれば電気泳動写真をご用意ください。
- 凍結融解は極力避け、4℃のTE Bufferに溶解して下さい(長期保存の場合は -20℃)。
- HCV, HIVなど、感染性のあるサンプルはお受けできません。
- サンプル送付先については、お問い合わせください。



お客様にて取得されたシーケンシングデータを用いて、ご要望のインフォマティクス解析のみをお受けすることも可能です。お気軽にご相談ください。



## ヒト/マウス エクソーム解析

## エクソン領域を特異的に読み取り、各種多型の探索が可能

ゲノムのエクソン領域に対するプローブを設計してエクソン特異的な解析を行います。SNPsやin/delなど、エクソンに内包された各種多型の探索から、インフォマティクス解析を駆使した統計解析まで、ご希望に合わせた解析をご提供いたします。

## 本サービスの特徴

- ヒト、マウスのエクソンのみを特異的に回収し、シーケンシングします。
- エクソンにコードされた変異を、平均 100 × coverage 以上で読み取ります。
- 非コード領域をシーケンシング対象外とすることで、リーズナブルな価格で解析可能です(イントロン・プロモーターは解析対象外です)。

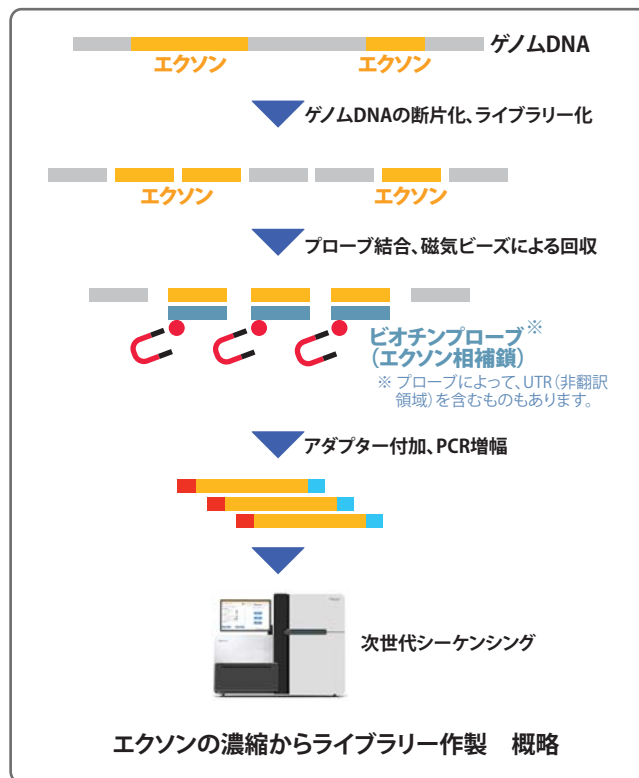
## 応用解析例

- アミノ酸残基レベルでの変異の有無を見る
- 病態差や、個体差を配列から特定する
- SNPsと疾患感受性の相関を確認する

## サービス仕様

- サンプル QC、エクソーム解析用 ライブラリー調製
- エンリッチメントキットによるエクソン濃縮(各種キット)
- シーケンシング解析(100bp, paired end)、生データ
- インフォマティクスデータ解析(SNPs, in/del など)
- サンプル間での共通の変異、異なる変異の抽出(オプション)

ヒト、マウス  
以外でも  
ご相談ください!



## サンプルについて

項目名	情報
種類	ゲノムDNA (精製済み)
必要量	1 µg 以上
濃度	50 ng / µl 以上
溶媒	TE Buffer 等

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- ゲノムDNAの精製時に使用された手法、キット名をお知らせください。
- 可能であれば電気泳動写真をご用意ください。
- 凍結融解は極力避け、4℃のTE Bufferに溶解して下さい(長期保存の場合は -20℃)。
- HCV, HIVなど、感染性のあるサンプルはお受けできません。
- サンプル送付先については、お問い合わせください。

## メタゲノム解析：16S rRNA をコードする DNA

## サンプル中のゲノムを網羅的に解析し、含まれる細菌などを特定

目的サンプル内に多様な細菌が含まれている時に、16S rRNA領域をコードしているDNAを増幅したPCR産物からライブラリー調製後、アンプリコンシーケンシングを行います。

膨大なリードデータから、16Sデータベースに対して検索および系統解析を行うことで、サンプル中の多様な細菌の特定や生存量、実施培養が困難であった細菌などのゲノム情報を得ることができます。また、カビなどのメタゲノムの解析も可能です。

## サービス仕様

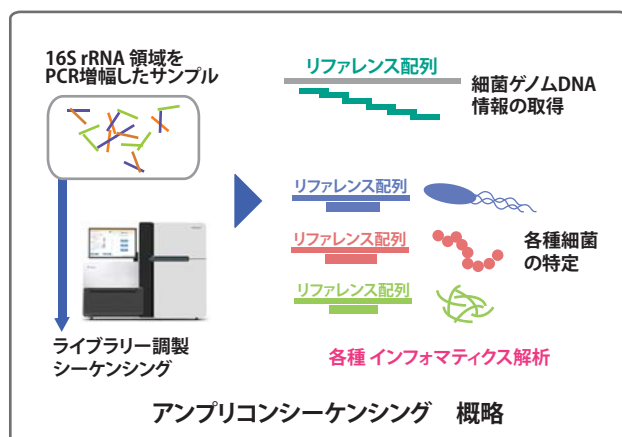
- サービス内容：サンプルQC、シーケンシング、インフォマティクス解析
- お目的に合わせて、プライマーの設計やインフォマティクス解析をご提案します。

## サンプルについて

項目名	情報	情報
種類	細菌ゲノムDNA (精製済み)	16sRNAをコードしているゲノムDNAを増幅したPCR産物
必要量	60 ng 以上	50 ng 以上
濃度	2 ng / µl 以上	10 ng / µl 以上
溶媒	TE Buffer 等	TE Buffer 等

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- PCR産物の精製時に使用された手法、キット名をお知らせください。
- 可能であれば電気泳動写真をご用意ください。
- 凍結融解は極力避け、4℃のTE Bufferに溶解して下さい(長期保存の場合は -20℃)。
- HCV, HIVなど、感染性のあるサンプルはお受けできません。
- サンプル送付先については、お問い合わせください。



# ゲノム一次構造解析 各種サービスのご案内

## ターゲットゲノムシーケンシング（癌パネル、疾患パネル、その他）

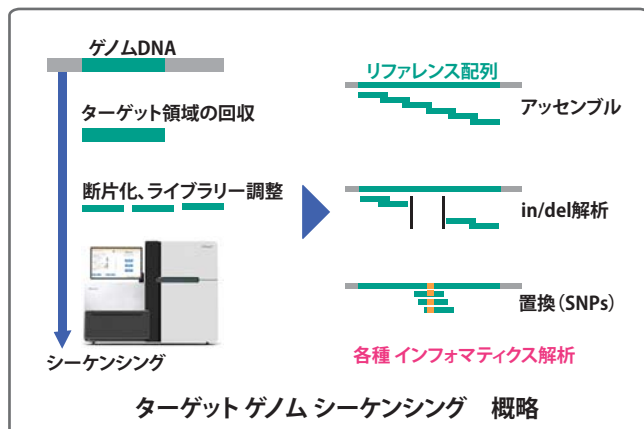
### 特定の領域に絞込むことで、多検体を低コストに解析可能

ILLUMINA社の癌パネル、疾患パネルなどを用いると、特定の癌遺伝子や、特定の疾患に関わる遺伝子のみを対象として、多検体の遺伝子変異を低コストで解析することができます。

また、PCRにより特定領域を増幅、あるいはSureSelectなどを用いて特定領域を回収するなどのカスタムが可能です。これを応用すると、ファージディスプレイによって回収されたライブラリーのシーケンスを取得することもできます。

### サービス仕様

- サービス内容：サンプルQC、シーケンシング、インフォマティクス解析
- 特定領域の長さやサンプル数によって、分析条件、データ量をご提案します。
- 特定流域の回収方法や、インフォマティクス解析の内容（SNPs, in/del解析）など、多様なご要望にお応えいたします。



### サンプルについて

項目名	情報
種類	ゲノムDNA（精製済み）
必要量	500 ng 以上
濃度	10 ng / $\mu$ l 以上
溶媒	TE Buffer 等

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- ゲノムDNAの精製時に使用された手法、キット名をお知らせください。
- 可能であれば電気泳動写真をご用意ください。
- 凍結融解は極力避け、4℃のTE Bufferに溶解して下さい（長期保存の場合は -20℃）。
- サンプル送付先については、お問い合わせください。
- サンプルがアンプリコンライブラリーの場合には、別途ご相談下さい。

## ChIP シーケンシング

### 転写調節因子などのDNA結合タンパク質とDNAとの相互作用を網羅的に確認

クロマチン免疫沈降（ChIP）と、次世代シーケンシングを組み合わせることで、転写調節因子やクロマチン結合タンパク質とDNAの結合部位の同定や、修飾ヒストンのゲノム上へのマッピング、DNAメチル化領域の推定など、DNAとタンパク質の相互作用を解明するツールとして利用できます。

### サンプルについて

項目名	情報
種類	クロマチン免疫沈にて回収したDNA産物
必要量	10 ng 以上
濃度	1 ng / $\mu$ l 以上（容量：10 $\mu$ l 以上）
溶媒	-

## メチル化解析（バイサルファイトシーケンシング）

### DNA上のメチル化を、ゲノムワイドに同定・定量

通常、遺伝子のプロモーター領域にはメチル化されたシトシンが存在し、遺伝子の発現調節に関与していると云われています。バイサルファイトシーケンシングは、バイサルファイト処理によってシトシンがウラシルに変換されるが、メチル化シトシンは変換されないことを利用し、処理前後のシトシン/ウラシル（チミン）の配列差異を見分けることでメチル化部位を精度良く同定、定量する手法です。

なお、メチル化解析は、バイサルファイトシーケンシング以外にも様々な手法があります。

### サンプルについて

項目名	情報
種類	ゲノムDNA（精製済み）
必要量	5 $\mu$ g 以上
濃度	50 ng / $\mu$ l 以上
溶媒	TE Buffer 等

## RAD (Restriction Site Associated DNA) 解析

### 細菌株の選別や動植物の品種改良に有用な遺伝子型の探索

RAD (Restriction Site Associated DNA) は制限酵素処理したDNAをシーケンシングし、制限酵素認識サイトの近隣領域を解析する手法です。遺伝子型を特徴付けるようなマーカーとなりうる変異を探索することができ、リファレンス配列が無い生物種でも可能です。

近年、農業や畜産の分野で注目され始めている手法で、動植物の品種改良や、細菌株の選別などに効果的な情報（表現型と遺伝子型の相関）を得ることができます。

### サンプルについて

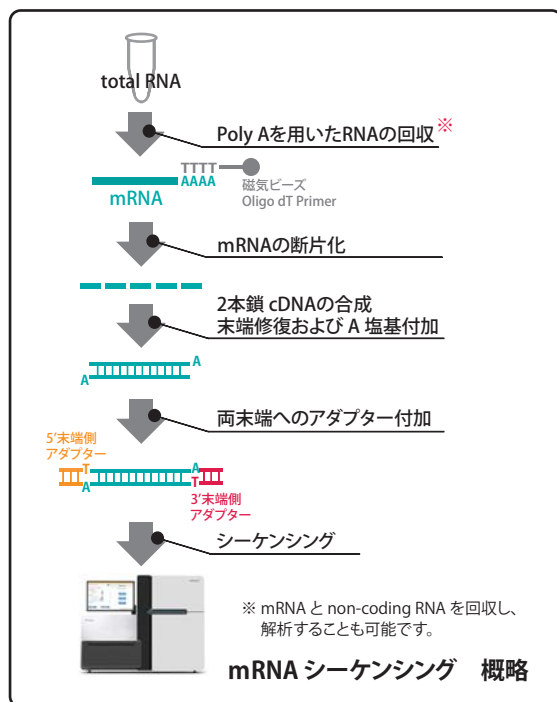
項目名	情報
種類	調製済みライブラリーまたは精製ゲノムDNA
必要量	ご相談ください。
濃度	ご相談ください。
溶媒	ご相談ください。



## mRNA シーケンシング

## SNPsや In/Del など遺伝子レベルでの変異確認、新規アイソフォームの探索など多岐に応用可能

mRNAシーケンシングは、転写産物をゲノムワイドに読み取ることが可能なサービスです。mRNAを断片化した後に、両端にアダプターを付けシーケンシングすることで、全mRNAの探索と、ある程度の定量的なプロファイリングが可能となります。完全長のmRNAを解析できるため、新規転写産物だけでなく、新規アイソフォームやスプライスバリエーションの探索、疾患特異的な遺伝子配列の変異を知ることを目的とする場合に、有効なサービスです。



Pick Up!!

mRNAを対象に色々できるなら・・・

遺伝子発現の変化を見たい  
スプライスバリエーションを探索したい  
癌特異的な融合遺伝子を探索したい

## サンプルについて

項目名	情報
種類	total RNA
必要量	1 $\mu\text{g}$ 以上
濃度	20 ng / $\mu\text{l}$ 以上
溶媒	TE Buffer 等 エタノール沈殿 (下記をご参照下さい)

- DNase, RNaseフリーのスクリーキャップ式の1.5mlエッペンチューブをご使用ください。
- total RNA は TE Buffer (またはRNAase free 水) に溶解し、ドライアイス梱包 (冷凍便) でご送付下さい。
- 3  $\mu\text{g}$  以上のtotal RNAをご調製頂ける場合にはエタノール沈殿後のサンプルのご送付も可能です。  
(例) 3  $\mu\text{g}$  以上のRNAを RNase free 水 100  $\mu\text{l}$  に溶解し、これに対して、次の液体を入れてください。
  - ・ 0.1 倍量の 3M 酢酸ナトリウム (10  $\mu\text{l}$ )
  - ・ 2.5 倍量の エタノール (250  $\mu\text{l}$ )

DNase処理を行うとより確実です!!

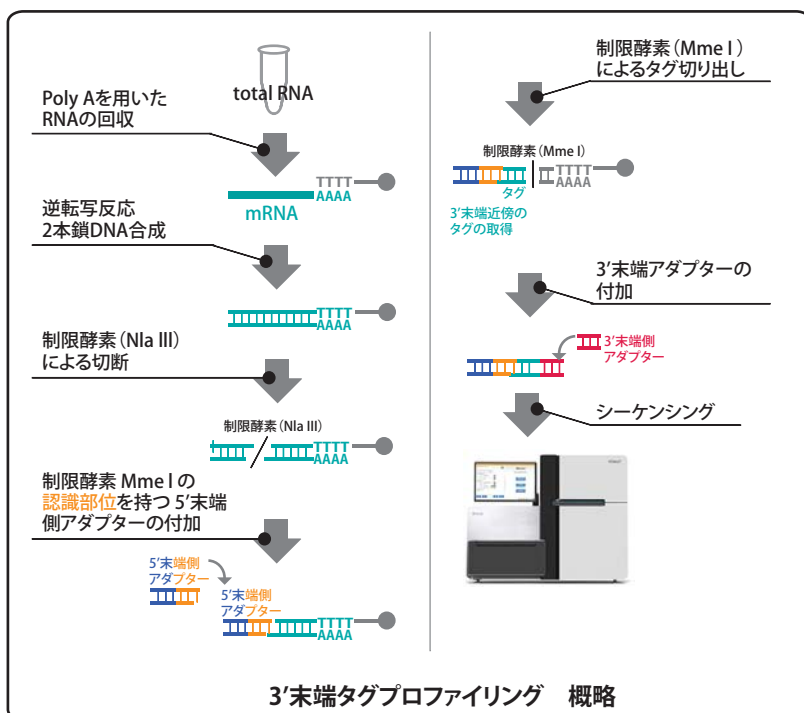


## 遺伝子発現解析 (3' 領域 タグプロファイリング)

## マイクロアレイに比べてダイナミックレンジが広く、ホルマリン固定したFFPEサンプルでも発現解析が可能

3' 領域 タグプロファイリングは、mRNAの3' 末端寄りの領域の一部断片を用いて、網羅的に解析します。従来のSAGE法を改変した方法であり、mRNA 1分子に対し末端1断片を読むことで、「各配列のリード数 = 分子数」という定量的な概念に置き換えた、発現プロファイリングに特化したサービスです。

マイクロアレイよりもダイナミックレンジが広く、アレイが用意されていない生物でもリファレンス配列の情報があれば対応できます。また、mRNAの分解が進んでいるためマイクロアレイができなかったFFPE (ホルマリン固定) サンプルでも発現プロファイリングが可能です。



Pick Up!!

マイクロアレイでは難しい・・・  
低発現遺伝子も見逃がしたくない  
FFPE組織から発現解析したい  
アレイがない生物種でも見たい

## サンプルについて

項目名	情報
種類	total RNA
必要量	2 $\mu\text{g}$ 以上
濃度	下記をご参照ください
溶媒	エタノール沈殿 (下記をご参照ください)

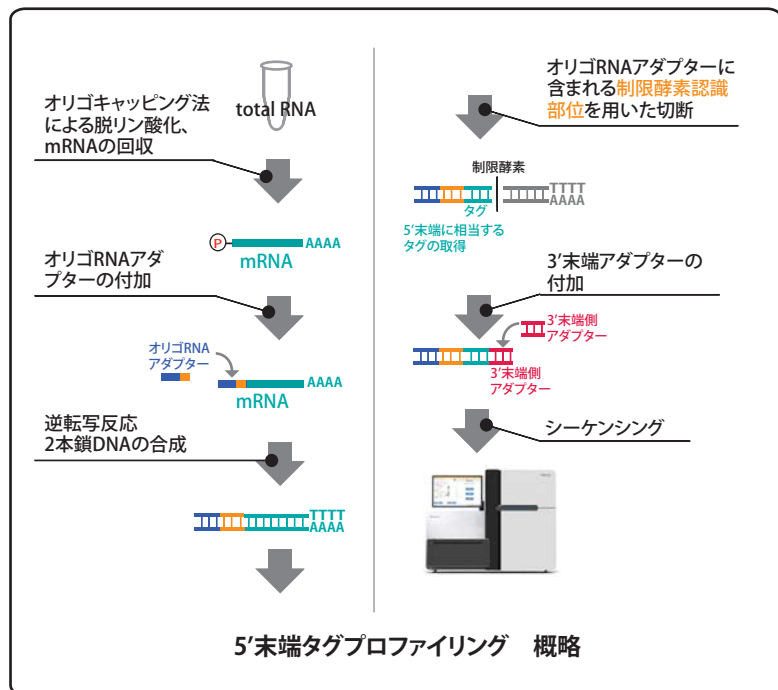
- DNase, RNaseフリーのスクリーキャップ式の1.5mlエッペンチューブをご使用ください。
- エタノール沈殿後のサンプルをご送付願います。  
(例) 2  $\mu\text{g}$  以上のRNAを RNase free 水 100  $\mu\text{l}$  に溶解し、これに対して、次の液体を入れてください。
  - ・ 0.1 倍量の 3M 酢酸ナトリウム (10  $\mu\text{l}$ )
  - ・ 2.5 倍量の エタノール (250  $\mu\text{l}$ )

## mRNA の転写開始点の確認 (5' 領域 タグプロファイリング)

### mRNA の 5' 末端配列を特異的に獲得することで、転写開始点を探索+プロファイリングが可能

5' 領域 タグプロファイリングは、mRNA の オリゴキャッピング法と遺伝子タグのシーケンシングに基づいて、mRNA の 5' 末端領域を網羅的かつ定量的に解析します。試料中の様々な mRNA の転写開始点が明らかにされ、その発現量も相対比で推測することができるサービスです。

例えば、細胞に対する特定の刺激や薬物処理などにより、どのような mRNA の転写開始点が変化したかを見たり、転写開始点ごとの発現量を確認することができます。プロモーター解析や ORF (Open Reading Frame) 予測データの裏づけなどにも有効です。



**Pick Up!!**

転写物の開始点を見られるなら・・・  
 刺激による開始点の変化を知りたい  
 開始点のズレと頻度の変化を見たい  
 ORFの予測データを裏付けたい

### サンプルについて

項目名	情報
種類	total RNA
必要量	30 µg 以上
濃度	下記をご参照ください
溶媒	エタノール沈殿 (下記をご参照ください)

- DNase, RNaseフリーのスクリーキャップ式の1.5mlエッペンチューブをご使用ください。
- エタノール沈殿後のサンプルをご送付願います。  
 (例) 30 µg以上のRNAを RNase free 水 100 µl に溶解し、これに対して、次の液体を入れてください。  
 ・ 0.1 倍量の 3M 酢酸ナトリウム (10 µl)  
 ・ 2.5 倍量の エタノール (250 µl)

## small RNA の同定・定量化、その他

### 未知のsmall RNAの同定や、mRNAのストランド特異的な解析が可能

18~30塩基程度の small RNA の両端にアダプターを付加し、シーケンシングを行うことで、small RNA の同定と発現量を解析するサービスです。

検出できるダイナミックレンジが広いので、miRNA などの small RNA の発現量を調べたい場合に有効です。

その他にも、RNA の状態で 5', 3' 末端に異なるアダプターをライゲーションすることを利用して、ストランド特異的なシーケンスを取得することも出来るので、未知の RNA を発見することも可能なサービスです。

**Pick Up!!**

small RNA だけでなく・・・  
 RNAをストランド特異的に調べたい  
 新規 RNA を探索したい  
 RNA ウィルスを特定したい

### サンプルについて

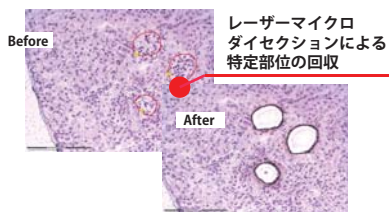
項目名	情報
種類	total RNA
必要量	3 µg 以上
濃度	-
溶媒	TE Buffer 等 エタノール沈殿 (右記をご参照下さい)

※ 目的やサンプルによっては、上記以上に必要な場合もあります。

- DNase, RNaseフリーのスクリーキャップ式の1.5mlエッペンチューブをご使用ください。
- total RNA は TE Buffer (またはRNAase free 水) に溶解し、ドライアイス梱包 (冷凍便) でお送付下さい。
- 3 µg以上のtotal RNAをご調製頂ける場合にはエタノール沈殿後のサンプルのご送付も可能です。  
 (例) 3 µg以上のRNAを RNase free 水 100 µl に溶解し、これに対して、次の液体を入れてください。  
 ・ 0.1 倍量の 3M 酢酸ナトリウム (10 µl)  
 ・ 2.5 倍量の エタノール (250 µl)

サンプル  
前処理から

### レーザーマイクロダイセクションによる標的部位の切り出し、DNA/RNAの抽出から可能です。



レーザーマイクロダイセクションによる特定部位の回収



DNA, RNAの抽出



次世代シーケンシング

レーザーマイクロダイセクションによって組織中の標的部分を切り出すことで、その部位に特異的なDNA/RNAを検出できます。病変特異的な変異の確認や、寄生虫の同定などの実績を持っています。

## 次世代シーケンシング フローチャート

## 各サービスの選定基準となるフローチャート

次世代シーケンシングは、サンプルの前処理、分析条件、インフォマティクス解析の多様化に伴い、様々な目的に適う技術が日々確立されております。各種分析手法を選定する際の、選定基準をフローチャートにまとめました。

## ゲノムDNA 一次構造解析

(掲載 P.)

ゲノム全体を網羅的に見たい	リファレンス なし	大規模な配列情報を取得したい	▶ ゲノム <i>de novo</i> シーケンシング (P. 3)
		品種間、株間の遺伝子型を構築したい	▶ GBS 解析 (P. 5)
	リファレンス あり	SNPs, in/del などの変異を探索したい	▶ ゲノム リシーケンシング (P. 3)
		機能解析がしたい	▶ CHIP シーケンシング (P. 5)
特定領域に限定して見たい	SNPs, in/del などの変異を探索したい	転写調節因子や DNA 結合タンパク質との相互作用	▶ メチル化 解析 (P. 5)
		遺伝子の発現調節 (メチル化)	▶ エクソーム解析 (P. 4)
	配列の差異から同定したい	エクソン領域を中心に見たい	▶ ターゲット シーケンシング (P. 5)
		特定の領域に限定して、多検体をプロファイリングしたい	▶ メタゲノム解析 (P. 4)
		含まれる生物種を同定したい	

## RNA の次世代シーケンシング

mRNA, non-coding RNA が対象	発現解析がしたい	多サンプルについて、低発現のものも含めて発現解析をしたい	▶ 3' 領域タグ プロファイリング (P. 6)
		転写開始点の変化や、プロモーターを解析したい	▶ 5' 領域タグ プロファイリング (P. 7)
	配列全体を見たい、変異を探索したい	新規アイソフォームやバリエーション、特異的な遺伝子変異などを見つけたい	▶ mRNA シーケンシング (P. 6)
ストランド 特異的に読んで欲しい		▶ small RNA の同定・定量、その他 (P. 7)	
small RNA が対象		未知の small RNA の探索や、定量的なプロファイリングがしたい	▶ small RNA の同定・定量、その他 (P. 7)

上記以外にも、多様なお目的に対してフレキシブルに対応いたします。「アプリケーションが決まらない、迷っている」など、お困りでしたら遠慮なくお問合せください。



株式会社 **アプロサイエンス**  
 ☎ 088-683-7211 ✉ info@aprosci.com  
<http://aproscience.com/>

【本社】  
 〒771-0360 徳島県鳴門市瀬戸町明神字板屋島124-4 TEL:088-683-7211 FAX:088-683-7212  
 【東京本部】  
 〒101-0051 東京都千代田区神田神保町2-34-7 TEL:03-6272-9301 FAX:03-6272-9302

販売店