



テロメア長測定受託サービス

独自の測定法である G-tail telomere HPA 法を用いてテロメア長を測定する受託サービスです。

特長

- ゲノム DNA のテロメア配列に相補的な配列のプロープを使用し、化学発光によりテロメア長を測定します。
- 微量の DNA でも測定可能です。
- 小スケールで一度に多くの試料を測定でき、低価格でハイスループットな測定法です。
- 定量性が高く、安定した測定結果を得ることができます。

ご注文方法/価格

詳細は当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
[メーカー：MRT]

中外テクノス

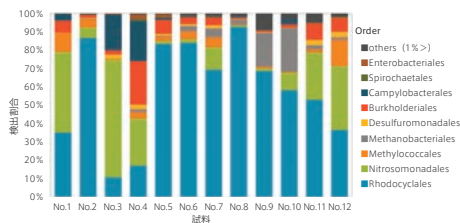


次世代シーケンスによる微生物群集構造解析サービス

試料(糞便、口腔、皮膚、環境試料)をご送付いただき、中外テクノス(株)で前処理を実施し、解析後、菌叢分類リストや菌叢グラフ、解読した全配列を報告します。

- ※DNA/RNA 抽出が困難な場合は別途費用を頂戴する場合があります。
- ※ヒト試料の場合は匿名化など、個人情報の保護をお願いします。

微生物群集解析例



User's Voice

- NGS データの再解析のために利用しました。
- 希望に沿った結果が得られたので、また利用したいと思います。

(大学ユーザー様)



ご注文方法/価格

詳細は当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
[メーカー：CGT]

エクソソーム由来 RNA の解析実績が豊富です

miRNA-Seq 解析サービス (ヒト/マウス)

遺伝子発現に大きく影響を与えることが知られている miRNA を網羅的に解析します。特にエクソソーム中の miRNA の解析実績が豊富です。

測定試料

- 血清・血漿由来 total RNA
- 細胞・組織由来 total RNA
- 血中エクソソーム RNA

解析の流れ

1. 試料のクオリティチェック (QC) を行います。
2. QIAseq miRNA Library Kit (QIAGEN 社) を使用して miRNA シークエン斯拉イブラリーを調製します。
3. illumina 社次世代シーケンサーで解析します。
4. シークエンス後のデータは、分子バーコード (UMI) により PCR バイアスを除去した後、発現量を定量化 (正規化) し、アノテーション情報を含む Excel 形式のファイルを作成します。デフォルトでは、TMM で定量化します。ご要望に応じて、発現変動遺伝子抽出、ターゲット遺伝子予測などの解析を実施します。

納品物例

- original_fastq (FASTQ 生データ)
 - 試料 QC 結果 (品質検査結果)
 - データ QC 結果 (FastQC, MultiQC)
 - データ解析結果
正規化, 変動 miRNA 抽出
 - データ解析結果 (オプション)
ターゲット遺伝子予測, GO 解析, Pathway 解析
- ※USB メモリなどの記憶媒体、またはクラウド経由で納品します。

ご注文方法/価格

詳細は当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
[メーカー：DNA]