

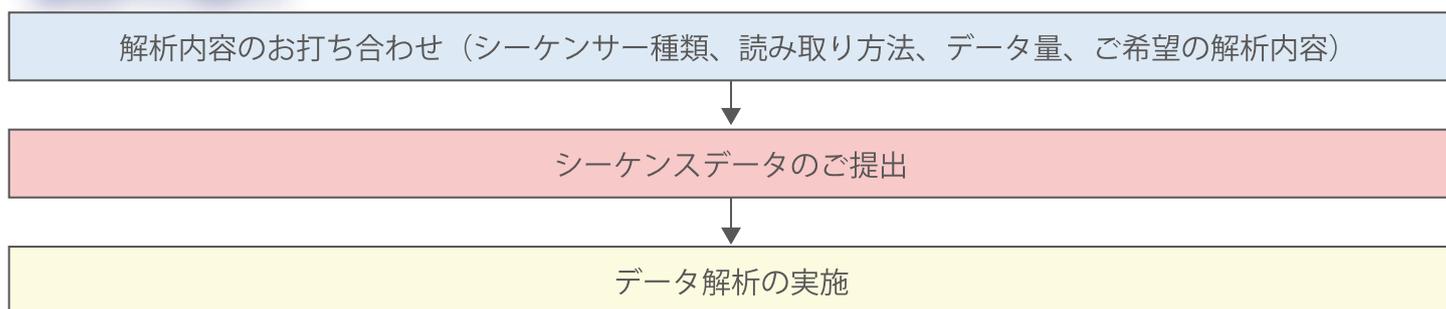
# NGS データ解析サービス

## 解析概要

弊社、あるいは、他施設で取得されたデータをお預かりして、弊社の標準パイプラインを利用した解析のほか、**個別のニーズに対応したカスタム解析**も承っております。

お手持ちの NGS 機器、お近くの機器施設、他受託業者にて取得したデータの受け入れも可能ですので、データ解析でお困りの際はお気軽にお問い合わせください。

## 解析の流れ



## 標準パイプライン解析メニュー

- ゲノムリシーケンス解析
- 遺伝子発現解析
- Small RNA-Seq 解析
- ChIP-Seq 解析
- アンプリコンシーケンス解析
- 微生物ゲノム配列決定
- *De novo* トランスクリプトーム解析
- 微生物群集解析
- CRISPR スクリーニング解析

## カスタム解析受託事例

- コンタミが疑われるサンプル由来のデータから注目する生物に由来するリード情報のみを抽出し、アセンブルを実施
- RNA-Seq で得たトランスクリプト配列の中から、注目する遺伝子・タンパクの配列を検索
- 近縁な 2 種類のバクテリアゲノム配列を比較して片方に特徴的な領域を検索、プライマーを設計
- タンパクの N 末端配列解析で得られた断片的なアミノ酸配列より、対応するトランスクリプト配列を RNA-Seq 解析データの中から抽出
- お手持ちの解析ソフトやパイプラインにインプット可能な形式になるようデータの編集・変換
- 過去に解析済みのデータについて、最新のデータベース情報を利用した再解析
- 過去数回に分けて取得したデータを利用して、検体の組み合わせを変えて再解析
- 参考になっている論文で使用している解析プログラムを利用した、お手持ちのデータの解析
- NGS データを利用した論文化にあたり、参考文献にあるような Fig を作成
- DRA、DDBJ、GEO へのデータ登録作業の代行

上記はあくまでも一例です。お困りごとがありましたら、まずはお気軽にお問い合わせください。