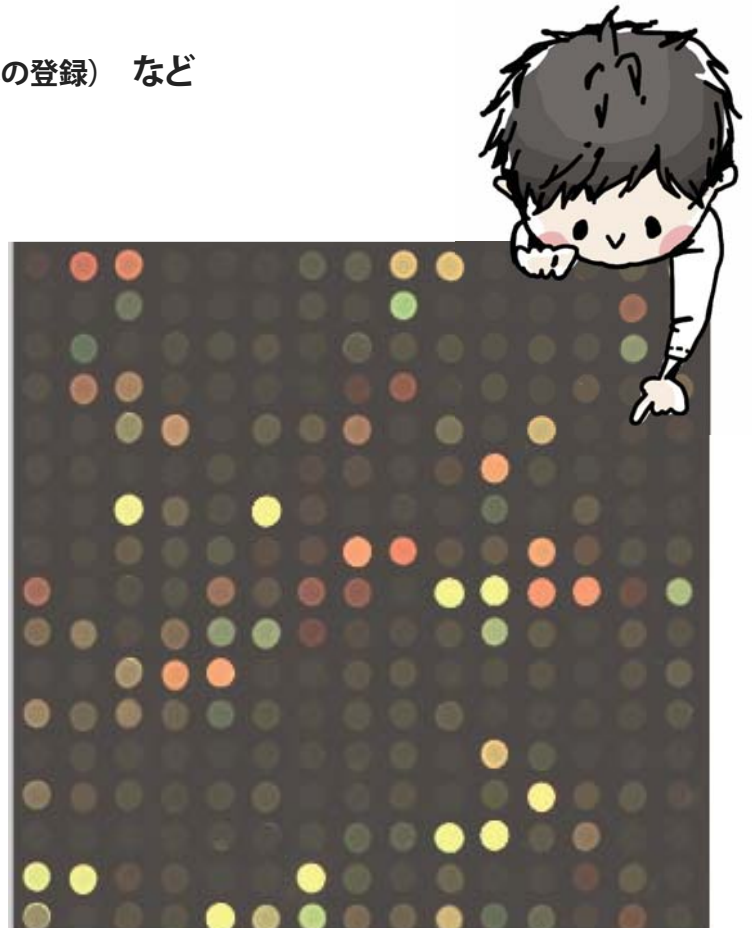


マイクロアレイ 解析



『使える』マイクロアレイデータをご提供します

- サンプル調製からデータマイニングまでトータルサポート
- 異なるプラットフォームの統合的なデータ解析も可能
- 追加解析に無償対応 (3回まで)
 - ・クラスタリング
 - ・GO解析
 - ・パスウェイ解析
 - ・論文作成のフォロー (NCBI GEOへの登録) など



計画立案から試料調製・データマイニング・各種解析までをトータルでサポートします。

マイクロアレイは、着目する遺伝子の絞込みを行うための1次スクリーニングの手段や遺伝子の発現変動を網羅的に解析する手段として用いられております。マイクロアレイで得られた膨大なデータを有効に利用されておりますでしょうか？
“使える”マイクロアレイデータをお届けする本サービスを紹介します。

マイクロアレイ解析の受託ワークフロー

1 ヒアリング



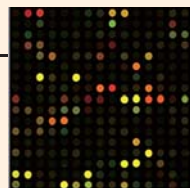
タイムコース実験におけるポイント決定や薬剤処理実験のdoseなど、豊富な経験からアドバイスいたします。

2 サンプルの前処理

サンプル調製時の注意点(最終頁)もご確認ください。

- ※ RNA抽出・精製からも対応いたします(別途料金)。
- ※ ご提供を受けたRNAのクオリティチェックを行います。

3 マイクロアレイ実験



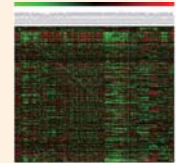
- ※ Affymetrix社、Agilent社
- ※ 各種プラットフォームに対応

mRNA、miRNA、array CGH 解析にも対応します

4 データマイニング

各種統計学的手段を用いて解析を行います。

- ※ データの前処理(正規化)
- ※ 発現変動遺伝子群の抽出・分類



5 〈お客様にて〉解析

納品データ(発現変動遺伝子リスト)を用いて、フリーのデータマイニングツール「DAVID」をご使用頂きます。

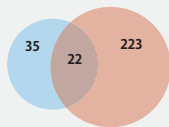
- 「DAVID」では、
- ・GO解析
 - ・パスウェイ解析
- の実施が可能です。



6 追加解析(3回まで無償で実施します)

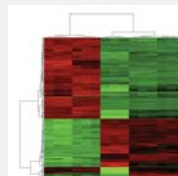
ベン図作成

「共通の変動遺伝子が何個ある」というのをチェックするために、ベン図を作成します。



ヒートマップ作成

ヒートマップにより、遺伝子発現データを視覚化します。



クラスターリング

発現変動遺伝子を増加または減少したパターンによって分類・抽出します。3サンプル以上のデータ解析において有効です。徐々に増加しているもの、特定のサンプルにのみ減少が見られるものといった遺伝子を抽出でき、発現変動のパターンが似ている遺伝子の探索が可能です。

GO解析

GO(Gene Ontology)の情報をもとに、遺伝子の機能による分類と抽出が可能です。発現変動遺伝子が、どの機能(GO)に多く含まれているのか確認できます。

パスウェイ解析

KEGG Pathway のデータベースを用いて、代謝経路またはシグナル伝達系のマップ上に発現変動遺伝子を表示できます。これにより、制御関係のある遺伝子どうしの発現変動を直感的に見ることができます。GO解析と同様に、発現変動遺伝子が、どのパスウェイに多く含まれているのか確認できます。

- ・ RT-PCR のコントロール遺伝子の候補を解析結果からピックアップします。
- ・ 論文作成のフォロー (NCBI GEO へのデータ登録やMaterials&Method記述) もおまかせ下さい。

膨大なデータから興味対象を抽出するデータ解析方法をご提案します。

実験の目的に合わせた解析を様々なbioinformatics的手法を用いて行います。

解析例

統合解析

豊富な種類のプラットフォームでの解析だけでなく、異なるプラットフォームから得られたデータを組み合わせる統合解析が可能です。

タンパク質発現解析と遺伝子発現解析(mRNA)との統合解析

iTRAQ試薬等を用いたプロテオーム解析から得られたタンパク質の網羅的な定量解析結果と、マイクロアレイ解析から得られる遺伝子発現解析(mRNA)を統合することができます。

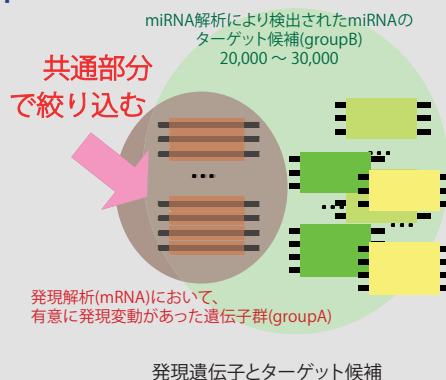
遺伝子発現に差があってもタンパク質発現には差がないもの、また、その逆に遺伝子発現に差がないのにタンパク質発現には差が見られるものなど、トランスクリプトーム解析とプロテオーム解析の結果を融合して研究を進めることができます。



Protein Name	Protein ID	Protein MW (kDa)	Protein pI	Protein Abundance	mRNA Name	mRNA ID	mRNA Length (nt)	mRNA Abundance
Actin	P00533	42	4.2	1000	ACT1	U12345	397	1000
Myosin II	P05185	200	2.2	500	MYO2	U12346	2345	500
...

miRNA 解析と遺伝子発現解析(mRNA)との統合解析

miRNA のターゲット候補は、Target Scan 等により知ることができますが、その候補は 1 miRNA あたり 514~1519 遺伝子に及びます。
miRNA アレイ解析によって有意に変動があった miRNA 群の全体のターゲット候補は、20,000 遺伝子に及ぶことがあります。同じサンプル由来の RNA の発現解析のデータと miRNA 解析のデータとを組み合わせ解析することで、miRNA のターゲット遺伝子同定をサポートします。



解析例

遺伝子ネットワーク解析 (こちらは有償解析となります。)

「どの遺伝子が発現を制御しているか(何が原因か)知りたい」という場合には、遺伝子ネットワーク解析がおすすめです。

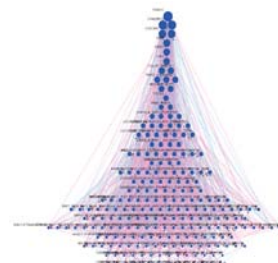
大量のマイクロアレイデータから遺伝子発現に相関のある遺伝子を算出して制御関係を統計的に推定します。推定される遺伝子の制御関係をネットワーク図(遺伝子ネットワーク)として視覚的に表現します。遺伝子ネットワークには、論文で未報告の制御関係も含まれるため、新発見をサポートします。また、既存の各種機能のネットワーク図に、取得した変動遺伝子をマッピングすることも可能です。

■ メリット

- 純粋にマイクロアレイデータのみから推定できるため、文献情報や配列情報などのアノテーション情報を必要としません。
- lincRNA など、機能が不明な遺伝子であっても、制御関係を推定できます。

■ デメリット

- 数十から数百個のマイクロアレイデータを必要とします。
(NCBIに公開されているマイクロアレイデータを利用して解析することも可能です。)



遺伝子ネットワークの表示例

解析料金 ¥70,000 ~

遺伝子発現解析（データマイニングのサポートまで含まれた価格です）

受託解析内容		価格 (税別) 1サンプルあたり	注文単位 (サンプル数)	アレイ シェアリング	必要なサンプル量	
					RNA量	volume
Affymetrix 社	GeneChip® Human Genome U133 Plus 2.0 Array	¥ 150,000	1		500ng	10uL
	GeneChip® Mouse Genome 430 2.0 Array	¥ 150,000	1			
	GeneChip® Rat Genome 230 2.0 Array	¥ 150,000	1			
	GeneChip® Human Gene 2.0 ST Array	¥ 120,000	1			
	GeneChip® Mouse Gene 2.0 ST Array	¥ 120,000	1			
	GeneChip® Rat Gene 2.0 ST Array	¥ 120,000	1			
	GeneChip® Human Transcriptome Array 2.0	¥ 130,000	1			
	Clariom D Assay, Human	¥ 130,000	1			
	Clariom D Assay, Mouse (Mouse Transcriptome Array 2.0)	¥ 130,000	1			
	Clariom D Assay, Rat (Rat Transcriptome Array 2.0)	¥ 130,000	1			
Agilent Technologies 社	Whole Human Genome Microarray 4x44K Ver2.0	¥ 120,000	4	対応可	300ng	
	Whole Mouse Genome Microarray 4x44K Ver2.0	¥ 120,000	4	対応可		
	Whole Rat Genome Microarray 4x44K Ver 3.0	¥ 120,000	4	対応可		
	SurePrint G3 Human GE Microarray 8x60K v3	¥ 120,000	8	対応可		
	SurePrint G3 Mouse GE Microarray 8x60K v2	¥ 120,000	8	対応可		
	SurePrint G3 Rat GE Microarray 8x60K (v1), v2	¥ 120,000	8	対応可		
未使用アレイご負担分 (1サンプルあたり) ※①		¥ 30,000				

miRNA解析（データマイニングのサポートまで含まれた価格です）

	生物種	価格 (税別) 1サンプルあたり	注文単位 (サンプル数)	対応データベース	必要なサンプル量	
					RNA量	volume
Affymetrix 社	Human, Mouse, Rat, ... 他203 種	¥ 120,000	1	Sanger miRBase20 に基づく 完全なコンテンツ	1ug	10uL
Agilent Technology 社	Human, Mouse, Rat	¥ 120,000	8	Sanger miRBase21 に基づく 完全なコンテンツ	500ng	10uL

RNA抽出・精製（オプションサービス）※②

12サンプルごとの基本料金 ¥ 5,000 + サンプル数 × ¥ 3,500	例: 12サンプルの場合 → ¥ 5,000 + ¥ 3,500 × 12 = ¥ 47,000 16サンプルの場合 → ¥ 5,000 × 2 + ¥ 3,500 × 16 = ¥ 66,000
---	---

※① サンプル数が4もしくは8の倍数でない場合、他のお客様とのアレイシェアリングをして頂くか、未使用アレイについてご負担を頂く事になります。
 ※② 基本的にはTRIzol等の溶液内でホモジナイズした検体をお預かりいたします。費用にはBioRadのExperionによる確認を含みます。

マイクロアレイ サンプル調製時の注意点

- サンプルの調製には、Invitrogen™TRIzol™ と RNeasy®Mini Kit (QIAGEN®) などカラム精製式のキットを組み合わせ使用されることを推奨します。これにより、ゲノムDNAのコンタミを最小限にすることが可能です。
- A260/A280の値は、1.8~2.1が推奨ですが、弊社でラベリング前に、再度確認をします。
- サンプル調製時に逆転写反応の阻害剤（硫酸化多糖類、EDTA、DEPCなど）が残存していると、マイクロアレイ解析を行えない場合があります。
- RNAサンプルは、RNase-free水に溶解してください。DEPC水は使用しないで下さい。rRNAの除去は必要ありません。
- 培養細胞および動物組織からのRNA抽出からご依頼いただく場合は
 - ◀接着細胞>
 - インキュベーターから出した後、迅速に培地を除き、そこに、Invitrogen™TRIzol™ を添加し、細胞を回収します。チューブに移した後、凍結保存が可能です。
 - ◀浮遊細胞>
 - 遠心して細胞を沈殿させた後、培地を除き、そこにInvitrogen™TRIzol™ を添加します。細胞の状態によっては、Invitrogen™TRIzol™ LSを直接、添加することも可能です。事前にお問い合わせください。
 - ◀動物組織>
 - Invitrogen™TRIzol™ 中でホモジナイズしたものをお送りいただくことを推奨します。難しい場合には、動物組織分離後、液体窒素等で急速冷凍し、ドライアイスで保冷して冷凍便でお送りください。*ウイルス等の汚染の可能性のあるサンプルにつきましては、事前にご相談ください。



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

販売店